

Comme mainte adaptation biologique, celle du coucou n'est pas simple mais multiple. Plusieurs particularités des coucous les adaptent à leur mode de vie parasitaire. Par exemple, la mère a l'habitude de pondre dans les nids des autres oiseaux, et le bébé-coucou a l'habitude de jeter les petits de son hôte par-dessus le bord du nid. Ces deux habitudes aident le coucou à réussir dans son existence de parasite. Raven poursuit :

On verra que chacune de ces séquences de conditions est essentielle au succès de l'ensemble. Et pourtant chacune prise isolément est inutile. La totalité de l'*opus perfectum* doit avoir été accomplie simultanément. Les probabilités contre l'apparition aléatoire de pareille série de coïncidences sont, comme nous l'avons déjà dit, astronomiques.

Des arguments comme celui-ci sont en principe plus respectables que l'argument basé sur l'incrédulité pure et simple. Mesurer l'improbabilité statistique d'une hypothèse est la méthode correcte pour évaluer sa plausibilité. Et, de fait, c'est une méthode que nous utiliserons plusieurs fois dans cet ouvrage. Mais il faut le faire correctement ! Il y a deux erreurs dans l'argumentation de Raven. Il y a d'abord la confusion familière et, je dois le dire, assez irritante, entre la sélection naturelle et le hasard. La mutation est aléatoire ; la sélection naturelle est tout le contraire du hasard. Deuxièmement, il est tout simplement faux que « chacune prise isolément » soit « inutile ». Il n'est pas vrai que le travail achevé tout entier ait été obligatoirement accompli simultanément. Il n'est pas vrai que chaque partie soit indispensable au succès de l'ensemble. Un œil, une oreille, un dispositif d'écholocation, un système parasitaire, etc., simples, rudimentaires, imparfaits sont mieux que rien du tout. Sans œil vous êtes complètement aveugle. Avec un demi-œil vous avez des chances de pouvoir au moins repérer la direction générale du mouvement d'un prédateur, même si vous ne pouvez obtenir une image nette. Et ceci peut faire toute la différence entre la vie et la mort. Ces sujets seront repris et développés dans les deux chapitres suivants.

### L'ACCUMULATION DES PETITS CHANGEMENTS

Nous avons vu que les objets vivants sont trop improbables et d'une « conception » trop belle pour avoir pu accéder à l'existence par hasard. Comment donc ont-ils accédé à l'existence ? La réponse, celle de Darwin, sera : par des transformations progressives et par étapes à partir de débuts modestes, d'entités primordiales suffisamment simples pour avoir accédé à l'existence par hasard. Chaque changement successif dans le processus d'évolution progressif était assez simple – relativement, bien sûr, à son prédécesseur – pour s'être produit par hasard. Mais toute cette séquence d'étapes cumulatives n'a rien à voir avec un processus aléatoire pour peu qu'on considère la complexité du produit final par rapport au point de départ originel. Le processus cumulatif est gouverné par la survie non aléatoire. Le but de ce chapitre est de démontrer la puissance de cette *sélection cumulative* en tant que processus fondamentalement non aléatoire.

Si vous vous promenez sur une plage de galets, vous remarquerez que les galets ne sont pas disposés au hasard. En général, les petits galets ont tendance à se rassembler dans des zones bien délimitées qui s'étirent tout au long de la plage, et les gros dans des zones ou bandes différentes. Les galets ont été triés, disposés, sélectionnés. Une tribu vivant près du rivage pourrait s'émerveiller de cette sélection, de cette disposition ainsi manifestées dans le monde, et pourrait éventuellement élaborer un mythe pour en rendre compte, en l'attribuant peut-être à un Grand Esprit céleste doué d'un intellect ordonné et d'un sens du rangement. Nous pourrions traiter cette notion superstitieuse avec un sourire condescendant, et expliquer que cette disposition résultait en réalité des forces aveugles de la physique, l'action des vagues en l'occurrence. Les vagues

n'ont pas de but, pas d'intentions, pas d'esprit ordonné, et pas d'esprit du tout. Elles se contentent de brasser énergiquement les galets, et les galets gros et petits réagissent différemment à ce traitement et finissent par se retrouver à des niveaux différents de la plage. Une petite quantité d'ordre est sortie du désordre, et ce sans l'intervention d'aucun esprit.

La combinaison des vagues et des galets est un exemple simple de système qui engendre automatiquement du non-aléatoire. Le monde est plein de systèmes semblables. L'exemple le plus simple qui puisse me venir à l'esprit est celui du trou. Seuls des objets plus petits que le trou peuvent passer au travers. Cela veut dire que lorsque vous présentez un ensemble d'objets ramassés au hasard au-dessus du trou, et qu'une force quelconque les agite et les bouscule au hasard, les objets au-dessus et au-dessous du trou finiront au bout d'un certain temps par être triés d'une manière non aléatoire. L'espace en dessous du trou aura tendance à contenir des objets plus petits que le trou, et l'espace au-dessus du trou aura tendance à contenir des objets plus grands que le trou. L'humanité a bien sûr exploité ce principe élémentaire de génération non aléatoire dans le dispositif bien pratique qu'est le tamis.

Le système solaire est un arrangement stable de planètes, de comètes et de débris en orbite autour du Soleil, et on peut présumer qu'il est l'un des nombreux systèmes orbitaux semblables qui existent dans l'univers. Plus une planète est proche de son soleil, plus il lui faut tourner vite si elle doit repousser l'attraction gravitationnelle de l'étoile et rester sur une orbite stable. Pour une orbite donnée, il n'existe qu'une seule vitesse à laquelle une planète peut tourner en restant sur cette orbite. Si elle circulait à une autre vitesse, quelle qu'elle soit, ou bien elle s'échapperait dans les profondeurs de l'espace, ou bien elle s'écraserait sur le Soleil à moins qu'elle ne passe sur une autre orbite. Or si nous regardons les planètes de notre système solaire, que voyons-nous? Toutes sans exception se déplacent aux vitesses exactes qui les maintiennent chacune sur une orbite stable autour du Soleil. Un miracle de la providence ordonnatrice? Non, rien qu'un autre « tamis » naturel. Manifestement toutes les planètes que nous voyons tourner autour du Soleil sont obligées de se déplacer à la vitesse adéquate qui les maintient sur leurs orbites, sinon nous ne les verrions pas là où elles sont car elles n'y seraient pas! Mais il est tout aussi manifeste que cela ne témoigne pas d'une conception consciente. C'est encore un genre de tamis, rien de plus.

Un tamisage d'une simplicité pareille n'est pas, à lui seul, suffisant pour rendre compte des quantités massives d'ordre non aléatoire

que nous observons dans les objets vivants. Il s'en faut de beaucoup. Rappelez-vous l'analogie de la serrure à secret. Le type d'ordre non aléatoire qu'on peut créer par tamisage simple équivaut à peu près à ouvrir une serrure à secret pourvue d'un seul cadran : il est facile de l'ouvrir à l'aveuglette. Le type d'ordre non aléatoire que nous observons dans les objets vivants, en revanche, équivaut à une gigantesque serrure à secret avec un nombre quasi infini de cadrans. Engendrer une molécule biologique comme l'hémoglobine, le pigment rouge du sang, par simple tamisage, équivaldrait à prendre tous les acides aminés qui composent l'hémoglobine, et les mélanger au hasard, en espérant que la molécule d'hémoglobine se reconstitue par pure chance. La quantité de chance que requerrait pareil exploit est inconcevable, et a été érigée en curiosité mathématique par Isaac Asimov et d'autres auteurs.

Une molécule d'hémoglobine consiste en quatre chaînes d'acides aminés entremêlées. Considérons rien qu'une seule de ces quatre chaînes. Elle est composée de 146 acides aminés. On trouve communément 20 sortes différentes d'acides aminés dans les objets vivants. Le nombre de manières possibles de disposer 20 sortes d'objets en des chaînes de 146 maillons est un nombre qui défie l'imagination, et qu'Asimov appelle le « chiffre de l'hémoglobine ». La réponse est facile à calculer, mais il est impossible de se la représenter. Le premier maillon des 146 de la chaîne pourrait être un quelconque des 20 acides aminés possibles. Le deuxième maillon pourrait aussi être l'un des 20, donc le nombre de chaînes à deux maillons possibles est de  $20 \times 20$  soit 400. Le nombre de chaînes à trois maillons possibles est de  $20 \times 20 \times 20$ , soit 8 000. Le nombre des chaînes à 146 maillons possibles est de 20 multiplié par lui-même 146 fois. C'est un nombre effarant. Un million s'écrit 1 suivi de 6 zéros ( $10^6$ ). Un milliard (1 000 millions) s'écrit 1 suivi de 9 zéros ( $10^9$ ). Le nombre que nous cherchons, le « chiffre de l'hémoglobine » est (approximativement) 1 suivi de 190 zéros ( $10^{190}$ )! C'est l'improbabilité qu'il y a à tomber par hasard sur l'hémoglobine. Et une molécule d'hémoglobine n'est qu'une infime fraction de la complexité d'un corps vivant. Le simple tamisage, à lui tout seul, est manifestement totalement incapable d'engendrer cette quantité d'ordre dans un objet vivant. Le tamisage est un ingrédient essentiel dans la génération de l'ordre vivant, mais il est bien loin de pouvoir tout faire. Il faut autre chose. Pour expliquer cela, il me faudra faire une distinction entre la sélection « en une seule étape » et la sélection « cumulative ». Les tamis simples que nous avons considérés jusqu'ici dans ce chapitre sont tous des exemples de sélection en une seule étape. L'organisation vivante est le produit de la sélection cumulative.

La différence essentielle entre la sélection en une seule étape et la sélection cumulative est celle-ci : dans la sélection en une seule étape les entités choisies ou triées, qu'elles soient des galets ou autre chose, sont triées une fois pour toutes; dans la sélection cumulative, en revanche, elles « se reproduisent »; par un autre moyen quelconque les résultats d'un processus de tamisage sont répercutés sur le tamisage suivant, qui est répercuté sur..., et ainsi de suite. Les entités sont soumises à la sélection par triage tout au long de nombreuses « générations » successives. Il est naturel d'emprunter des termes comme « se reproduire » et « génération », qui sont associés aux objets vivants, car les objets vivants sont les principaux exemples que nous connaissons d'objets qui participent à la sélection cumulative. Il se peut en pratique qu'ils soient les seuls à le faire. Mais pour l'instant je ne veux pas en faire une pétition de principe en l'affirmant ouvertement.

Il arrive parfois que les nuages, à force d'avoir été pétris et sculptés par l'action aléatoire des vents, se mettent à ressembler à des objets familiers. Une photographie souvent reproduite, prise par le pilote d'un petit avion, montre ce qui ressemble un peu au visage de Jésus dont le regard vague traverse le ciel. Nous avons tous vu des nuages qui nous rappelaient quelque chose – un hippocampe, par exemple, ou un visage souriant. Ces ressemblances se produisent par sélection en une seule étape, c'est-à-dire par simple coïncidence. Par conséquent, elles ne sont pas très frappantes. La ressemblance entre les constellations du zodiaque et les animaux qui leur donnent leur nom, le scorpion, le lion, etc., est aussi peu convaincante que les prédictions des astrologues. Cette ressemblance ne nous impressionne pas, au contraire des adaptations biologiques, qui sont les produits de la sélection cumulative. Nous qualifions d'étrange, de mystérieuse ou de spectaculaire la ressemblance entre, disons, un phasme et un brin d'herbe, ou entre une mante religieuse tropicale et un groupe de fleurs roses. La ressemblance entre un nuage et une belette n'est que moyennement amusante et ne vaut presque pas la peine d'être signalée à notre interlocuteur. En outre, nous avons toutes les chances de changer d'avis sur la nature exacte de ce à quoi le nuage ressemble le plus.

*Hamlet* : Voyez-vous ce nuage là-bas qui a presque la forme d'un chameau?

*Polonius* : Il en a la masse, et c'est un chameau, ma foi.

*Hamlet* : M'est avis qu'il ressemble à une belette.

*Polonius* : Il a le dos comme une belette.

*Hamlet* : Ou comme une baleine?

*Polonius* : Tout à fait comme une baleine.

J'ignore qui a le premier fait remarquer que, si on lui donnait assez de temps, un singe qui taperait au hasard sur une machine à écrire pourrait produire toutes les œuvres de Shakespeare. La clause opératoire est évidemment « si on lui donnait assez de temps ». Limitons quelque peu la tâche qui attend notre singe. Supposons qu'il lui faille produire non pas les œuvres complètes de Shakespeare, mais seulement la courte phrase « M'est avis qu'il ressemble à une belette » – METHINKS IT IS LIKE A WEASEL dans l'original – et nous allons lui rendre la tâche relativement facile en lui donnant une machine à écrire dont le clavier serait limité à 26 touches (les majuscules) plus la barre d'espacement. Combien de temps lui faudra-t-il pour écrire cette simple petite phrase?

La phrase comporte 28 caractères. Supposons donc que le singe fasse une série d'« essais » discrets, dont chacun consiste en 28 frappes sur le clavier. S'il dactylographie la phrase correctement, l'expérience est terminée. Sinon, nous lui accordons un nouvel « essai » de 28 caractères. Je n'ai pas de singes dans mes relations, mais j'ai la chance d'avoir un dispositif aléatoire expérimenté en la personne de ma petite fille de 11 mois, et elle n'était que trop heureuse de remplacer au poing levé le singe dactylographe. Voici ce qu'elle a tapé sur le clavier de l'ordinateur :

```
UMMK JK CDZZ F ZD DSDSKSM
S SS FMCY PUIDDRGLKDXRRDO
RDTE QDWFVDVIOY UDSKZWDCCVYT
H CHVY NMGNBAYTDFCCVD D
RCDFYYRM N DFSKD LD K WDWK
JKAUIZMZI UXDKIDISFUMDKUDXI
```

Elle avait d'autres obligations tout aussi importantes, et j'ai donc été obligé de programmer l'ordinateur pour simuler un bébé ou un singe qui tape au hasard :

```
WDLDMNLT DTJBKWIRZREZLMQCCO P
Y YVMQKZPGJXVHGLAWFVCHQYOPY
MWR SWTNUXMLCDLEUBXTQHNZVJQF
FU OAVODVYKDGXDEKYVMOGGS VT
HZQZDSFZIHIVPHZPETPWVOVPMZGF
GEWRGZRPBCTPGQMCKHFDBGW ZCCF
```

Et ainsi de suite. Il n'est pas difficile de calculer combien de temps il faudrait raisonnablement attendre avant que l'ordinateur (ou le singe ou le bébé) fonctionnant au hasard produise METHINKS IT IS LIKE A WEASEL. Considérons le total de phrases possibles de la bonne longueur que pourrait effectivement taper au hasard le singe, le bébé ou l'ordinateur. C'est un calcul similaire à celui que nous avons fait pour l'hémoglobine et qui donne un résultat tout aussi démesuré. Il y a 27 lettres possibles (en comptant l'espace comme une lettre) en première position. La probabilité que le singe aurait de tomber sur la bonne lettre – M – est donc de 1 sur 27. La probabilité qu'il aurait de tomber sur les deux premières lettres – ME – est la probabilité qu'il aurait de tomber sur la deuxième lettre – E – (1 sur 27) soumise à la condition d'avoir déjà trouvé la première lettre – M –, ce qui fait  $1/27$  par  $1/27 = 1/729$ . La probabilité de produire le premier mot – METHINKS – est de  $1/27$  pour chacune de ses 8 lettres, donc  $1/27$  par  $1/27$  par  $1/27$ , etc., 8 fois, soit  $1/27$  porté à la puissance 8. La probabilité de produire correctement la phrase tout entière avec ses 28 caractères est donc de  $1/27$  à la puissance 28, c'est-à-dire  $1/27$  multiplié 28 fois par lui-même. C'est une probabilité très faible, d'environ 1 sur 10 000 millions de millions de millions de millions de millions ( $10^{40}$ ). Le moins qu'on puisse dire est que la phrase recherchée se ferait attendre longtemps, sans parler des œuvres complètes de Shakespeare.

Et voilà pour la sélection en une seule étape de la variation aléatoire. Et la sélection cumulative alors? Serait-elle beaucoup plus efficace? Beaucoup, beaucoup plus efficace, plus peut-être que nous ne pouvons le voir de prime abord, bien que ce soit presque évident lorsqu'on y réfléchit un peu. Nous nous servons encore de notre singe informatisé, mais avec une différence cruciale dans son programme. Il commence une fois de plus par choisir une suite aléatoire de 28 lettres, tout comme précédemment :

WDLMNLT DTJBKWIRZREZLMQCO P

Il va maintenant faire « se reproduire » cette phrase aléatoire. Il la reproduit à de nombreuses reprises, mais avec un certain degré d'erreur aléatoire – de « mutation » – dans la copie. L'ordinateur examine les phrases mutantes dépourvues de sens, la « descendance » de la phrase originelle, et choisit celle qui, même de très loin, ressemble le plus à la phrase-cible METHINKS IT IS LIKE A WEASEL. En l'occurrence la phrase gagnante de la « génération » suivante se trouvait être :

WDLTMNLT DTJBSWIRZREZLMQCO P

Le progrès n'est pas évident! Mais la procédure est répétée, une nouvelle « descendance » mutante est donnée par « reproduction » de la phrase, et une nouvelle « gagnante » est choisie. Ceci se poursuit de génération en génération. Après 10 générations, la phrase sélectionnée pour la « reproduction » était :

MDLDMNLT ITJISWHRZREZ MECS P

Après 20 générations, c'était :

MELDINLS IT ISWPRKE Z WECSEL

L'œil de la foi s'imagine déjà qu'il peut déceler une ressemblance avec la phrase-cible. A la génération 30 le doute n'est plus permis :

METHINGS IT ISWLIKE B WECSEL

La génération 40 nous amène à une lettre de la cible :

METHINKS IT IS LIKE I WEASEL

Et le but a été finalement atteint à la génération 43. Un nouvel essai de l'ordinateur commençait avec la phrase :

Y YVMQKZPFJXWVHGLAWFVCHQXYOPY,

passait par les états suivants (relevés encore une fois de 10 en 10 générations) :

Y YVMQKSPFTXWSHLIKEFV HQYSPY  
YETHINKSPITXISHLIKEFA WQYSEY  
METHINKS IT ISSLIKE A WEFSEY  
METHINKS IT ISBLIKE A WEASES  
METHINKS IT ISJLIKE A WEASEO  
METHINKS IT IS LIKE A WEASEP

et atteignait la phrase-cible à la génération 64. Lors d'un troisième essai l'ordinateur commençait par

GEWRGZRPBCTPGQMCKHFDBGW ZCCF

et atteignait METHINKS IT IS LIKE A WEASEL en 41 générations d'« élevage » sélectif.

Le temps exact mis par l'ordinateur pour atteindre le but n'a pas d'importance. Si vous voulez le savoir, la première fois, la machine avait terminé l'exercice le temps que j'aie déjeuné et que je revienne. Ce qui faisait environ une demi-heure. (Les informaticiens chevronnés trouveront peut-être que c'est excessivement lent. La raison en est que le programme avait été écrit en BASIC, un genre de langage enfantin pour ordinateurs. Lorsque je l'ai réécrit en Pascal, il a fallu 11 secondes.) Les ordinateurs sont un peu plus rapides que les singes dans ce genre d'exercice, mais la différence n'est vraiment pas significative. Ce qui importe est la différence entre le temps mis par la sélection cumulative, et le temps que le même ordinateur, travaillant sans répit à la même cadence, mettrait pour atteindre la phrase-cible s'il était forcé d'utiliser l'autre procédure – la sélection en une seule étape : environ un million de millions de millions de millions de millions (10<sup>30</sup>) d'années. Ce qui est plus d'un million de millions de millions (10<sup>18</sup>) de fois plus que la durée actuelle de l'univers. En réalité il serait plus juste de dire que, par comparaison avec le temps qu'il faudrait soit à un singe, soit à un programme informatique aléatoire pour produire la phrase-cible, l'âge total de l'univers actuel n'est que quantité négligeable, tellement négligeable qu'elle serait bien en dessous de la marge d'erreur de ce genre de calcul fait au dos d'une enveloppe, alors que le temps mis par un ordinateur travaillant en mode aléatoire mais avec la contrainte de la sélection cumulative pour accomplir la même tâche est d'un ordre compréhensible par les humains, entre 11 secondes et le temps qu'il faut pour déjeuné.

Il y a donc une grosse différence entre la sélection cumulative (dans laquelle chaque amélioration, même infime, est utilisée pour construire l'édifice futur), et la sélection en une seule étape (dans laquelle chaque nouvel « essai » est un nouveau départ de zéro). Si le progrès évolutif devait compter sur la sélection en une seule étape, il n'aurait jamais abouti à rien. Si toutefois il y avait un moyen quelconque par lequel les conditions nécessaires à la sélection cumulative auraient pu être déterminées par les forces aveugles de la nature, les conséquences auraient pu en être étranges et prodigieuses. En fait c'est exactement ce qui s'est passé sur cette planète, et nous faisons nous-mêmes partie des plus récentes, sinon des plus étranges et des plus prodigieuses de ces conséquences.

Il est étonnant de trouver encore des articles où des calculs comme celui du chiffre de l'hémoglobine sont utilisés comme s'ils constituaient des arguments contre la théorie de Darwin. Les

auteurs de ces articles, souvent experts dans leur propre domaine, l'astronomie, etc., semblent croire sincèrement que le darwinisme explique l'organisation du vivant par le seul fait du hasard – la sélection en une seule étape. Cette croyance, à savoir que l'évolution darwinienne est de nature « aléatoire », n'est pas seulement fautive. C'est l'antithèse exacte de la vérité. Le hasard est un ingrédient mineur dans la recette darwinienne, mais l'ingrédient le plus important est la sélection cumulative, qui est essentiellement de nature non aléatoire.

Les nuages sont incapables de subir une sélection cumulative. Il n'y a pas de mécanisme par lequel des nuages d'une forme particulière pourraient engendrer des nuages fils qui leur ressembleraient. Si pareil mécanisme existait, si un nuage ressemblant à une belette ou un chameau pouvait donner naissance à une lignée d'autres nuages d'une forme approximativement semblable, la sélection cumulative aurait l'occasion de se déclencher. Certes, il arrive que des nuages se disloquent en formant des « nuages fils », mais ce n'est pas suffisant pour qu'il y ait sélection cumulative. Il faut également que la « descendance » de n'importe quel nuage donné ressemble à son « géniteur » plus qu'à aucun autre « géniteur » de la « population ». Ce détail d'une importance vitale est apparemment compris de travers par certains des philosophes qui se sont, ces dernières années, intéressés à la théorie de la sélection naturelle. Il est de plus indispensable que les chances qu'un nuage donné aurait de survivre et d'engendrer des copies dépendent de sa forme. Ces conditions se sont peut-être développées dans quelque lointaine galaxie, et le résultat, si les millions d'années nécessaires se sont écoulées, en est une forme de vie éthérée, tout en volutes. Ce qui ferait peut-être un bon roman de science-fiction – qu'on pourrait intituler *De merveilleux nuages* – mais pour la commodité de notre exposé un modèle informatisé comme celui des singes dactylographes est plus facile à appréhender.

Bien que le modèle des singes dactylographes soit utile pour expliquer la distinction entre sélection en une seule étape et sélection cumulative, il conduit à des malentendus graves. Par exemple, à chaque génération de la « reproduction » sélective, les phrases mutantes de la « descendance » étaient jugées selon un critère de ressemblance par rapport à un idéal éloigné, la phrase-cible METHINKS IT IS LIKE A WEASEL. La vie n'est pas comme cela. L'évolution n'a pas de but à long terme. Il n'y a pas de cible éloignée, pas de perfection finale qui puisse servir de critère à la sélection, bien que la vanité humaine chérisse l'idée absurde que notre espèce est le but final de l'évolution. Dans la réalité, le critère

de la sélection est toujours à court terme, que ce soit la simple survie ou, plus généralement, le succès reproductif. Si, au bout des temps géologiques, quelque chose semble, après coup, avoir été accompli qui a l'apparence d'un progrès vers quelque but éloigné, c'est toujours une conséquence fortuite de nombreuses générations de sélection à court terme. L'« horloger » qui est la sélection naturelle cumulative ne voit pas l'avenir et n'a pas de projet à long terme.

Nous pouvons modifier notre modèle informatique pour tenir compte de cette objection. Nous pouvons également le rendre plus réaliste sous d'autres aspects. Lettres et mots sont des manifestations particulières aux humains, donc faisons plutôt dessiner des images à l'ordinateur. Nous verrons peut-être des approximations d'animaux évoluer dans l'ordinateur par sélection cumulative de formes mutantes. Nous ne préjugerons pas du résultat en intégrant au programme des images animales précises dès le départ. Nous voulons les voir émerger par la seule action de la sélection cumulative de mutations aléatoires.

Dans la réalité, la forme de chaque animal individuel est produite par le développement embryonnaire. Les différences se produisent en raison de modifications (par mutation – le petit facteur aléatoire envisagé plus haut) chez les gènes qui contrôlent le développement. Par conséquent, dans notre modèle informatique, nous devons avoir quelque chose d'équivalent au développement embryonnaire, et quelque chose d'équivalent à des gènes susceptibles de muter. Il y a bien des façons de transcrire ces exigences dans un modèle informatique. J'en ai choisi une et j'ai écrit un programme qui la met en pratique. Je vais maintenant décrire ce modèle informatique, parce que je crois qu'il est assez parlant. Si vous ne connaissez rien aux ordinateurs, souvenez-vous simplement que ce sont des machines qui font exactement ce qu'on leur dit de faire mais qui donnent souvent des résultats surprenants. Une liste d'instructions pour un ordinateur s'appelle un programme.

Le développement embryonnaire est un processus bien trop complexe pour qu'on puisse le simuler d'une manière réaliste sur un micro-ordinateur. Il faut le représenter par un modèle analogique simplifié. Il faut trouver une règle de tracé d'image que l'ordinateur peut facilement suivre et qu'on peut ensuite faire varier sous l'influence des « gènes ». Quelle règle allons-nous choisir? Les manuels d'informatique illustrent souvent la puissance de ce qu'ils appellent la programmation « récursive » avec une simple procédure arborescente. L'ordinateur commence par tracer une ligne verticale. Puis la ligne se sépare en deux branches. Puis chacune des deux

branches se sépare en deux sous-branches. Puis chacune des sous-branches se divise en deux sous-sous-branches, et ainsi de suite. On parle de « récursion » parce que la même règle (ici une règle de divergence) est appliquée localement dans tout l'arbre en croissance. Quelle que soit la taille que l'arbre peut atteindre, la même règle de divergence continue de s'appliquer au bout de tous ses rameaux.

La « profondeur » de récursion signifie le nombre d'embranchements permis avant de mettre fin au processus. La figure 2 montre ce qui se passe lorsqu'on dit à l'ordinateur d'obéir exactement à la même règle de tracé mais en allant à différents niveaux de récursion. A des niveaux élevés de récursion la figure devient très complexe, mais on voit aisément dans la figure 2 qu'elle est toujours produite par la même règle, très simple, de divergence. C'est évidemment exactement ce qui se passe dans un arbre réel. La configuration des branches d'un chêne ou d'un pommier a l'air complexe, mais en réalité elle ne l'est pas. La règle de divergence de base est très simple. C'est parce qu'elle est appliquée récursivement à toutes les extrémités des rameaux en croissance dans tout l'arbre – les branches donnent des sous-branches, puis chaque sous-branche donne des sous-sous-branches, et ainsi de suite – que l'arbre tout entier finit par être gros et touffu.

La divergence récursive est aussi une bonne métaphore pour le développement embryonnaire des plantes et des animaux en général. Je ne veux pas dire que les embryons animaux ressemblent à des arborescences. C'est faux. Mais tous les embryons croissent par division cellulaire. Les cellules se divisent toujours en deux cellules filles. Et les gènes exercent toujours leurs effets définitifs sur les corps au moyen d'influences locales sur les cellules, et sur les configurations divergentes à fourche simple de la division cellulaire. Les gènes d'un animal ne sont jamais un grand projet, un plan détaillé de tout le corps. Les gènes, comme nous le verrons, fonctionnent plus comme une recette que comme un plan détaillé; et une recette, en plus, à laquelle se conforme non pas l'embryon en développement dans sa globalité, mais chaque cellule ou chaque amas local de cellules en division. Je ne nie pas que l'embryon, et plus tard l'adulte, possède effectivement une forme à grande échelle. Mais cette forme à grande échelle émerge à la suite de nombreux petits effets cellulaires locaux dans tout le corps en développement, et ces effets locaux consistent essentiellement en divergences simples, sous forme de divisions cellulaires binaires. C'est en influençant ces événements locaux que les gènes finissent par exercer des influences sur le corps adulte.

La règle de divergence simple qui sert à tracer les arborescences

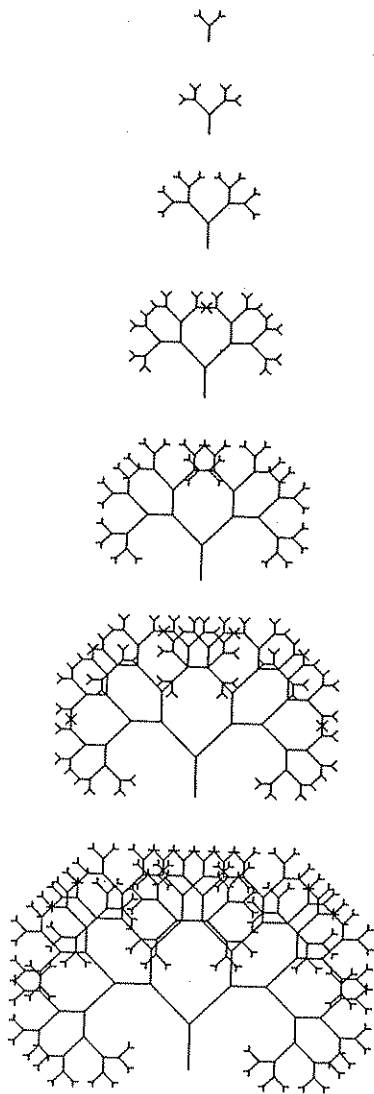


Figure 2

fait donc figure d'analogie prometteur du développement embryonnaire. En conséquence, nous l'intégrons dans une petite procédure informatique, nous l'appelons DÉVELOPPEMENT, et nous préparons à l'inclure dans un programme plus important appelé ÉVOLUTION. Avant de commencer à écrire ce programme principal, tournons maintenant notre attention vers les gènes. Comment allons-nous représenter des « gènes » dans notre modèle informatique? Dans

la réalité, les gènes font deux choses. Ils influencent le développement et ils se transmettent aux générations ultérieures. Chez les animaux et les plantes réels il y a des dizaines de milliers de gènes, mais nous allons modestement limiter notre modèle informatique à neuf gènes. Chacun de ces neuf gènes est simplement représenté dans l'ordinateur par un nombre, que nous appellerons sa valeur. La valeur d'un gène particulier pourrait être, par exemple, + 4, ou - 7.

Comment allons-nous faire en sorte que ces gènes influencent le développement? Ils pourraient faire des tas de choses. L'idée de base est qu'ils devraient exercer quelque influence quantitative mineure sur la règle de tracé qui est DÉVELOPPEMENT. Par exemple, l'un des gènes pourrait influencer l'angle de divergence, un autre pourrait influencer la longueur d'une branche particulière. Rien n'empêcherait non plus un gène d'influencer la profondeur de récursion, le nombre de divergences successives. J'ai donné cet effet au gène 9. On peut considérer la figure 2, par conséquent, comme l'image de sept organismes apparentés, identiques entre eux sauf en ce qui concerne le gène 9. Je ne vais pas expliciter en détail ce que fait chacun des huit autres gènes. On peut avoir une idée générale du genre de choses qu'ils font en étudiant la figure 3. Au centre de l'image se trouve l'arbre de base, l'un de ceux de la figure 2. Cet arbre central est entouré de 8 autres. Tous sont identiques à l'arbre central, sauf qu'un de leurs gènes, un gène différent pour chacun des huit, a été modifié - a subi une « mutation ». Par exemple, l'image à droite de l'arbre central montre ce qui se passe lorsque le gène 5 mute quand on ajoute + 1 à sa valeur. S'il y avait eu la place, j'aurais aimé faire figurer un cercle de 18 mutants autour de l'arbre central. La raison pour en vouloir 18 est qu'il y a neuf gènes, dont chacun peut muter « vers le haut » (on ajoute 1 à sa valeur) ou « vers le bas » (on retranche 1 à sa valeur). Donc un cercle de 18 arbres suffirait à représenter tous les mutants possibles qu'on pourrait faire dériver par mutation à un seul degré de l'arbre central.

Chacun de ces arbres possède sa propre « formule génétique » unique, la valeur numérique de ses neuf gènes. Je n'ai pas écrit ces formules génétiques, parce qu'elles ne signifieraient rien pour vous, par elles-mêmes. C'est également vrai des gènes réels. Les gènes ne commencent à signifier quelque chose que lorsqu'ils sont traduits, par la synthèse des protéines, en des règles de croissance pour un embryon en développement. De même, dans le modèle informatique, les valeurs numériques des neuf gènes n'ont de sens que lorsqu'elles sont traduites en règles de croissance pour la

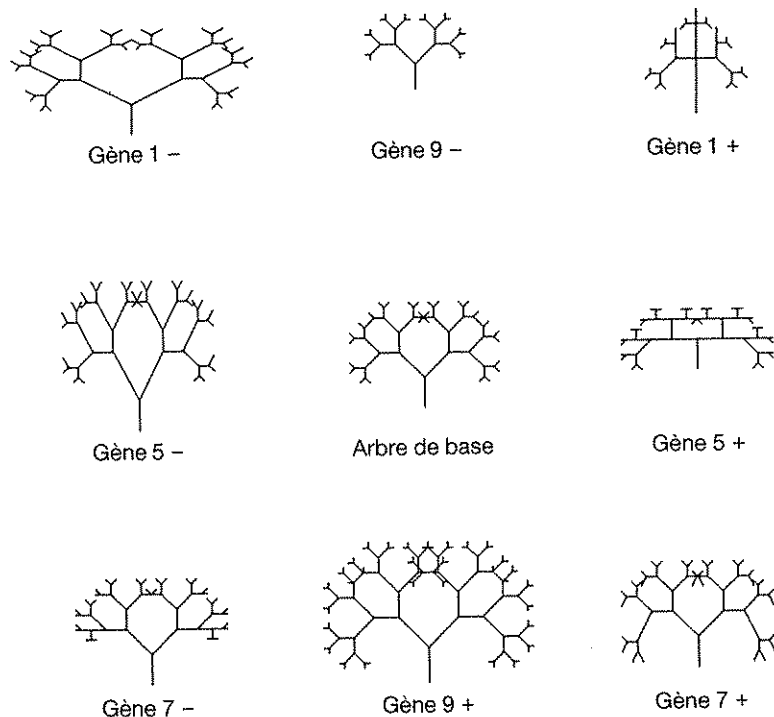


Figure 3

configuration arborescente en divergence. Mais on peut avoir une idée de ce que fait chaque gène en comparant les corps de deux organismes dont on sait qu'ils diffèrent sous le rapport d'un certain gène. Comparez, par exemple, l'arbre de base au centre de l'image avec les deux arbres à sa droite et à sa gauche, et vous aurez une petite idée de ce que fait le gène 5.

C'est aussi la manière exacte dont procèdent les généticiens du monde réel. Normalement les généticiens ne savent pas comment les gènes exercent leur influence sur les embryons. Ils ne connaissent pas non plus la formule génétique complète d'un animal donné. Mais en comparant les corps de deux animaux adultes dont ils savent qu'ils diffèrent par rapport à un gène unique, ils peuvent voir quels effets produit ce gène individuel. Ce n'est pas aussi simple, car les gènes agissent les uns avec les autres selon des procédures plus compliquées qu'une simple addition. Il en est exactement de même pour les arborescences créées par ordinateur. Les illustrations suivantes démontreront à quel point c'est vrai.

On remarquera que toutes ces formes sont symétriques par rapport à un axe vertical. C'est une contrainte que j'ai imposée à

la procédure DÉVELOPPEMENT. Je l'ai fait en partie pour des raisons esthétiques; en partie pour économiser sur le nombre de gènes nécessaires (si les gènes n'exerçaient pas d'effet miroir sur chaque côté de l'arbre nous aurions besoin de gènes séparés pour les côtés gauche et droit); et en partie parce que j'espérais faire évoluer des formes animales, et la plupart des corps animaux sont très symétriques. Pour la même raison, je vais à partir de maintenant cesser d'appeler ces créatures « arbres » et je vais les appeler « corps » ou « biomorphes ». Biomorphe est le terme créé par Desmond Morris pour désigner les formes vaguement animalières qui peuplent ses tableaux surréalistes. J'ai une affection particulière pour ces tableaux car l'un d'entre eux a été reproduit sur la couverture de mon premier ouvrage. Desmond Morris prétend que ses biomorphes « se développent » dans son esprit et que leur évolution peut se lire en passant d'un tableau à l'autre.

Revenons donc aux biomorphes de l'ordinateur, et au cercle des dix-huit mutants possibles, dont un groupe représentatif de huit est dessiné dans la figure 3. Puisque tous les membres du cercle ne sont qu'à une seule étape mutationnelle du biomorphe central, il nous est facile de les considérer comme des enfants du géniteur central. Nous avons notre analogue de la REPRODUCTION qui, comme DÉVELOPPEMENT, peut faire l'objet d'un autre petit programme, prêt à être inclus dans notre programme principal appelé ÉVOLUTION. On notera deux choses à propos de REPRODUCTION. D'abord, il n'y a pas de sexualité; la reproduction est asexuée. (Bien que je considère les biomorphes comme des femelles, dans la mesure où les animaux asexués comme les pucerons sont presque toujours sous forme femelle.) Ensuite, il ne peut y avoir qu'une seule mutation à la fois. Un enfant ne diffère de son géniteur que par un seul des neuf gènes; de plus, toutes les mutations se font en additionnant + 1 ou - 1 à la valeur du gène parental correspondant. Ce ne sont là que conventions arbitraires : elles auraient pu être différentes sans cesser d'être réalistes du point de vue biologique.

Il n'en est pas de même de la caractéristique suivante du modèle, qui met en œuvre un principe fondamental de la biologie. La forme de chaque enfant n'est pas directement dérivée de la forme de son géniteur. Chaque enfant reçoit sa forme de par la valeur de ses neuf gènes personnels (qui influencent les angles, les distances, etc.). Et chaque enfant reçoit ses neuf gènes des neuf gènes de son géniteur. C'est exactement ce qui se passe en réalité. Les corps ne sont pas transmis de génération en génération; les gènes le sont. Les gènes influencent le développement embryonnaire du corps



dans lequel ils résident. Puis ces mêmes gènes sont transmis ou non à la génération suivante. La nature des gènes n'est pas affectée par leur participation au développement corporel, mais les chances qu'ils ont d'être transmis peuvent être affectées par le succès du corps qu'ils ont contribué à créer. C'est pourquoi, dans le modèle informatique, il est important que les deux procédures appelées DÉVELOPPEMENT et REPRODUCTION soient écrites comme deux compartiments étanches. Ils sont étanches sauf que REPRODUCTION transmet les valeurs des gènes à DÉVELOPPEMENT, où elles influencent les règles de la croissance. Disons très clairement que DÉVELOPPEMENT ne retransmet pas les valeurs des gènes à REPRODUCTION — ce qui équivaldrait à du « lamarckisme » (voir chapitre 11).

Nous avons donc assemblé nos deux modules de programmes, appelés DÉVELOPPEMENT et REPRODUCTION; REPRODUCTION transmet les gènes de génération en génération, avec une possibilité de mutation. DÉVELOPPEMENT prend les gènes fournis par REPRODUCTION dans une génération donnée et traduit ces gènes en une action graphique qui donne l'image d'un corps sur l'écran de l'ordinateur. Le moment est venu d'apparier ces deux modules dans le grand programme dénommé ÉVOLUTION.

ÉVOLUTION consiste essentiellement en une répétition perpétuelle de REPRODUCTION. A chaque génération, REPRODUCTION prend les gènes qui lui ont été fournis par la génération précédente, et les transmet à la génération suivante mais avec quelques petites erreurs aléatoires — des mutations. Une mutation consiste simplement à ajouter + 1 ou - 1 à la valeur d'un gène choisi au hasard. Ce qui veut dire que, au fil des générations, la quantité totale de différence génétique par rapport à l'ancêtre original peut devenir très grande, d'une manière cumulative, par petites étapes séparées. Mais bien que les mutations soient aléatoires, le changement cumulatif au fil des générations n'est pas aléatoire. La descendance d'une génération donnée diffère du géniteur dans des directions aléatoires. Mais le choix du membre de cette descendance qui avancera dans la prochaine génération n'est pas aléatoire. C'est ici qu'intervient la sélection darwinienne. Le critère de la sélection n'est pas constitué par les gènes eux-mêmes, mais par les corps dont les gènes influencent la forme par la procédure DÉVELOPPEMENT.

En plus d'être REPRODUITS, les gènes sont à chaque génération également transmis à DÉVELOPPEMENT, qui fait croître le corps approprié sur l'écran en suivant ses propres règles rigides. A chaque génération, toute une « portée » d'« enfants » (d'individus de la génération suivante) s'affiche sur l'écran. Tous ces enfants sont les

enfants mutants du même géniteur, qui ne diffèrent chacun de lui que par la modification d'un seul gène. Ce taux de mutation très élevé est un trait du modèle informatique qui contredit indéniablement la réalité biologique. Dans le monde réel, la probabilité qu'un gène de muter est souvent inférieure à 1 sur un million ( $10^{-6}$ ). Si j'ai intégré au modèle un taux de mutation aussi élevé c'est que tout ce qui se déroule sur l'écran est destiné à des yeux humains, et que les humains n'ont pas la patience d'attendre un million de générations pour voir une mutation!

L'œil humain a un rôle actif à jouer dans cette histoire. Il est l'agent de la sélection. Il examine la portée de descendants et en choisit un pour la reproduction. L'élu devient alors le géniteur de la génération suivante, et une portée de ses propres enfants mutants s'affiche alors simultanément sur l'écran. L'œil humain fait ici exactement ce qu'il fait lorsqu'il élève des chiens pure race ou sélectionne des rosiers à concours. Notre modèle, en d'autres termes, est strictement un modèle de sélection artificielle et non naturelle. Le critère du « succès » n'est pas le critère direct de la survie, comme ce serait le cas dans la sélection naturelle. Dans la vraie sélection naturelle, si un corps a ce qu'il faut pour survivre, ses gènes survivent automatiquement parce qu'ils résident en lui. Aussi les gènes survivants ont-ils tendance à être, automatiquement, les gènes qui confèrent précisément aux corps les qualités qui contribuent à leur survie. Par contre, dans le modèle informatique, le critère de sélection n'est pas la survie, mais la capacité de se conformer aux caprices humains. Ces caprices ne sont pas nécessairement vains et arbitraires, car nous pouvons nous fixer comme but de sélectionner conformément à une qualité telle que « la ressemblance avec un saule pleureur ». Dans mon expérience, toutefois, le sélectionneur humain est plus souvent capricieux et opportuniste, ce qui n'est pas loin de rappeler également certains types de sélection naturelle.

L'humain indique à l'ordinateur quel membre de la portée actuellement affichée il faut choisir aux fins de reproduction. Les gènes de l'élu sont transmis à la procédure REPRODUCTION, et une nouvelle génération commence. Ce processus se poursuit indéfiniment, comme l'évolution dans le monde réel. Chaque génération de biomorphes n'est qu'à une étape mutationnelle de la précédente et de la suivante. Mais après 100 générations selon ÉVOLUTION, les biomorphes peuvent être jusqu'à 100 étapes mutationnelles de leur ancêtre originel. Et en 100 étapes mutationnelles il peut se passer beaucoup de choses.

Je n'avais aucune idée de l'ampleur de ces changements lorsque

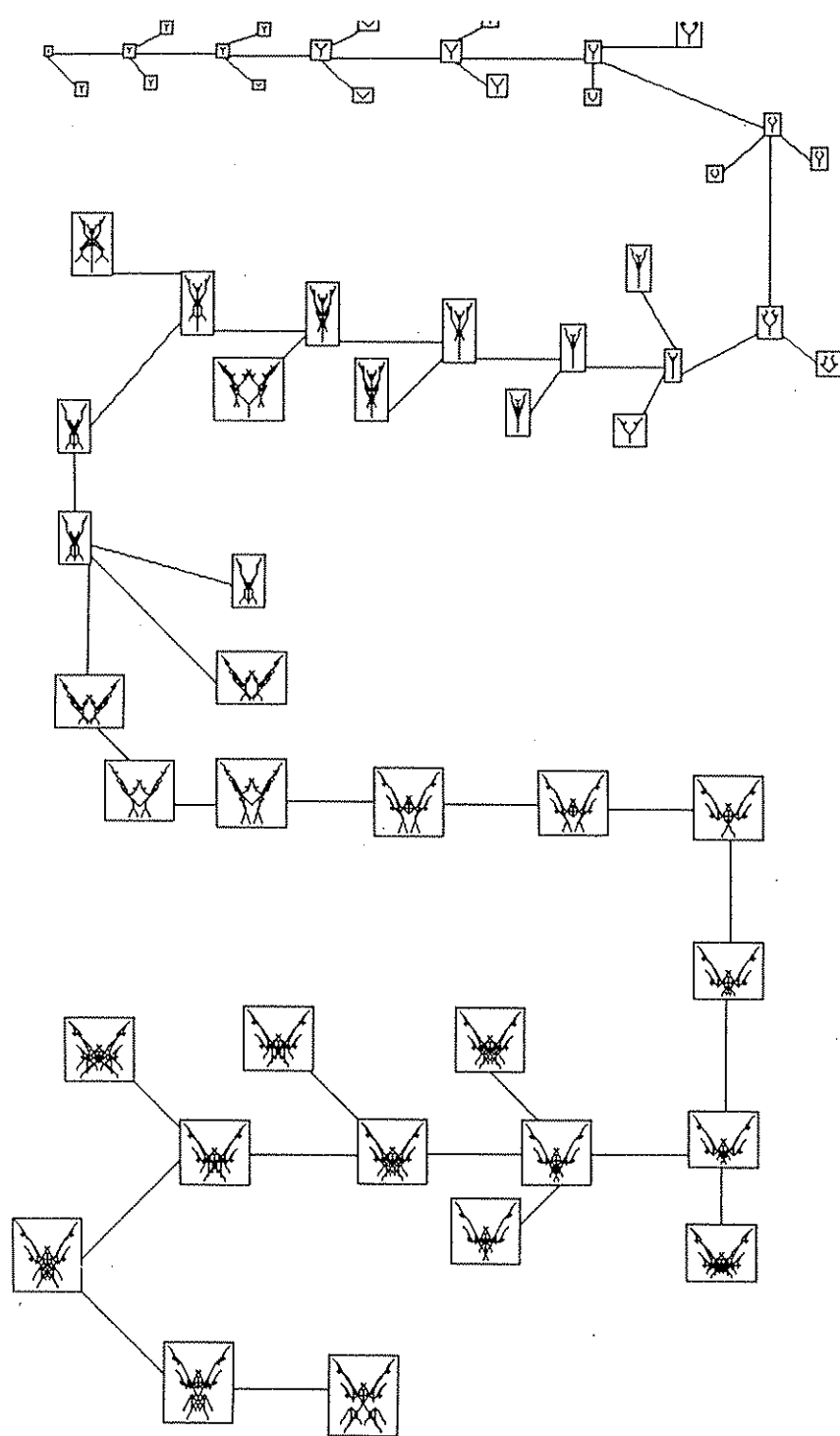


Figure 4

j'ai commencé à jouer avec mon programme tout neuf ÉVOLUTION. La première chose qui m'a surpris est que les biomorphes peuvent très rapidement cesser de ressembler à des arbres. La structure arborescente de base à fourche simple est toujours présente, mais elle est vite étouffée par l'entrecroisement accumulé des lignes qui donnent des masses colorées compactes (reproduites ici en noir et blanc). La figure 4 montre une histoire évolutive particulière faite de 29 générations seulement. L'ancêtre est une créature minuscule, un simple point. Bien que le corps de l'ancêtre soit un point, comme une bactérie dans le limon des premiers âges, il recèle un potentiel caché pour diverger selon la configuration exacte de l'arbre central de la figure 3 : simplement son gène 9 lui dit de diverger zéro fois ! Toutes les créatures représentées sur cette page descendent de ce point mais, pour éviter d'encombrer la page, je n'ai pas fait figurer tous les descendants que j'ai effectivement vus. Je n'ai fait figurer que l'enfant qui a réussi, c'est-à-dire le géniteur de la génération suivante, plus un ou deux de ses frères malheureux. Cette image n'est en somme que la représentation de la lignée évolutive principale guidée par mes choix esthétiques. Toutes les étapes de la lignée principale sont représentées.

Examinons brièvement les toutes premières générations de la lignée évolutive principale. Le point devient un Y à la génération 2. Le Y grossit dans les deux générations suivantes. Puis les branches s'incurvent légèrement, comme un lance-pierres de bonne facture. A la génération 7, la courbe s'accroît, si bien que les deux branches se rejoignent presque. Les branches incurvées grandissent, et chacune acquiert deux petits appendices à la génération 8. Ces appendices sont perdus à la génération 9, et la tige du lance-pierres s'allonge. La génération 10 ressemble à une fleur en coupe; les branches latérales incurvées ressemblent à des pétales qui se referment sur un appendice central ou « stigmate ». A la génération 11, la même forme « florale » a grossi et est devenue un peu plus compliquée.

J'arrêterai là ce récit. Les images des 29 générations sont suffisamment explicites. On notera que chaque génération n'est que légèrement différente de son géniteur et de ses sœurs. Puisque chacune est légèrement différente de son géniteur, il était prévisible que chacune soit légèrement plus différente de ses grands-parents (et de ses petits-enfants) et encore plus différente de ses arrière-grands-parents (et arrière-petits-enfants). C'est précisément en quoi consiste l'évolution cumulative, bien que, vu notre taux de mutation élevé, nous l'ayons accélérée sans commune mesure avec la réalité. Aussi la figure 4 ressemble-t-elle plus à la généalogie d'une

espèce qu'à celle d'une lignée d'individus, mais le principe reste le même.

Lorsque j'ai écrit ce programme, je n'avais jamais pensé qu'il aurait développé autre chose qu'une gamme de formes arborescentes. Je comptais obtenir des saules pleureurs, des cèdres du Liban, des peupliers de Lombardie, des algues, voire des ramures de cerf. Rien dans mon intuition de biologiste, rien dans mes 20 ans d'expérience dans la programmation des ordinateurs, et rien dans mes rêves les plus fous ne m'avait préparé à ce qui émergea en réalité sur l'écran. Je ne me souviens pas du stade exact de la séquence où pour la première fois l'idée m'est venue qu'il était possible de développer une ressemblance avec un genre d'insecte. Poussé par une intuition fantasque, je me mis à sélectionner pour la reproduction, de génération en génération, l'enfant qui ressemblerait le plus à un insecte. Mon incrédulité ne fit que croître à la mesure de la ressemblance évolutive. Vous voyez les formes terminales au bas de la figure 4. Concédonsons qu'elles ont huit pattes comme les araignées, au lieu de six comme les insectes, mais tout de même! Je ne puis vous dissimuler l'exultation qui m'a saisi lorsque j'ai vu pour la première fois ces exquis créatures émerger sous mes yeux. J'ai entendu très clairement les accords triomphants de l'ouverture de *Ainsi parla Zarathoustra* (la musique du film *2001, l'Odyssée de l'espace*) résonner dans ma tête. Je ne pouvais pas manger, et cette nuit-là « mes » insectes grouillaient sous mes paupières tandis que je cherchais le sommeil.

Il y a sur le marché des jeux informatiques dans lesquels le joueur a l'illusion d'errer dans un labyrinthe souterrain dont la topographie est déterminée et en tout cas complexe et dans lequel il rencontre des dragons, des minotaures et autres adversaires mythiques. Dans ces jeux les monstres sont assez peu nombreux. Ils sont tous conçus par un programmeur humain, de même que la topographie du labyrinthe. Dans le jeu de l'évolution, que ce soit la version informatique ou la réalité, le joueur (ou l'observateur) a la même impression d'errer métaphoriquement dans un labyrinthe aux nombreux embranchements, mais le nombre de voies possibles est tout simplement infini, et les monstres que l'on rencontre sont inconcevables et imprévisibles. Au fil de mes vagabondages dans les eaux stagnantes de la Biomorphie, j'ai rencontré des crevettes, des temples aztèques, des vitraux gothiques, des kangourous dessinés par des aborigènes, et, lors d'une occasion mémorable mais impossible à retrouver, une caricature passablement ressemblante du titulaire actuel de la chaire Wykeham de logique. La figure 5 est un autre petit tableau de chasse de ma salle des trophées, tous

créés de la même façon. Je souligne que ces formes ne sont pas des dessins. Elles n'ont pas été retouchées ou manipulées d'aucune manière. Elles sont exactement telles que l'ordinateur les a tracées lorsqu'il les a développées. Le rôle de l'œil humain se limitait à faire un choix parmi les descendants affectés de mutations aléatoires, tout au long de nombreuses générations d'évolution cumulative.

Nous disposons à présent d'un modèle de l'évolution beaucoup plus réaliste que celui fourni par les singes dactylographes. Mais le modèle du biomorphe est encore imparfait. Il nous montre le pouvoir qu'a la sélection cumulative d'engendrer une variété presque infinie de formes quasi biologiques, mais il utilise la sélection artificielle et non la sélection naturelle. C'est l'œil humain qui sélectionne. Serait-il possible de se passer de l'œil humain et de confier la sélection à l'ordinateur lui-même sur la base de quelque critère biologiquement réaliste? Ceci est plus difficile qu'il ne paraît. Il n'est pas inutile de prendre un peu de temps pour expliquer pourquoi.

Il est d'une facilité triviale de sélectionner en vue d'une formule génétique particulière tant qu'on peut lire les gènes de tous les animaux. Mais la sélection naturelle ne choisit pas les gènes directement, elle choisit les effets que les gènes produisent sur les corps – les effets dits phénotypiques. L'œil humain sait choisir les effets phénotypiques, comme on le voit aux nombreuses races de chiens, d'animaux de bétail, de pigeons, et aussi, si je puis l'ajouter, aux formes de la figure 5. Pour que l'ordinateur choisisse directement des effets phénotypiques, il nous faudrait écrire un programme très complexe de reconnaissance de formes. Il existe de tels programmes. On s'en sert pour lire du texte imprimé et même du texte écrit à la main. Mais ce sont des programmes lourds, à la pointe de la technique, qui requièrent des ordinateurs très gros et très rapides. Même si un tel programme de reconnaissance de formes restait dans les limites de mes compétences de programmeur et des 64 kilo-octets de mon micro-ordinateur, je n'en ferais rien. C'est une tâche qui est mieux faite par l'œil humain assisté – et c'est déjà plus intéressant – des 10 giganeurons de l'ordinateur logé dans le crâne.

Il ne serait pas trop difficile de s'arranger pour que l'ordinateur sélectionne des traits généraux grossiers comme « grand et mince », « petit et gros », peut-être « galbé », « hérissé de pointes », voire même une ornementation de style rococo. On pourrait programmer l'ordinateur à se souvenir des types de qualités que les humains ont choisis dans le passé et à exercer ultérieurement une sélection

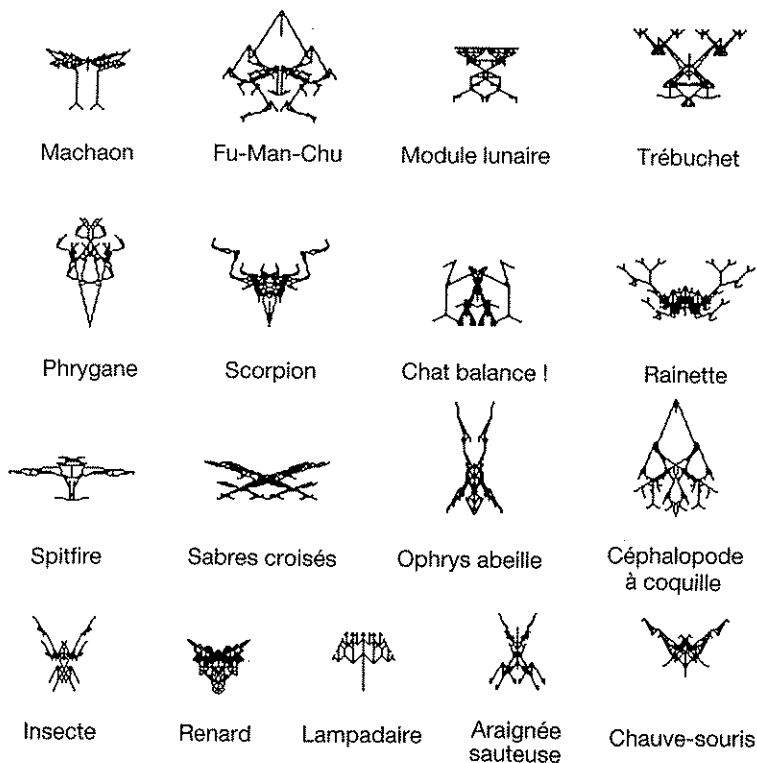


Figure 5

constante du même type. Mais nous n'en serions pas plus avancés dans la voie de la sélection naturelle. Le point important est que la nature n'a pas besoin de puissance de calcul pour sélectionner, sauf dans des cas particuliers comme lorsque les paons choisissent les paons. Dans la nature, l'agent sélectionneur habituel est direct, simple et brutal. C'est la Faucheuse. Bien sûr, les raisons mêmes de la survie sont loin d'être simples — c'est pourquoi la sélection naturelle peut construire des plantes et des animaux d'une complexité aussi redoutable. Mais la mort elle-même a quelque chose de très simple et de très rudimentaire. Et dans la nature il n'est besoin que de la mort non aléatoire pour sélectionner les phénotypes, et avec eux les gènes qu'ils contiennent.

Pour simuler la sélection naturelle d'une manière intéressante avec l'ordinateur, nous devrions oublier l'ornementation rococo et toutes ces autres qualités visuellement définies. A la place, nous devrions nous concentrer sur la simulation de la mort non aléatoire. Les biomorphes devraient interagir, dans l'ordinateur, avec la simu-

lation d'un environnement hostile. L'environnement hostile idéal devrait comprendre d'autres biomorphes en cours d'évolution : des « prédateurs », des « proies », des « parasites », des « concurrents ». La forme particulière d'un biomorphe-proie devrait, par exemple, déterminer sa vulnérabilité par rapport à une forme particulière de biomorphe-prédateur. Pareils critères de vulnérabilité ne devraient pas être introduits par le programmeur. Il faudrait véritablement qu'ils émergent, par le même type de cheminement que les formes elles-mêmes. L'évolution décollerait alors pour de bon dans l'ordinateur, car les conditions d'une « course aux armements » auto-alimentée seraient réunies (voir au chapitre 7), et je n'ose conjecturer comment tout cela pourrait finir. Malheureusement, je crois que la mise sur pied de pareille contrefaçon du monde dépasse mes pouvoirs de programmeur.

S'il y avait des gens assez habiles pour le faire, ce seraient les programmeurs qui mettent au point ces jeux de café bruyants et vulgaires du type « Envahisseurs de l'Espace ». Ces programmes simulent un monde contrefait. Il a une géographie, souvent en trois dimensions, et une dimension temporelle accélérée. Des entités foncent dans l'espace tridimensionnel simulé, entrent en collision, se tirent dessus et s'entre-dévorent avec des bruits révoltants. La simulation peut être si réaliste que le joueur qui est aux manettes a l'illusion puissante qu'il fait lui-même partie du monde contrefait. J'imagine que le summum de ce genre de programmation est atteint dans les chambres de simulation où s'entraînent les pilotes d'avions et de vaisseaux spatiaux. Mais même ces programmes sont du menu fretin comparés au programme qu'il faudrait écrire pour simuler l'émergence d'une course aux armements entre prédateurs et proies, intégrée à un écosystème contrefait complet. Toutefois, la chose serait certainement possible. S'il y a un programmeur qui ait envie de collaborer avec moi pour relever ce défi, j'aimerais qu'il ou elle prenne contact avec moi.

Cependant, il y a autre chose de bien plus facile, et que j'ai l'intention de tester l'été venu. Je mettrai l'ordinateur dans un endroit ombragé du jardin. L'écran dispose de la couleur. Je possède déjà une version du programme qui utilise quelques « gènes » de plus pour contrôler la couleur de la même manière que les neuf autres gènes contrôlent la forme. Je commencerai avec un quelconque biomorphe brillamment coloré, plutôt compact. L'ordinateur va afficher simultanément toute la gamme des descendants mutants du biomorphe, qui diffèrent de lui par leur forme et/ou leur configuration colorée. Je crois que des abeilles, des papillons et d'autres insectes viendront voir l'écran et « choisiront » en heurtant

l'écran en un point particulier. Lorsqu'un certain nombre de choix auront été enregistrés, l'ordinateur effacera l'écran, fera « se reproduire » le biomorphe préféré, et affichera la génération suivante de descendants mutants.

Je compte fermement sur les insectes sauvages pour assurer effectivement, en un grand nombre de générations, le développement de fleurs dans l'ordinateur. S'ils y arrivent, les fleurs de l'ordinateur auront évolué sous exactement la même pression de sélection que celle qui fait évoluer les vraies fleurs sauvages dans la nature. Je suis fortifié dans mon espoir par le fait que les insectes visitent souvent des taches de couleur vive sur les robes des dames (et aussi par des expériences plus systématiques déjà publiées). Une autre possibilité, que je trouverais encore plus passionnante, serait que les insectes sauvages puissent causer l'évolution des biomorphes insectiformes. Il y a un précédent – et donc une raison d'espérer – dans le fait que les abeilles ont par le passé causé l'évolution des orchidées apiformes. Les abeilles mâles, à la suite de bien des générations d'évolution cumulative des orchidées, en ont construit la forme à leur image en essayant de copuler avec les fleurs et donc d'en transporter le pollen. Imaginez l'ophrys abeille de la figure 5 en couleurs. Qu'est-ce que vous en diriez si vous étiez une abeille?

La raison principale de mon pessimisme est que la vision des insectes fonctionne d'une manière très différente de la nôtre. Les écrans vidéo sont conçus pour des yeux humains, pas des yeux d'abeilles. Ceci pourrait tout simplement signifier que, même si les abeilles et nous-mêmes reconnaissons ces orchidées mimétiques, chacun selon sa vision bien différente, comme étant apiformes, il se pourrait que les abeilles ne puissent absolument pas voir d'images sur un écran vidéo. Les abeilles ne verraient peut-être rien d'autre que 625 lignes de balayage! Mais ça vaut tout de même la peine d'essayer. Quand ce livre sera publié, j'aurai la réponse.

Il y a un cliché populaire, habituellement asséné sans finesse, selon lequel on ne peut pas tirer des ordinateurs plus que ce qu'on y a mis. Selon d'autres versions les ordinateurs font exactement ce qu'on leur dit de faire, et rien de plus, et par conséquent les ordinateurs ne sont jamais créatifs. Ce cliché n'est vrai qu'au sens le plus basement littéral, au sens où Shakespeare n'aurait jamais rien écrit d'autre que ce que lui avait appris à écrire son premier maître d'école – des mots. J'ai fait entrer le programme ÉVOLUTION dans l'ordinateur, mais je n'ai pas programmé « mes » insectes, ni le scorpion, ni le Spitfire, ni le module lunaire. Je n'avais pas le moindre pressentiment qu'ils puissent émerger et c'est bien pour

cela que « émerger » est le mot qui convient. Certes, mes yeux ont opéré la sélection qui a guidé leur évolution, mais à chaque étape j'étais limité à un petit groupe de descendants proposés par la mutation aléatoire, et ma « stratégie » de sélection a été en fait opportuniste, capricieuse et à court terme. Je ne visais pas de but éloigné, ce que ne fait pas non plus la sélection naturelle.

Je peux dramatiser cet argument en discutant de l'unique occasion où j'ai effectivement essayé de viser un but éloigné. Mais je dois d'abord faire un aveu. Vous vous en seriez tout de même douté : l'histoire évolutive de la figure 4 est une reconstruction. Ce n'était pas la première fois que je voyais « mes » insectes. Lorsqu'ils émergèrent originellement aux sons des trompettes, je n'avais aucun moyen d'enregistrer leurs gènes. Ils étaient là, installés sur l'écran de l'ordinateur, et je ne pouvais pas les atteindre, je ne pouvais pas déchiffrer leurs gènes. Je retardai le plus possible le moment d'éteindre l'ordinateur tout en me creusant la cervelle pour trouver un moyen quelconque de les sauvegarder, mais il n'y en avait point. Les gènes étaient enfouis trop profondément, tout comme dans la réalité. Je pouvais sortir sur imprimante les images des corps des insectes, mais j'avais perdu leurs gènes. Je modifiai immédiatement le programme pour qu'à l'avenir je puisse conserver une trace accessible des formules génétiques, mais il était trop tard. J'avais perdu mes insectes.

Vous pensez peut-être qu'il aurait été assez facile de reconstruire le cheminement évolutif, mais ce ne fut pas le cas. La raison, à laquelle je reviendrai, en est le nombre astronomique de biomorphes possibles que peut offrir un cheminement évolutif suffisamment long, même si l'on ne fait varier que neuf gènes. Plusieurs fois, au cours de mon pèlerinage en Biomorphie, il me sembla approcher d'assez près un précurseur de mes insectes mais, en dépit de mes efforts de sélectionneur, l'évolution partait alors sur ce qui se révélait être une fausse piste. Enfin, au terme de mes errances évolutionnistes en Biomorphie – le sentiment de triomphe fut à peine moindre que lors de la première occasion – je parvins tout de même à les retrouver. Je ne savais pas (et je ne sais toujours pas) si ces insectes étaient exactement les mêmes que les originaux, les insectes des « accords perdus de Zarathoustra », ou s'ils n'étaient que superficiellement « convergents » (voir au prochain chapitre), mais je m'en tins là. Cette fois-ci il n'y eut pas d'erreur : je notai la formule génétique, et je peux désormais « faire évoluer » des insectes quand il me plaît.

Oui, j'en rajoute peut-être un peu, mais je suis en train de traiter un point important. L'intérêt de cette histoire est que même si

c'était moi qui avais programmé l'ordinateur en lui donnant des instructions détaillées sur la marche à suivre, je n'avais néanmoins pas prévu les animaux qui s'étaient développés, et j'avais été totalement surpris en voyant leurs précurseurs pour la première fois. J'étais impuissant à maîtriser l'évolution, tellement qu'alors même que je voulais absolument remonter un cheminement évolutif particulier la chose se révéla parfaitement impossible. Je ne crois pas que j'aurais jamais retrouvé mes insectes si je n'avais pas disposé d'une image imprimée de l'ensemble complet de leurs prédécesseurs évolutifs, et même ainsi ce fut difficile et fastidieux. L'impuissance du programmeur à maîtriser ou à prédire le cours de l'évolution dans l'ordinateur fait-elle figure de paradoxe? Ceci signifie-t-il que quelque chose de mystérieux, voire de mystique se passait à l'intérieur de l'ordinateur? Bien sûr que non. Il n'y a rien de mystique non plus dans l'évolution des plantes et animaux réels. Nous pouvons nous servir du modèle informatique pour résoudre ce paradoxe et apprendre quelque chose sur l'évolution réelle par-dessus le marché.

Anticipons : la base de la résolution du paradoxe se révélera être comme suit. Il y a un ensemble défini de biomorphes, dont chacun réside à sa place unique dans un espace mathématique. Il y réside en permanence au sens où on pourrait le trouver instantanément rien qu'en connaissant sa formule génétique; de plus, ses voisins dans cet espace un peu spécial sont les biomorphes qui diffèrent de lui par un seul gène. Maintenant que je connais la formule génétique de mes insectes, je peux les reproduire à volonté, et je peux dire à l'ordinateur de « faire avancer » l'évolution dans leur direction à partir de n'importe quel point de départ arbitraire. Quand vous « produisez » une nouvelle créature par sélection artificielle dans le modèle informatique, vous avez l'impression d'un processus de création. C'est bien exact, mais ce que vous faites en réalité c'est de trouver la créature, car elle est, au sens mathématique, déjà installée à sa propre place dans l'espace génétique de la Biomorphie. S'il s'agit d'un processus véritablement créateur c'est qu'il est extrêmement difficile de trouver une créature particulière quelconque, pour la simple et unique raison que la Biomorphie est très, très vaste, et que le nombre des créatures qui y résident est tout simplement infini. On n'arrivera à rien si on se contente de chercher au hasard et sans but précis. Il faut adopter une procédure de recherche plus efficace – plus créative.

Certaines personnes croient naïvement que les ordinateurs joueurs d'échecs fonctionnent en essayant toutes les combinaisons possibles de coups. Ils trouvent cette croyance rassurante quand ils se font

battre par la machine, mais cette croyance est absolument erronée. Il y a beaucoup trop de coups possibles aux échecs : l'espace de recherche est des milliards de fois trop grand pour permettre à une recherche à l'aveuglette de réussir. L'art d'écrire un bon programme d'échecs est d'envisager des raccourcis efficaces dans l'espace de recherche. La sélection cumulative, qu'elle soit la sélection artificielle comme dans le modèle informatique ou la sélection naturelle dans le monde extérieur réel, est une procédure de recherche efficace dont les conséquences ressemblent beaucoup à l'intelligence créatrice. Ceci, après tout, résume l'Argument du dessein de William Paley. Techniquement parlant, lorsqu'on joue sur l'ordinateur au jeu des biomorphes, on ne fait que trouver des animaux qui, au sens mathématique, attendent qu'on les trouve. Mais on a l'impression d'un processus créatif. Faire l'inventaire d'un espace restreint qui contient un nombre réduit d'entités ne donne pas l'impression d'être un processus créatif. Le jeu d'enfant qui consiste à faire chercher un objet caché ne donne pas l'impression d'être créatif. Tourner et retourner des objets à l'aveuglette dans l'espoir de tomber par hasard sur l'objet recherché marche habituellement lorsque l'espace fouillé est restreint. A mesure que l'espace de recherche s'agrandit, des procédures de recherche de plus en plus sophistiquées deviennent nécessaires. Des procédures de recherche efficaces deviennent, lorsque l'espace de recherche est suffisamment grand, impossibles à distinguer de la créativité authentique.

Les modèles constitués par les biomorphes informatiques illustrent bien cet argument, et ils constituent un pont instructif entre des processus créatifs humains comme la mise au point d'une stratégie gagnante aux échecs et la créativité évolutionniste de la sélection naturelle, l'horloger aveugle. Pour comprendre cela, il nous faut développer l'idée de la Biomorphie vue comme un « espace » mathématique, un panorama illimité mais ordonné de la variété morphologique mais dans lequel chaque créature est installée à sa place correcte en attendant d'être découverte. Les 17 créatures de la figure 5 ne sont pas disposées sur la page selon un ordre particulier. Mais dans le territoire lui-même de la Biomorphie chacune occupe sa propre position unique déterminée par sa formule génétique, entourée par ses propres voisins. Toutes les créatures de Biomorphie ont une relation spatiale définie les unes avec les autres. Qu'est-ce que cela veut dire? Quelle signification peut-on attacher à la position spatiale?

L'espace en question est l'espace génétique. Chaque animal a sa propre position dans l'espace génétique. Des proches voisins dans l'espace génétique sont des animaux qui ne diffèrent les uns des

autres que par une seule mutation. Dans la figure 3, l'arbre de base au centre est entouré par 8 de ses 18 voisins immédiats dans l'espace génétique. Les 18 voisins d'un animal sont les 18 types différents d'enfants auxquels il peut donner naissance, et les 18 types différents de géniteur dont il aurait pu être issu étant donné les règles de notre modèle informatique. A un degré d'éloignement, chaque animal a 324 ( $18 \times 18$ , en ne tenant pas compte des rétromutations pour simplifier) voisins, l'ensemble de ses petits-enfants, grands-parents, oncles ou neveux possibles. A un degré d'éloignement de plus, chaque animal a 5 832 ( $18 \times 18 \times 18$ ) voisins, l'ensemble de ses arrière-petits-enfants, arrière-grands-parents, cousins germains, etc., possibles.

Quel intérêt y a-t-il à penser en termes d'espace génétique? Où cela nous mène-t-il? La réponse est que cela nous fournit un moyen de comprendre l'évolution en tant que processus graduel et cumulatif. En une génération quelconque, d'après les règles du modèle informatique, il n'est possible de se déplacer que d'un seul pas dans l'espace génétique. En 29 générations, il n'est pas possible de s'éloigner de plus de 29 pas de l'ancêtre initial dans l'espace génétique. Toute généalogie évolutive consiste en un cheminement ou trajectoire particulier dans l'espace génétique. Par exemple, la généalogie évolutive rapportée dans la figure 4 est une trajectoire particulière qui traverse l'espace génétique en zigzag et relie un point à un insecte en passant par 28 stades intermédiaires. Voilà ce que je voulais dire lorsque j'évoquais métaphoriquement mes « vagabondages » en Biomorphie.

J'ai voulu essayer de représenter cet espace génétique sous forme d'image. L'ennui, c'est que les images n'ont que deux dimensions. L'espace génétique dans lequel résident les biomorphes n'est pas un espace à deux dimensions. Ce n'est même pas un espace à trois dimensions. C'est un espace à neuf dimensions! (L'important avec les mathématiques est de ne pas en avoir peur. La difficulté n'est pas aussi grande que les pontifes de la mathématique voudraient nous faire accroire. Chaque fois que je me sens intimidé, je me remémore toujours ce dicton de Silvanus Thompson dans son *Calcul intégral facile*: « Ce qu'un imbécile peut faire, un autre imbécile pourra le faire. ») Si seulement nous pouvions dessiner en neuf dimensions nous pourrions faire correspondre chaque dimension à l'un des neuf gènes. La position d'un animal particulier, disons le scorpion, la chauve-souris ou l'insecte, est fixée dans l'espace génétique par la valeur numérique de ses neuf gènes. Le changement évolutif consiste en une promenade pas à pas dans l'espace à neuf dimensions. La quantité de différence génétique entre un animal

et un autre, et donc le temps mis par l'évolution et la difficulté qu'il y a à évoluer de l'un à l'autre, se mesure comme la distance de l'un à l'autre dans l'espace à neuf dimensions.

Nous ne pouvons hélas pas dessiner en neuf dimensions. J'ai cherché un moyen de tourner la difficulté, de dessiner une image à deux dimensions qui donnerait un peu l'idée de ce que cela représente d'avancer d'un point à un autre dans l'espace génétique à neuf dimensions de la Biomorphie. Il existe différentes manières de le faire, et j'ai choisi celle que j'appelle le truc du triangle. Regardez la figure 6. Aux trois sommets du triangle il y a trois biomorphes choisis arbitrairement. Celui du haut est l'arbre de base, celui de gauche est l'un de « mes » insectes, et celui de droite n'a pas de nom mais je l'ai trouvé joli. Comme tous les biomorphes, chacun d'eux a sa propre formule génétique qui détermine sa position unique dans l'espace génétique à neuf dimensions.

Le triangle est à plat sur un « plan » à deux dimensions qui traverse l'hypervolume à neuf dimensions (ce qu'un imbécile peut faire...). Ce plan est comme une plaque de verre enfoncée dans une gelée. Sur le verre sont tracés le triangle et aussi quelques-uns des biomorphes dont les formules génétiques leur donnent le droit de résider sur ce plan particulier. Qu'est-ce qui leur en donne le droit? C'est ici qu'interviennent les trois biomorphes aux sommets du triangle. Appelons-les biomorphes d'ancrage.

Souvenons-nous que l'idée de « distance » dans l'« espace » génétique est essentiellement que des biomorphes génétiquement similaires sont des voisins proches, et que des biomorphes génétiquement différents sont des voisins éloignés. Sur ce plan particulier, les distances sont toutes calculées par rapport aux trois biomorphes d'ancrage. Pour chaque point donné quelconque de la plaque de verre, qu'il soit à l'intérieur ou à l'extérieur du triangle, la formule génétique appropriée de ce point est calculée comme une « moyenne pondérée » des formules génétiques des trois biomorphes d'ancrage. Vous avez déjà deviné comment se fait cette pondération. Elle se fait selon la distance sur la page, ou plus précisément la proximité du point en question par rapport aux trois biomorphes d'ancrage. Donc, plus on se rapproche de l'insecte qui est sur le plan, plus les biomorphes locaux lui ressemblent. A mesure que l'on se déplace sur la vitre en direction de l'arbre, les « insectes » deviennent par étapes moins insectiformes et plus arboriformes. Si l'on pénètre au centre du triangle, les animaux qu'on y trouvera, par exemple, l'araignée coiffée d'un candélabre à sept branches, seront une variété de « compromis génétiques » entre les trois biomorphes d'ancrage.

Mais cet exposé donne finalement beaucoup trop d'importance

aux trois biomorphes d'ancrage. Certes, l'ordinateur les a utilisés pour calculer la formule génétique appropriée de chaque point de l'image. Mais en réalité n'importe quel trio de points d'ancrage figurant sur le plan auraient fait l'affaire tout aussi bien, et auraient donné des résultats identiques. C'est pour cette raison que je n'ai pas tracé le triangle de la figure 7. La figure 7 est exactement le même genre d'image que la figure 6. Elle montre simplement un plan différent. Le même insecte est l'un des trois points d'ancrage, placé cette fois à droite. Les autres points d'ancrage sont, en l'occurrence, le Spitfire et l'ophrys abeille sous la forme qu'ils ont dans la figure 5. Sur ce plan aussi vous remarquerez que les biomorphes voisins se ressemblent plus qu'ils ne ressemblent aux autres biomorphes. Le Spitfire, par exemple, fait partie d'une escadre d'appareils similaires qui volent en formation. Comme l'insecte figure sur les deux plaques de verre, on peut imaginer que les deux plaques de verre se coupent en faisant un certain angle. Par rapport à la figure 6, on dira que le plan de la figure 7 a effectué une « rotation » autour de l'insecte.

L'élimination du triangle est un progrès dans notre méthode, parce qu'il était une distraction. Il donnait une importance imméritée à trois points particuliers du plan. Il nous reste encore un progrès à faire. Dans les figures 6 et 7 la distance spatiale représente la distance génétique, mais l'échelle est complètement déformée. Un centimètre verticalement n'est pas nécessairement équivalent à

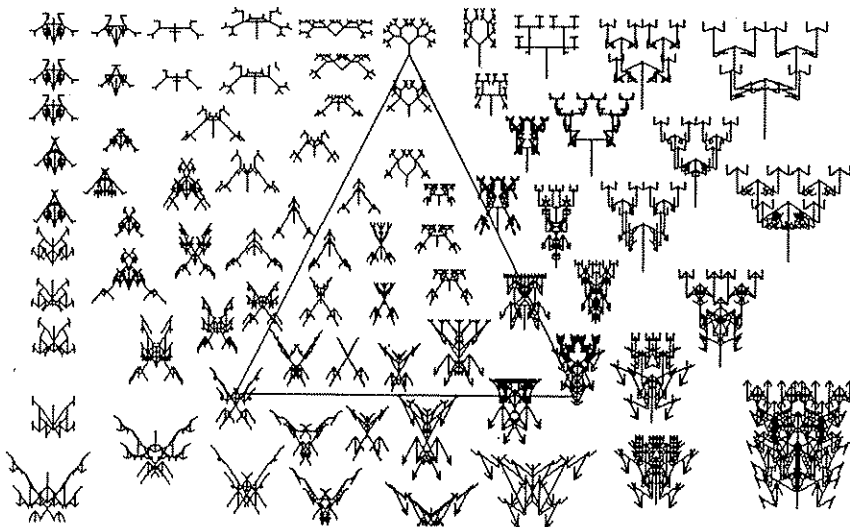


Figure 6

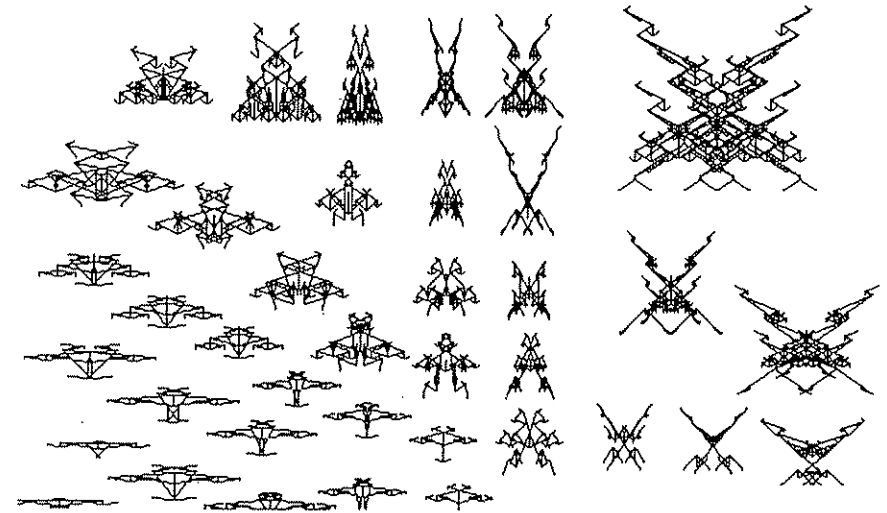


Figure 7

un centimètre horizontalement. Pour y remédier, il nous faut choisir soigneusement nos trois biomorphes d'ancrage pour que leurs distances génétiques les uns des autres soient toutes les mêmes. C'est exactement ce que fait la figure 8. Une fois de plus on n'a pas tracé le triangle. Les trois points d'ancrage sont le scorpion de la figure 5, l'insecte encore (nous avons donc une nouvelle « rotation » autour de l'insecte) et le biomorphe plutôt anonyme du sommet de l'image. Ces trois biomorphes sont tous distants de 30 mutations les uns des autres. Ce qui signifie qu'il est également facile d'arriver par évolution d'un quelconque des trois à un quelconque des trois autres. Dans les trois cas il faut faire un minimum de 30 pas génétiques. Les graduations dans la marge inférieure de la figure 8 représentent des unités de distance mesurée en gènes. On peut en faire un « double décimètre » génétique qui ne fonctionne pas seulement dans le sens horizontal. On peut l'incliner dans toutes les directions et mesurer la distance génétique, et donc la durée d'évolution minimale, entre n'importe quel point du plan et n'importe quel autre (il est dommage que ce ne soit pas tout à fait exact sur la page, car l'imprimante de l'ordinateur déforme les proportions, mais cet effet est trop minime pour être préoccupant, sauf qu'il signifie quand même qu'on obtiendra une réponse légèrement fautive si on se contente de compter les graduations de l'échelle).

Ces plans à deux dimensions qui coupent un espace génétique à neuf dimensions vous donnent une certaine idée d'une promenade



en Biomorphie. Pour préciser cette idée, n'oubliez pas que l'évolution n'est pas limitée à un seul plan. Lors d'une promenade évolutive authentique, vous pourriez « passer au travers » d'un plan pour tomber dans un autre, en passant, par exemple, du plan de la figure 6 à celui de la figure 7 (aux environs de l'insecte, là où les deux plans se rapprochent).

J'ai dit que le « double décimètre » génétique de la figure 8 nous permet de calculer le temps minimal qu'il faudrait pour passer par évolution d'un point à un autre. C'est bien exact, vu les restrictions du modèle originel, mais il faut insister sur le terme de minimal. Puisque l'insecte et le scorpion sont à 30 unités génétiques l'un de l'autre, il ne faut que 30 générations pour passer de l'un à l'autre, à la condition expresse de ne jamais se tromper de chemin une seule fois, c'est-à-dire si on sait exactement vers quelle formule génétique on se dirige, et comment manœuvrer pour y aboutir. Dans l'évolution réelle il n'y a rien qui corresponde à des manœuvres pour aboutir à quelque lointain but génétique.

Utilisons maintenant les biomorphes pour retourner au thème démontré par les singes dactylographes shakespeariens, l'importance d'un changement graduel, étape par étape, par opposition au hasard pur. On commence par renuméroter les graduations du bas de la figure 8 avec des unités différentes. Au lieu de mesurer la distance

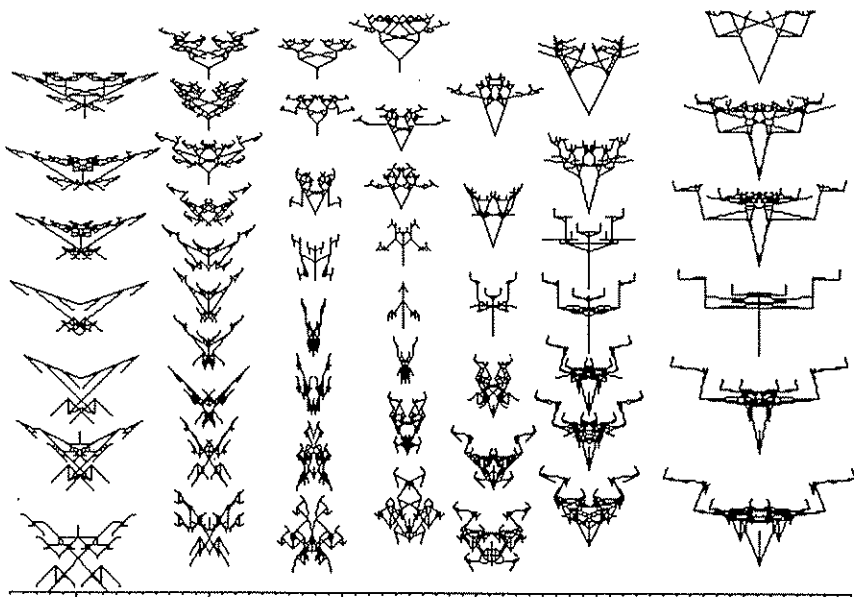


Figure 8

comme « le nombre de gènes qui doivent changer dans l'évolution », nous allons mesurer la distance comme « la probabilité de réussir à parcourir la distance d'un seul bond en comptant uniquement sur la chance ». Pour envisager cela, il va nous falloir maintenant relâcher l'une des restrictions que j'avais incluses dans mon jeu informatique et nous finirons par voir pourquoi j'avais inclus cette restriction en premier lieu. Cette restriction était que les enfants ne « pouvaient » pas être à plus d'une mutation de leurs parents. En d'autres termes, un seul gène à la fois « pouvait » muter, et ce gène ne pouvait modifier sa « valeur » que de +1 ou -1. En relâchant cette restriction, nous autorisons un nombre quelconque de gènes à muter simultanément, et ils peuvent ajouter un nombre quelconque, positif ou négatif, à leur dernière valeur. En réalité, cette licence est excessive puisqu'elle permet aux valeurs génétiques de varier de moins l'infini à plus l'infini. La démonstration est faisable si nous limitons les valeurs des gènes aux unités, c'est-à-dire si nous leur permettons de varier entre -9 et +9.

Donc, à l'intérieur de ces limites généreuses, nous permettons théoriquement à la mutation, d'un seul coup, en une seule génération, de modifier toute combinaison des neuf gènes. De plus, la valeur de chaque gène peut varier d'une quantité quelconque du moment qu'elle n'atteint pas la dizaine. Qu'est-ce que cela veut dire? Que l'évolution peut théoriquement sauter, en une seule génération, de n'importe quel point de Biomorphie à n'importe quel autre. Et non pas seulement un point quelconque d'un plan donné, mais un point quelconque de tout l'hypervolume à neuf dimensions. Si, par exemple, vous vouliez sauter d'un seul bond de l'insecte au renard de la figure 5, voici la recette. Ajoutez les nombres suivants aux valeurs des gènes 1 à 9, respectivement : -2, 2, 2, -2, 2, 0, -4, -1, 1. Mais puisque nous parlons de sauts aléatoires, tous les points de la Biomorphie sont des destinations également possibles pour l'un de ces sauts. Donc, les chances qu'on aurait de ne pas aboutir d'un seul bond par pur hasard à une quelconque destination précise, le renard, par exemple, sont faciles à calculer. Elles correspondent simplement au nombre total des biomorphes de l'espace. Comme on le voit, nous nous embarquons encore dans un calcul astronomique. Il y a neuf gènes, et chacun d'eux peut prendre une valeur quelconque prise sur 19. Donc le nombre total de biomorphes qu'on pourrait atteindre d'un simple bond est 19 multiplié 9 fois par lui-même : 19 puissance 9 ( $19^9$ ). Ce qui fait environ 500 milliards ( $5 \times 10^{11}$ ). C'est léger par rapport au « chiffre de l'hémoglobine » d'Asimov, mais c'est encore ce que j'appellerai un grand nombre. Si l'on commençait à partir de l'insecte et qu'on

saute 500 milliards de fois comme une puce enragée, on pourrait s'attendre à arriver une fois jusqu'au renard.

Qu'est-ce que cela nous enseigne à propos de l'évolution réelle? Une fois de plus, cela insiste sur l'importance d'un changement étape par étape, mais graduel. Il y a eu des évolutionnistes pour nier qu'un gradualisme de ce type soit indispensable à l'évolution. Notre calcul sur les biomorphes nous montre exactement l'une des raisons de l'importance du changement graduel, étape par étape. Lorsque je dis que l'on peut s'attendre à ce que l'évolution saute de l'insecte à l'un de ses voisins immédiats, mais pas directement de l'insecte au renard et au scorpion, le sens exact de ma pensée est le suivant. S'il se produisait des sauts authentiquement aléatoires, alors il serait parfaitement possible de sauter de l'insecte au scorpion. Et, de fait, ce serait tout aussi probable que de pouvoir sauter de l'insecte à l'un de ses voisins immédiats. Mais ce serait tout aussi probable que de pouvoir aboutir d'un seul bond à n'importe quelle créature de Biomorphie. Et c'est là que le bât blesse! Car le nombre des biomorphes est de 500 milliards, et si aucun d'entre eux n'a plus de chances qu'un autre d'être une destination, la probabilité de passer en un seul bond à n'importe quel biomorphe bien précis est tellement faible qu'elle en est négligeable.

Remarquez qu'il ne nous sert à rien de présupposer l'existence d'une puissante « pression sélective » non aléatoire. Il n'y aurait rien de changé si on vous avait promis en récompense la rançon d'un prince si vous aviez la bonne fortune de tomber d'un seul bond sur le scorpion. Vos chances de réussite seraient toujours de un sur 500 milliards ( $2 \times 10^{-12}$ ). Mais si vous marchiez au lieu de sauter, un pas à la fois, et qu'on vous donne une piécette comme récompense toutes les fois qu'il vous arriverait de prendre la bonne direction, vous atteindriez le scorpion très rapidement. Pas obligatoirement dans le temps idéal de 30 générations, mais très vite quand même. Sauter pourrait théoriquement, mais théoriquement seulement, vous permettre de gagner le gros lot plus rapidement — en un seul bond. Mais, vu l'improbabilité astronomique d'une réussite, une série de petits pas dont chacun tient compte du succès accumulé des précédents est la seule méthode valable.

Le ton du paragraphe précédent peut susciter un malentendu qu'il me faut dissiper. Une fois de plus, on a l'impression que l'évolution vise des objectifs lointains et se dirige, par exemple, vers des scorpions. Comme nous l'avons vu, ce n'est jamais le cas. Mais si nous envisageons notre objectif comme « tout ce qui pourrait améliorer les chances de survie », l'argument est encore valable. Si

un animal est un géniteur, il faut qu'il soit assez efficace pour survivre au moins jusqu'à l'âge adulte. Il est possible qu'un enfant mutant de ce géniteur puisse réussir encore mieux à survivre. Mais si un enfant a subi une mutation si importante qu'il se soit éloigné très sensiblement de ses parents dans l'espace génétique, quelles sont les chances qu'il a d'être plus efficace que ses parents? La réponse est que ces chances sont en fait très faibles. Et la raison en est celle que nous venons de voir avec notre modèle à base de biomorphes. Si le saut mutationnel que nous envisageons est très important, le nombre de destinations possibles de ce saut est d'une ampleur astronomique. Et parce que, comme nous l'avons vu au chapitre 1, le nombre de manières différentes d'être mort est considérablement plus élevé que le nombre de manières d'être en vie, il y a de très fortes chances qu'un saut aléatoire dans l'espace génétique aboutisse à la mort. Même un petit saut aléatoire dans l'espace génétique aboutit très vraisemblablement à la mort. Mais plus le saut est petit, moins la mort est probable, et plus le saut a des chances de résulter en une amélioration. Nous reviendrons à ce sujet dans un chapitre ultérieur.

J'estime avoir tiré suffisamment de leçons de ce voyage en Biomorphie. J'espère que vous ne l'avez pas trouvé trop abstrait. Il existe un autre espace mathématique rempli non pas de biomorphes à neuf gènes mais d'animaux de chair et de sang faits de milliards de cellules, dont chacune contient des dizaines de milliers de gènes. Ce n'est pas l'espace biomorphique mais le véritable espace génétique. Tous les animaux réels qui ont jamais vécu sur terre ne sont qu'un minuscule sous-ensemble des animaux qui pourraient théoriquement exister. Ces animaux réels sont les produits d'un tout petit nombre de trajectoires évolutives dans l'espace génétique. L'immense majorité des trajectoires théoriques dans l'espace animal donne naissance à des monstres impossibles. Les animaux réels sont dispersés ça et là au milieu des monstres hypothétiques, chacun perché à sa propre place unique dans l'hyperespace génétique. Chaque animal réel est entouré d'un petit amas de voisins dont la plupart n'ont jamais existé mais dont quelques-uns sont ses ancêtres, ses descendants et ses cousins.

Perchés quelque part dans cet immense espace mathématique il y a les humains et les hyènes, les amibes et les oryctéropes, les plathelminthes et les poulpes, les dodos et les dinosaures. En théorie, si nous étions assez qualifiés en ingénierie génétique, nous pourrions aller d'un point quelconque de l'espace animal à n'importe quel autre point. A partir d'un point de départ quelconque nous pourrions traverser le labyrinthe de manière à recréer le dodo, le tyrannosaure

et les trilobites. Si seulement nous savions quels gènes manipuler, quels morceaux de chromosome dupliquer, inverser ou supprimer. Je doute que nous en sachions jamais assez pour le faire, mais ces chères créatures mortes sont tapies pour l'éternité dans leurs repaires au sein de cet immense hypervolume génétique, en attendant qu'on les y trouve si seulement nous pouvions naviguer en suivant le bon cap dans ce dédale. Nous pourrions peut-être même obtenir par évolution la reconstruction exacte d'un dodo par l'élevage sélectif des pigeons, même s'il nous faudrait vivre un million d'années pour arriver au terme de l'expérience. Mais lorsque la réalité nous empêche de faire un voyage, l'imagination n'est pas un mauvais substitut. Pour ceux qui, comme moi, ne sont pas mathématiciens, l'ordinateur peut être un allié puissant de l'imagination. Comme les mathématiques, il ne se contente pas de repousser les frontières de l'imagination. Il la discipline et la contrôle aussi.

## 4

## TRAJECTOIRES DANS L'ESPACE ANIMAL

Comme nous l'avons vu au chapitre 2, beaucoup de gens ont du mal à croire qu'un organe comme l'œil, l'exemple favori de Paley, aussi complexe et aussi bien conçu, avec autant d'éléments fonctionnels imbriqués, puisse s'être développé, étape par étape, à partir d'humbles débuts, par une série graduelle de modifications. Revenons à ce problème à la lumière des nouvelles intuitions que les biomorphes ont pu nous donner. Répondons aux deux questions suivantes :

1. L'œil humain aurait-il pu naître à partir de rien, d'un seul coup?
2. L'œil humain aurait-il pu naître à partir de quelque chose de légèrement différent, que nous appellerions X?

La réponse à la question 1 est un « non » clair et net. L'improbabilité d'une réponse positive à la question 1 est des milliards de fois plus grande que le nombre total d'atomes de l'univers. Il faudrait un saut gigantesque et infiniment hypothétique dans l'hyperespace génétique. La réponse à la question 2 est un « oui » tout aussi net, à la seule condition que la différence entre l'œil moderne et son prédécesseur immédiat X soit suffisamment petite. A condition, en d'autres termes, qu'ils soient suffisamment proches l'un de l'autre dans l'espace de toutes les structures possibles. Si la réponse à la question 2 pour un degré de différence donnée est « non », nous n'avons qu'à répéter la question pour un degré de différence moins élevé. Nous poursuivons cette démarche jusqu'à ce que nous trouvions un degré de différence suffisamment faible pour donner une réponse positive à la question 2.