

Table des matières

Les rétrovirus endogènes dans votre génome montrent des ancêtres communs avec les primates 3

Sommaire 3

Introduction aux rétrovirus endogènes 3

Où dans le génome les rétrovirus s'insèrent-ils? 5

Effets des insertions d'ADN rétroviral sur la fonction génétique humaine 6

Comparaison des emplacements ERV humains et chimpanzés 7

Hiéarchies imbriquées des ERV: plus de preuves d'une ascendance commune 9

Implications théologiques des rétrovirus endogènes 9

NOTES FINALES 13

Titre original : **Endogenous Retroviruses in Your Genome Show Common Ancestry with Primates**

Texte : Scott Buchanan

Date : 7 novembre 2015

La page originale disponible à l'adresse :

<https://letterstocreationists.wordpress.com/2015/11/07/endogenous-retroviruses-in-your-genome-show-common-ancestry-with-primates/>

N.B. : Les extraits de la Bible NIV ([New International Version](#)) en version anglaise ont été remplacés par la traduction LSG (Louis Segon, traduction française classique ¹⁾ publiée en 1910 par l'[Alliance Biblique Universelle](#).)

Les rétrovirus endogènes dans votre génome montrent des ancêtres communs avec les primates

Sommaire

Les rétrovirus sont une classe de virus bien connue. Les rétrovirus fonctionnent en insérant leur matériel génétique dans l'ADN d'une cellule. L'ADN inséré prend le contrôle de la machinerie de la cellule et la force à faire des copies du virus.

Ce matériel génétique inséré est très spécifique. Il comprend de l'ADN qui code pour des protéines qui forment la structure du virus et l'ADN qui code pour l'enzyme qui accomplit les insertions génétiques; de longues sections de répétition terminale (long terminal repeat - LTR) sont insérées des deux côtés de l'ADN codant.

Parfois, un rétrovirus insère sa charge génétique dans l'ADN d'une cellule de «lignée germinale», c'est-à-dire un ovule ou un spermatozoïde, ou une cellule qui produit un ovule ou un sperme. Cela signifie que chaque descendant, génération après génération, aura ce matériel génétique de ce rétrovirus particulier, à cet endroit particulier de son génome. Un rétrovirus qui est transmis ainsi à partir du génome des parents sera présent dans l'ADN de chaque cellule du corps et est appelé «rétrovirus endogène», ou ERV.

Au moins 275 ERV entiers peuvent être observés dans le génome humain. Ceux-ci possèdent tous les morceaux de matériel génétique décrits ci-dessus (ADN codant viral, LTR, etc.), il est donc clair qu'il s'agit de véritables insertions par des rétrovirus à un moment donné dans l'ascendance d' Homo sapiens. De plus, il y a plus de 100 000 autres séquences dans le génome qui sont des portions d'ERV répliqués. Chacun de ces ERV se trouve à un endroit particulier du génome.

Les chimpanzés ont également plus de 100 000 ERV (complets et partiels), toujours à la suite d'insertions rétrovirales à un moment donné de leur ascendance. Sur ces 100 000 ERV et plus, plus de 99,9% se trouvent au même endroit dans le génome des chimpanzés que dans le génome humain. Cela démontre que les humains et les chimpanzés descendent d'une espèce ancestrale commune, qui avait ces ERV à ces endroits précis dans son génome.

Introduction aux rétrovirus endogènes

Les progrès de la technologie biochimique depuis 2000 nous ont permis de déterminer les séquences d'ADN complètes pour les humains et les autres animaux. Cette nouvelle information a éclairé notre histoire évolutive. Un certain nombre de modèles de notre ADN sont cohérents avec une ascendance commune des humains et

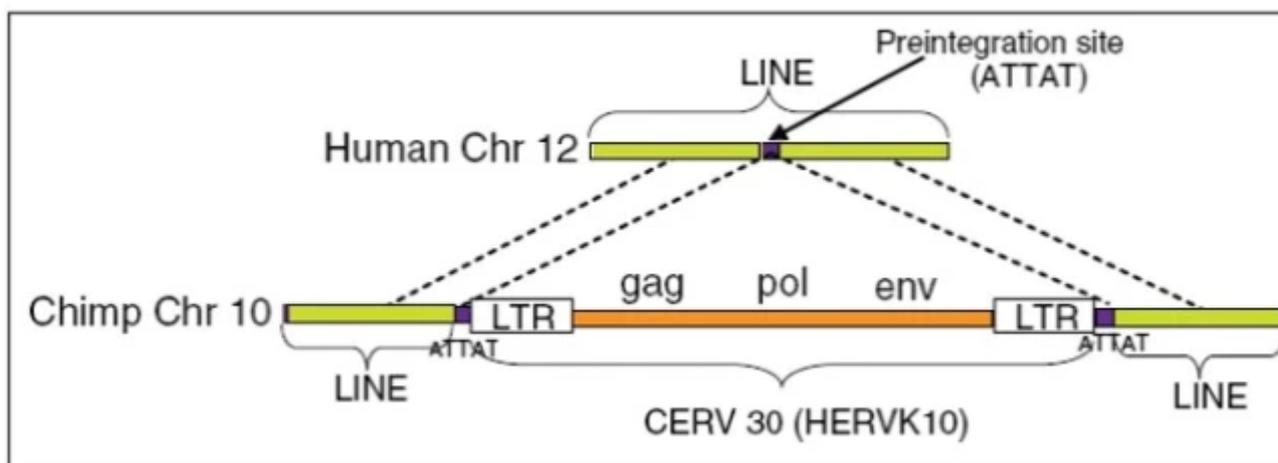
d'autres primates.

L'une de ces caractéristiques génétiques est la distribution des rétrovirus endogènes (ERV) dans nos génomes. Comme la plupart des lecteurs le savent, les virus agissent en introduisant leur ARN ou ADN dans une cellule hôte et en détournant la machinerie génétique de la cellule hôte pour commencer à faire plus de copies du virus. Certains virus, appelés «rétrovirus», le font en faisant transcrire leur ARN en ADN, qui est ensuite inséré dans le génome d'ADN de la cellule. (D'où le «rétro», car normalement dans une cellule, l'ADN est transcrit en ARN, et non l'inverse). Le virus VIH qui cause le SIDA est un exemple de rétrovirus. Une fois que l'ADN du virus a été intégré dans l'ADN de l'hôte, le génome viral est connu sous le nom de rétrovirus prototype, ou provirus.

Un virus peut finir par tuer son hôte ou causer peu de dégâts. Divers types de cellules dans le corps d'un animal peuvent être infectés par des virus. La plupart d'entre nous ont déjà souffert de rhume, où le virus se développe dans les cellules qui tapissent les voies respiratoires. Dans certains cas, un virus peut infecter une cellule de la «lignée germinale». Les cellules de la lignée germinale comprennent l'ovule et le sperme, ainsi que les cellules qui produisent l'ovule et le sperme. Si un rétrovirus insère son code génétique dans une cellule germinale d'un animal, cet ADN viral sera alors transmis à tous les descendants de cet animal, apparaissant comme un rétrovirus «endogène» (ERV) dans leurs génomes.

Si cet animal se trouvait être un ancêtre commun à deux ou plusieurs espèces futures, toutes ces espèces montreraient cet ERV au même endroit dans leur génome, c'est-à-dire dans des emplacements orthologues (homologues). Les génomes mutent au fil du temps, et parfois des morceaux entiers d'ADN sont déplacés, mais il y a généralement suffisamment de contexte génétique pour déterminer si un emplacement est homologue parmi les différents primates. Les ERV eux-mêmes accumulent des mutations qui les rendent non infectieux et dégradent davantage leurs séquences avec le temps. Néanmoins, des milliers de ERV conservent suffisamment d'identité génétique pour être clairement identifiés dans le génome humain. La signature génétique d'un rétrovirus dans le génome est très distinctive. Les ERV ont des caractéristiques communes telles que les gènes qui codent pour la protéine d'enveloppe virale et pour la transcriptase inverse qui copie le génome de l'ARN viral en ADN. L'ADN ERV code pour trois groupes de protéines, appelés « gag » (matrice, capsid, nucléoprotéines), « pol » (protéase, transcriptase inverse, RNaseH, dUTPase, intégrase) et « env » (sous-unité et transmembranaire). Ce noyau génétique est flanqué de longues sections de répétitions terminales (LTR). Enfin, lorsque le rétrovirus coupe le génome de l'hôte pour l'insertion, une partie de l'ADN de l'hôte d'origine coupé est recopiée de chaque côté de l'insert viral.

Voici à quoi ressemble tout cela pour l'insertion d'un rétrovirus particulier de la famille CERV 30 dans le génome du chimpanzé:



[...] Insertion d'un membre de la famille CERV 30 (HERVK10) chez les chimpanzés. L'insertion s'est produite dans l'élément LINE présent dans le chromosome 10 du génome du chimpanzé. L'élément orthologue LINE est présent dans le chromosome 12 chez l'homme. Chez les chimpanzés, des duplications de sites cibles (ATTAT) sont identifiées. Une seule copie de TSD (ATTAT, le site de pré-intégration) se trouve à l'intérieur de l'élément LINE chez l'homme. Les LTR de l'élément sont identiques à 99,4%.

Source: Nalini Polavarapu, Nathan J Bowen, and John F McDonald, Identification, characterization and comparative genomics of chimpanzee endogenous retroviruses, *Genome Biol.* 2006; 7(6): R51
<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC1779541/>

Il s'agit d'un ERV qui se trouve chez les chimpanzés, et non présent dans le génome humain à cet endroit. Dans la zone correspondante dans le génome humain, il y a cette séquence de bases d'ADN: ATTAT. Dans le génome du chimpanzé, cette séquence au point d'insertion s'est dupliquée de chaque côté de l'ERV, comme discuté ci-dessus. L'ERV montre les caractéristiques habituelles des gènes gag, pol et env, avec les LTR aux extrémités. Plus de détails sur l'insertion rétrovirale sont disponibles [ici](#).

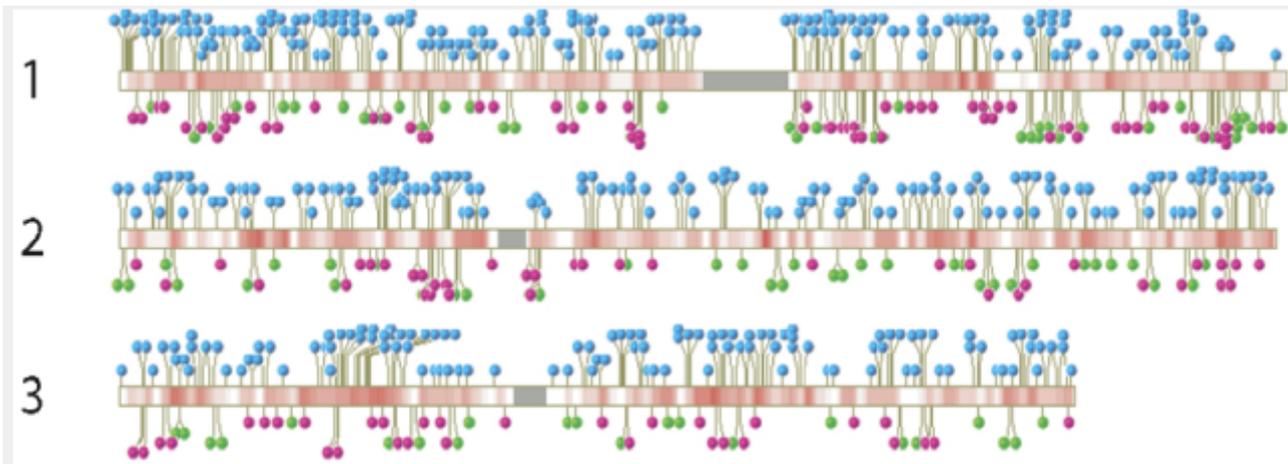
Ces caractéristiques distinctes rendent relativement simple la recherche dans la séquence du génome humain et l'identification des ERV. Au moins 275 ERV entiers peuvent être observés. Ces ERV sont des arrivées relativement récentes (par exemple les dix derniers millions d'années) dans les génomes des primates. Les ERV plus anciens ont tendance à être hachés par le brassage habituel des génomes au fil du temps. Environ 200 000 entités de l'ADN humain, constituant 8% du génome, ont été identifiées comme étant des ERV ou des morceaux d'ERV. La plupart de ces éléments sont des copies répliquées d'ERV qui ont été initialement insérés dans le génome de nombreuses générations plus tôt. La plupart de ces blocs sont des LTR solitaires [cf. [Lander et coll.](#) (2001) et [Seifarth, et al.](#) (2005)], plutôt que des ERV complets.

Tous les ERV humains sauf un se retrouvent chez tous les humains, ce qui indique qu'ils sont entrés dans le génome humain ancestral avant que *Homo sapiens* ne devienne une espèce distincte. L'exception est dans la famille HERV-K (HML2). En examinant l'ADN d'un ensemble diversifié de personnes, [Belshaw et al.](#) ont identifié 113 éléments de la famille HERV-K (HML2) dans le génome humain. La plupart de ces éléments sont présents chez tout le monde. Cependant, au moins 8, et peut-être 11, de ces éléments sont polymorphes par insertion - certains individus humains ont une insertion tandis que d'autres individus ont leur site de pré-insertion vide. Cela montre que cette famille de virus a été transcriptionnellement active après l'apparition de la race humaine.

Où dans le génome les rétrovirus s'insèrent-ils?

Le génome humain contient quelque trois milliards de paires de bases, mais chacun de ces sites n'est pas également susceptible d'être le lieu où un rétrovirus s'insère. Par exemple, [Mitchell et al.](#) (2004) ont identifié des sites d'insertion dans le génome humain pour trois rétrovirus différents: le virus de l'immunodéficience humaine (VIH), le virus de la leucose du sarcome aviaire (ASLV) et le virus de la leucémie murine (MuLV). Ils ont examiné un total d'analyse de 3 127 sites d'intégration. Certains types d'emplacements préférés ont été observés. Le VIH avait tendance à s'insérer dans les régions riches en gènes, le MLV favorisait l'intégration près des débuts de transcription, tandis que l'ASLV ne montrait qu'une faible préférence pour les gènes actifs.

Il convient de noter que ces préférences pour les types de régions ne signifient pas qu'un virus spécifique favorise l'insertion dans un endroit particulier du génome. Pour chaque virus, il existe plusieurs milliers de sites sur lesquels il pourrait s'insérer. La figure ci-dessous montre où ces trois virus se sont insérés sur les trois premiers des 23 chromosomes humains. Les «bâtonnets» bleus sont le VIH, les violets sont les MuLV et les verts sont les ASLV. Ces insertions sont largement réparties sur les chromosomes (y compris les 20 autres chromosomes), plutôt que d'être focalisées dans un seul endroit ou dans quelques régions.



Relation entre les sites d'intégration et l'intensité transcriptionnelle dans le génome humain pour trois rétrovirus sur trois chromosomes.

Les trois chromosomes humains sont numérotés 1, 2 et 3. Les sites d'intégration du VIH de tous les ensembles de données du tableau 1 sont représentés par des «bâtonnets» bleus; Les sites d'intégration MLV sont présentés en violets; et les sites d'intégration ASLV sont affichés en vert. L'activité transcriptionnelle est indiquée par l'ombrage rouge sur chacun des chromosomes... Les centromères, qui sont pour la plupart non séquencés, sont représentés par des rectangles gris.

Source: Adapté de Mitchell RS, Beitzel BF, Schroder ARW, Shinn P, Chen H, Berry CC, et al. (2004) Retroviral DNA Integration: ASLV, HIV, and MLV Show Distinct Target Site Preferences. PLoS Biol 2(8): e234 <http://journals.plos.org/plosbiology/article?id=10.1371/journal.pbio.0020234>

Ce ne sont pas les seuls sites d'insertion possibles pour ces virus, mais juste les emplacements qui sont apparus dans cette étude limitée. Une étude plus détaillée de Wang et al a cartographié 40 569 sites uniques d'intégration du VIH dans le génome humain. Ainsi, bien que les insertions d'ERV ne soient pas également probables sur les trois milliards de sites du génome, elles peuvent être caractérisées comme quasi-aléatoires, puisqu'un rétrovirus donné s'insérera essentiellement de manière aléatoire dans l'un des milliers d'emplacements d'intégration potentiels.

Effets des insertions d'ADN rétroviral sur la fonction génétique humaine

L'ADN associé aux rétrovirus était au début du matériel génétique fonctionnel, y compris les gènes gag , pol et env codant pour les protéines, et les LTR, riches en promoteurs, sites de liaison aux facteurs de transcription et ARN non codants. Comme ces morceaux d'ADN sont insérés à divers endroits du génome humain, ils peuvent avoir divers effets sur le métabolisme humain [1]. Certains de ces effets sont négatifs et d'autres positifs.

Le génome humain est modérément tolérant aux mutations. A chaque génération, nous héritons d'environ 50 nouvelles mutations par rapport à l'ADN de nos parents, distinctes du réarrangement allélique habituel. Si une génération dure environ 30 ans, par rapport aux personnes d'il y a 3000 ans, chacun de nous porte environ 5000 mutations de notre ADN. Souvent, ces mutations sont fatales. Environ 40% des ovules fécondés finissent par être ne sont pas viables, en partie à cause de défauts génétiques. Parmi les bébés qui survivent jusqu'à la naissance, environ 3% souffrent de troubles génétiques tels qu'une cardiopathie congénitale. Cependant, le reste d'entre nous se porte assez bien, et tout le brassage génétique produit parfois un génie comme Einstein, ou un gène modifié qui donne une résistance aux maladies cardiovasculaires .

Si l'insertion d'un rétrovirus à un endroit particulier du génome d'un humain donnait un très mauvais effet, cet humain mourrait sans se reproduire, et ce génome particulier ne serait pas conservé. Cependant, les effets d'ERV sont parfois modérément mauvais, produisant des troubles qui ne sont pas immédiatement mortels. Par exemple, les ERV chez les humains ont été liés à un certain nombre de cancers, y compris le lymphome de Hodgkin, le mélanome et le cancer de la vessie et du sein. Les ERV sont également impliqués dans un certain

nombre de maladies auto-immunes, telles que la polyarthrite rhumatoïde et le lupus. (Pour plus d'informations, voir Katoh et Kurata, « [Association of Endogenous Retroviruses and Long Terminal Repeats with Human Disorders](#) », 2013).

Du bon côté, les protéines exprimées à partir des gènes *env* de plusieurs rétrovirus intégrés dans le génome humain contribuent au développement du placenta. Barry Desborough [explique](#) comment la fonction de ces gènes dans le génome humain est similaire à la fonction de ces gènes dans le rétrovirus natif.

En outre, de nombreux LTR ont conservé une activité de régulation et ont atterri à proximité de gènes où ils peuvent influencer l'expression de protéines à partir de ces gènes. [Il a été démontré que plus de 100 LTR aident à contrôler la transcription des gènes humains](#), et plusieurs milliers d'autres LTR pourraient également avoir cette fonction. Les ERV et autres éléments transposables sont connus pour jouer un rôle dans l'organisation tridimensionnelle du génome en fonctionnant comme des «ancres» qui servent à isoler des régions de transcription active et en modifiant la structure de la chromatine. [2]

Les fonctions originelles de réplication virale des ERV trouvés chez l'homme ont été désactivées par des mutations. Les fonctionnalités actuellement observées pour les ERV humains sont en général ce que l'on attendrait pour quelque 200 000 insertions quasi-aléatoires de morceaux d'ADN dans le génome sur des dizaines de millions d'années: la plupart des ERV n'ont pas d'effet connu, certains provoquent des troubles génétiques, et d'autres ont des interactions utiles avec le reste du génome.

Les créationnistes jeune-terre (Young Earth - (YE) soulignent ces exemples de fonctionnalité comme la preuve que les ERV ont été délibérément placés dans le génome par Dieu quand Il a créé les premiers humains il y a quelques milliers d'années. Cependant, les ERV portent toutes les marques d'être issus de virus fonctionnels. Pour de nombreux ERV, on peut reconnaître tout ou presque tous les composants d'un rétrovirus (gènes viraux *gag* , *pol* , *env* , coupes LTR, etc.), qui auraient la capacité de s'intégrer dans le génome s'ils n'avaient pas été désactivés par des mutations supplémentaires. Même les simples LTR sont distinctifs.

Un autre signe que les ERV étaient de véritables insertions est la duplication [de certains ADN d'origine de chaque côté de l'ERV](#) , comme indiqué ci-dessus:

La caractéristique d'une insertion est un déplacement de l'ADN chromosomique, et la caractéristique de l'insertion par l'intégrase est la présence d'une duplication du site cible, en raison de la façon dont elle attaque les liaisons phosphodiester 5 'et 3' avec un décalage de quelques paires de bases. Étant donné que les ERV entiers sont accompagnés de duplications de sites cibles et de déplacements d'ADN, ils sont nécessairement des insertions provirales endogénéisées/fixées. Ainsi, tous les composants fonctionnels sont nécessairement des exaptations post-insertion, et le fait qu'ils soient nécessairement insérés signifie qu'ils ne peuvent faire partie d'aucune «conception originale». La question de la fonctionnalité est tout simplement un faux-fuyant.

De plus, si les rétrovirus endogènes étaient des parties de l'ADN d'Adam divinement créées , tous les humains posséderaient le même ensemble de ERV. Mais HERV-K montre que ce n'est pas le cas: pour plusieurs instances de cette famille ERV, certaines personnes les ont dans leur génome, et certaines ont leur site de pré-insertion vide. Cela montre que les rétrovirus sont en fait insérés dans les génomes humains pour former des ERV.

Comparaison des emplacements ERV humains et chimpanzés

Les premières ébauches du génome humain complet ont été publiées en 2001. Cette réalisation a été suivie par le séquençage de l'ADN d'autres animaux, y compris des chimpanzés. On pense que les humains et les chimpanzés ont divergé d'un ancêtre commun il y a environ 6 millions d'années.

Comme discuté dans [Trois couches de preuves rétrovirales endogènes pour le modèle évolutif](#) , il existe deux grandes approches pour comparer les génomes de deux espèces différentes. L'une consiste à examiner les variations d'insertions et de délétions («indels»), tandis que l'autre consiste à analyser l'ensemble du génome. L'article «Three Layers» décrit ces analyses plus en détail. Les conclusions des deux approches sont les mêmes: «Moins de 100 ERV sont spécifiques à l'homme et moins de 300 ERV sont spécifiques aux chimpanzés.» Ainsi, sur quelque 200 000 ERV dans le génome humain, «le pourcentage d'ERV dans des locus identiques est

supérieur à 99,9%.» En d'autres termes, presque tous les milliers de ERV dans le génome humain se trouvent aux mêmes endroits dans le génome du chimpanzé.

Pour évaluer les implications de cela, commençons par considérer un cas très simple, où une seule insertion ERV a été trouvée chez les humains et les chimpanzés. Supposons en outre que ce rétrovirus particulier que nous appellerons rétrovirus A puisse s'insérer au hasard dans l'un quelconque des 10 000 emplacements dans le génome humain, et également aux mêmes 10 000 emplacements dans les chromosomes correspondants des chimpanzés. Si le rétrovirus A s'intégrait dans le génome d'un chimpanzé ancestral, et dans un événement d'infection séparé également endogénéisé dans l'ADN d'un humain ancestral, il y aurait 0,01% (1/10 000) de chance que le ERV A résultant soit trouvé dans au même endroit dans les deux espèces.

Maintenant, étendons cette expérience de pensée à deux ERV partagés. Si les deux espèces étaient indépendamment infectées par le rétrovirus B ainsi que par le rétrovirus A, la probabilité n'est que de 1/100 000 000 que le virus B, ainsi que le virus A, se retrouvent dans des sites correspondants chez l'homme et chez les chimpanzés. Cela constituerait une preuve très forte que ces ERV ne sont pas arrivés à leur emplacement par des événements d'infection aléatoires et indépendants chez l'homme et chez les chimpanzés. Une explication plus raisonnable est que les humains et les chimpanzés descendent tous deux d'un ancêtre commun, dont le génome a subi l'insertion de ces deux virus à ces deux endroits.

Locations of specific endogenized viruses A, B, C, D, E, etc. in human and chimpanzee genomes

HUMAN GENOME



CHIMPANZEE GENOME



Passant maintenant à la situation réelle : il y a au moins 100 000 insertions ERV trouvées aux mêmes endroits chez les humains et chez les chimpanzés. Un schéma du modèle de telles insertions (virus A, B, C, D, etc. etc.) est montré ci-dessus. Il n'y a pratiquement aucune chance que tous ces points d'insertion identiques aient pu se produire par des événements d'insertion indépendants dans les deux lignées. Encore une fois, cela montre que ces insertions se sont produites chez des ancêtres communs aux humains et aux chimpanzés.

Il y a quelques exceptions à cette co-localisation des ERV humains et chimpanzés, c'est-à-dire qu'il existe quelques familles de ERV qui apparaissent dans une espèce mais pas dans l'autre. Par exemple, sur 42 familles de ERV chez les chimpanzés, 40 apparaissent dans les positions orthologues dans le génome humain et 2 non. (Polavarapu, et al., 2006). Il faut s'y attendre, car les lignées humaines et chimpanzés ont divergé il y a environ 6 millions d'années. C'est suffisamment de temps pour que quelques nouvelles familles de ERV soient introduites indépendamment aux humains et aux chimpanzés, ou pour que certains ERV précédemment partagés soient perdus par les humains ou par les chimpanzés en raison de processus génétiques bien connus tels que la dérive génétique et le tri de lignées incomplet. Toute personne intéressée à comprendre des cas tels

que CERV 1 / PTERV1 peut rechercher sur Google le sujet pour trouver des explications scientifiques valables sur ces problèmes.

Les créationnistes YE, bien sûr, essaient de monter des objections à la science décrite ici. Cet article a répondu à certaines des objections les plus courantes. [Barry Desborough](#) a répondu à des questions supplémentaires.

Hiérarchies imbriquées des ERV: plus de preuves d'une ascendance commune

Si tous les mammifères d'aujourd'hui ont évolué via un arbre généalogique ramifié à partir d'une population ancestrale commune, nous nous attendrions à trouver que les espèces qui sont plus étroitement apparentées partageraient plus de caractéristiques génétiques de toutes sortes. Cette exigence de hiérarchies imbriquées est un test mathématiquement rigoureux pour l'évolution. Je n'entrerai pas dans les détails ici, mais ces modèles apparaissent avec les ERV, comme discuté dans [Three Layers of Endogenous Retroviral Evidence for the Evolutionary Model](#), et aussi chez [VWXYZNot](#).

Implications théologiques des rétrovirus endogènes

La distribution des ERV dans les génomes humains et chimpanzés est une preuve puissante d'ascendance commune et de macroévolution. Comme décrit dans [Le Pape parle de la création et de l'évolution](#), l'Église catholique romaine a largement fait la paix avec l'évolution, tout comme les protestants libéraux. Les protestants évangéliques les plus conservateurs ont une haute vision de la Bible comme révélation digne de confiance et d'inspiration divine. Il se trouve que je partage cette vision des Écritures. Cependant, c'est une chose d'affirmer la Bible comme infaillible, et c'est une chose tout à fait différente de prétendre que toute interprétation particulière de cette Bible est infaillible.

Un peu de réflexion montrera que même dans le monde des protestants croyant en la Bible, il existe de nombreux points de doctrine qui font l'objet d'intenses désaccords. À titre d'exemple, les chrétiens pentecôtistes affirment que les dons spirituels comme la prophétie et la prière en «langues» sont censés continuer dans l'église aujourd'hui, tandis que les cessationalistes comme John MacArthur dénoncent ces pratiques comme blasphémant le Saint-Esprit. Les deux côtés affirment que l'Écriture est de leur côté. Ces désaccords montrent qu'il est possible pour des croyants pieux ayant le plus grand respect possible pour la Bible d'avoir des désaccords fondamentaux dans leurs interprétations de cette Bible.

Malheureusement, de nombreux évangéliques d'Amérique du Nord confondent leur interprétation de la révélation de Dieu avec la révélation elle-même. Tel est le cas du créationnisme Jeune -Terre (YEC). Ces gens soutiennent que le seul traitement viable du récit de la création de la Genèse est un littéralisme strict. Ainsi, le monde a été créé en six jours de 24 heures il y a environ six mille ans, et Adam et Eve ont été spécialement créés, pas évolués à partir d'autres primates. Ce point de vue est promulgué par des organisations telles que Answers in Genesis.

Deux erreurs clés dans le créationnisme de la Jeune Terre

Le créationnisme YEC se trompe de plusieurs manières. Premièrement, il ne tient pas compte de l'utilisation omniprésente de la révélation figurative dans toute la Bible. Dans l'Ancien Testament et dans le livre de l'Apocalypse, la communication divine était souvent donnée sous une forme indirecte, une image ou un récit qui à la fois cachait et révélait la vérité sous-jacente. Le prophète de Rois-I 20 confrontant le roi Achab et le prophète Nathan au roi David ont tous deux commencé par raconter une histoire qui ne s'est pas littéralement produite comme si elle était vraie. Si l'on avait adopté une approche littéraliste de l'interprétation comme les créationnistes YEC d'aujourd'hui, ces deux prophètes auraient dû être réprimandés pour avoir dit «erreur». Mais faire ainsi serait passer complètement à côté du but de ces récits.

De même, raconter des histoires qui n'étaient pas littéralement vraies était le principal moyen d'enseignement de Jésus-Christ: «Il ne leur a rien dit sans utiliser une parabole.» Pour la plupart des paraboles de Jésus, l'auditeur devrait comprendre que l'histoire n'est pas vraiment au *sujet* d'un fils qui s'est enfui et a nourri des

porcs ou sur certains malheureux voyageur qui se sont fait agresser sur le chemin de Jéricho. L'auditeur a besoin d'entrer dans l'histoire et de voir qu'il ou elle est représenté par un ou plusieurs de ses personnages; c'était le but de la parabole, non pas si l'histoire elle-même s'est réellement produite. Mais tout cela est perdu pour les créationnistes YEC, qui tiennent obstinément au simple littéralisme dans la Genèse comme étant intrinsèquement plus pieux.

Une deuxième erreur théologique majeure dans le créationnisme YE est son refus de prendre au sérieux les preuves de la création de Dieu. Le créationnisme YE moderne découle de la publication de *The Genesis Flood* par Whitcomb et Morris en 1961. Dans la préface de la sixième impression, Whitcomb et Morris révèlent franchement la base de leur réflexion:

Nous croyons que la Bible, en tant que Parole de Dieu inspirée verbalement et complètement infaillible, nous donne un véritable cadre d'interprétation historique et scientifique, ainsi que de la soi-disant vérité religieuse. Ce cadre est celui d'une création spéciale de toutes choses, complète et parfaite au début, suivie de l'introduction d'un principe universel de décomposition et de mort dans le monde après le péché de l'homme, aboutissant à une destruction cataclysmique mondiale du «monde qui était alors » Par le déluge de la Genèse. Nous prenons ce cadre révélé de l'histoire comme notre donnée de base, puis essayons de voir comment toutes les données pertinentes peuvent être comprises dans ce contexte ... le vrai problème n'est pas l'exactitude de l'interprétation de divers détails des données géologiques, mais simplement ce que Dieu a révélé dans Sa Parole sur ces questions.

Selon ce discours, les auteurs SAVENT que la terre a été récemment créée, que la décomposition et la mort ne sont entrées dans le monde qu'après la pomme d'Adam, et toute la vie terrestre a été noyée en dehors des humains et des animaux sur l'arche de Noé. Sachant que c'est le cas, ils se sentent justifiés de déformer ou d'ignorer toute preuve physique indiquant une vieille terre - ils savent que les preuves de la vieille terre DOIVENT être invalides, alors ils essaient de l'écraser avec leur modèle de la jeune terre, et quand cela échoue, l'ignorent simplement: « *Nous prenons ce cadre révélé de l'histoire comme notre donnée de base, puis essayons de voir comment toutes les données pertinentes peuvent être comprises dans ce contexte.* »

Comme discuté dans [Exposing the Roots of Young Earth Creationism](#), cette sorte de solipsisme va à l'encontre de la pensée protestante historique, qui reconnaissait la valeur de la révélation de Dieu dans ses œuvres ainsi que dans sa parole. Francis Bacon, qui a défini la méthode scientifique moderne, a décrit cette approche en [deux livres](#): « Il y a deux livres devant nous pour étudier, pour éviter que nous ne tombions dans l'erreur; premièrement, le volume des Écritures, qui révèlent la volonté de Dieu; puis le volume des Créatures, qui expriment sa puissance. Dans *The Advancement of Learning* (1605), Bacon a écrit:

Que personne... ne pense ou n'affirme qu'un homme peut chercher trop loin, ou être trop bien éduqué dans le livre de la parole de Dieu, ou dans le livre des œuvres de Dieu, divinité ou philosophie; mais laissons plutôt les hommes tenter un progrès ou une compétence sans fin dans les deux; seulement que les hommes prennent garde qu'ils appliquent les deux à la charité et non à la fanfaronnade; à les utiliser, mais non ostensiblement et encore une fois, qu'ils ne mêlent pas ou ne confondent pas imprudemment ces apprentissages ensemble.

Les penseurs chrétiens du début des années 1800 ont suivi le conseil de Bacon de «ne pas mêler ou confondre imprudemment ces apprentissages». Ainsi, lorsque les preuves physiques de l'âge de la terre contredisaient leur interprétation littérale des Écritures, ils n'ont pas essayé de supprimer ou de déformer ces découvertes. Au contraire, ils ont réalisé que leur interprétation de la Genèse était probablement incorrecte. Comme le [note](#) Davis Young, «parce que les naturalistes chrétiens de l'époque n'avaient pas peur des preuves données par Dieu, ils ont reconnu que les informations extrabibliques offraient une opportunité splendide pour une enquête plus approfondie du texte biblique afin de clarifier les erreurs d'interprétation antérieures».

Le réformateur John Calvin a écrit que dans le récit de la création de la Genèse, Dieu a adapté l'histoire à la compréhension limitée des gens ordinaires, plutôt que de donner un compte scientifiquement précis. «Celui qui apprendrait l'astronomie, et d'autres arts recondensés, laissez-le aller ailleurs» - ce qui signifie que la Bible n'a pas été écrite dans le but de nous parler de l'univers physique. Selon Calvin, la façon de comprendre les étoiles et les planètes d'une manière honorant Dieu était d'aller les étudier scientifiquement, et non de se fier aux inférences des déclarations bibliques.

Dans leur engagement à tort littéral, les créationnistes YE négligent et minimisent ce que la Bible *demande* pour soi-même. L'enseignement le plus clair de la Bible sur la Bible se trouve dans 2 Timothée 3:15-17 : ... *Dès ton enfance, tu connais les saintes lettres, qui peuvent te rendre sage à salut par la foi en Jésus Christ. Toute Écriture est inspirée de Dieu, et utile pour enseigner, pour convaincre, pour corriger, pour instruire dans la justice, afin que l'homme de Dieu soit accompli et propre à toute bonne œuvre.* (LSG)

Le libellé ici est instructif: «sage pour le salut», «foi en Jésus-Christ», «enseigner, pour convaincre, pour corriger, pour instruire dans la justice» Tout est question de doctrine et de morale; rien sur la géologie ou la biologie. Ceux qui essaient d'étendre la portée de l'autorité de la Bible à la géologie et à la biologie pensent qu'ils sont fidèles, mais en fait ils imposent simplement leurs propres opinions faillibles sur la Parole infaillible.

Divers exemples peuvent être donnés qui démontrent que les déclarations bibliques sur le monde physique, qui étaient appropriées et significatives pour le public d'origine, peuvent être incorrectes selon les connaissances modernes. Pour prendre un exemple simple, Jésus a enseigné:

Il dit encore: A quoi comparerons-nous le royaume de Dieu, ou par quelle parabole le représenterons-nous? Il est semblable à un grain de sénevé, qui, lorsqu'on le sème en terre, est la plus petite de toutes les semences qui sont sur la terre; mais, lorsqu'il a été semé, il monte, devient plus grand que tous les légumes, et pousse de grandes branches, en sorte que les oiseaux du ciel peuvent habiter sous son ombre. (Marc 4:30-32 - LSG)

La déclaration littérale ici est que la graine est la «plus petite de toutes les graines sur terre». Jésus parlait ici de façon proverbiale, et la graine de sénevé est utilisée ailleurs (par exemple Matt. 17:20) comme exemple de petitesse. Le contexte est sème et grandit. La graine de sénevé était la plus petite graine que les fermiers juifs du premier siècle semeraient dans la terre, c'était donc un mot approprié pour ce public pour illustrer la croissance du royaume depuis ses tout petits débuts. Cependant, même dans l'ancienne Galilée, les gens étaient probablement familiers avec les graines de plantes non agricoles qui étaient plus petites que les graines de sénevé, et les naturalistes modernes ont trouvé d'autres graines qui sont encore plus petites.

Si un littéraliste de la Bible était vraiment cohérent, il devrait répondre: «Peu m'importe ce que disent ces scientifiques impies, Jésus a dit que la graine de sénevé était la plus petite graine, et c'est tout. C'est la Parole infaillible de Dieu, donc toute déclaration concernant le monde naturel doit être correcte. Ce serait faire la même erreur, bien sûr, que les littéralistes bibliques font avec Genèse 1. La plupart des chrétiens comprennent que cette parabole n'était pas vraiment *destinée* à enseigner des faits horticoles; être obsédé par la question de savoir si Jésus a enseigné ici une «erreur» reviendrait à rater entièrement le point du passage.

Les significations claires et littérales d'un certain nombre de versets représentent une terre immobile et un soleil en mouvement (par exemple «Il a posé la terre sur ses fondations; elle ne peut jamais être déplacée» Ps. 104: 5; «... Le monde est fermement établi; il ne peut pas être mû» I Chron. 16:30; cf. Ésaïe 66: 1, Eccl.1: 5 et Jos. 10:13). Dans les années 1500 et 1600, l'interprétation littérale de ces passages était considérée comme un élément essentiel de la croyance chrétienne. Les théologiens catholiques soutenaient que la seule façon fidèle d'interpréter ces versets était que la terre était en fait stationnaire. Selon le cardinal Roberto Bellarmin (1615), «... affirmer que le soleil est vraiment fixé au centre des cieux et que la terre tourne rapidement autour du soleil est une chose dangereuse, non seulement irritant les théologiens et philosophes, mais blessant notre sainte foi et rendre les Écritures sacrées fausses.»

Voici ce que Jean Calvin dans son sermon sur 1 Corinthiens 10-11 avait à dire à propos de ces personnes monstrueuses, malveillantes et possédées par le diable qui prétendent que la terre «bouge et tourne»:

Nous en verrons qui sont tellement dérangés, non seulement en religion mais qui en toutes choses révèlent leur nature monstrueuse, qu'ils diront que le soleil ne bouge pas, et que c'est la terre qui se déplace et tourne. Quand nous voyons de tels esprits, nous devons en effet confesser que le diable les possède, et que Dieu les place devant nous comme des miroirs, afin de nous garder dans sa peur. Il en est de même de tous ceux qui argumentent par pure méchanceté, et qui font joyeusement preuve de leur imprudence.

C'est le genre d'accusation que les créationnistes YE d'aujourd'hui font contre ceux qui enseignent que l'évolution est compatible avec le christianisme biblique.

Les observations astronomiques ont finalement amené les chrétiens à conclure que les versets qui parlent d'une

terre stationnaire et d'un soleil en mouvement n'étaient pas *destinés* à enseigner des faits astronomiques. De nos jours, presque tous les croyants trouvent des moyens de justifier une interprétation non littérale de ces versets. Mais notez bien, c'est la compréhension scientifique moderne du mouvement planétaire qui a forcé cette réinterprétation. En regardant simplement le texte biblique lui-même, il n'y a pas d'indication claire que tous ces versets n'étaient pas censés être considérés comme des déclarations littérales sur le monde physique.

Ces exemples où le sens clair et littéral des passages de la Bible doit être mis de côté en raison de la science moderne démontrent que Whitcomb et Morris se trompent complètement dans leur affirmation que la Bible nous donne un «vrai cadre d'interprétation scientifique». La Bible ne fait pas cela, n'a jamais prétendu faire cela et ne pourrait pas le faire si c'était un moyen efficace de communication avec un peuple ancien avec une vision du monde pré-scientifique.

Les créationnistes YE tiennent à cet état d'esprit défaillant et sont donc forcés d'ignorer, de nier ou de déformer les faits physiques. J'ai documenté certaines de ces manœuvres dans [Evidences for a Young Earth](#) .

En ce qui concerne les ERV, un regard sur les discussions sur ce sujet sur Internet montre un effort continu de la part des créationnistes YE pour nier l'évidence. Ils affirment que les ERV ne sont pas vraiment des insertions virales, ou que chaque ERV ne peut s'insérer que dans un seul site du génome, et ainsi de suite. Il est fastidieux de repérer toutes les fausses déclarations, je ne le ferai donc pas ici.

Il semble impossible d'amener un créationniste YE à prendre en compte vraiment les preuves, tant qu'il craint que la reconnaissance d'une ascendance commune implique d'abandonner tout ce qui lui est cher. La manière la plus productive d'avancer est pour lui de réexaminer ses hypothèses sur l'interprétation de la Bible. J'ai esquissé ma réconciliation de l'évolution avec les Écritures dans [Evolution and Faith: My Story, Part 2](#). L'article *Biologos* , « [Pourquoi les chrétiens devraient-ils envisager la création évolutionnaire?](#) » comprend un certain nombre de bons liens vers d'autres témoignages et articles sur ce sujet.

Fabriqué à l'image de Dieu

Une des principales préoccupations concernant l'ascendance commune est qu'elle pourrait menacer notre statut de création de Dieu et de porteur de l'image de Dieu. Cela demande une réflexion approfondie et non des déclarations défensives. Les traditionalistes sont offensés à l'idée que nous venons de singes, mais la réalité est encore plus humiliante. Nous ne venons pas de singes, mais d'œufs unicellulaires. Chaque être humain vivant aujourd'hui a vu le jour sous forme d'œuf fécondé, comme un œuf de chimpanzé fécondé, mais avec de légères différences dans les séquences de nucléotides le long des brins d'ADN. Cela soulève une foule de questions:

L'œuf non fécondé (une seule cellule microscopique avec uniquement l'ADN de la mère) est-il à l'image de Dieu? Est-ce que cela devient l'image de Dieu à l'instant où un spermatozoïde délivre l'autre moitié de l'ADN à cette seule cellule? Après que la cellule fécondée se soit divisée plusieurs fois pour former une sphère creuse? Quand le cœur bat pour la première fois, mais il n'y a pas de vraie conscience? À la naissance? Comment la nature d'Adam est-elle transmise? Quels gènes de notre ADN ont été mutés pour faire de nous des pécheurs? Si un ovule d'une mère donneuse est fécondé in vitro et implanté chez une deuxième femme, le péché originel est-il transmis par la mère donneuse ou la mère biologique? Il ne peut pas être le cas que Dieu assigne simplement une âme à un œuf dès qu'il est fécondé: des jumeaux identiques résultent de la division d'un œuf après sa fécondation, mais ils ont probablement chacun leur propre âme.

Tant que les réponses à ces questions ne sont pas clarifiées, il n'y a pas de place pour les déclarations dogmatiques sur l'évolution comme étant incompatible avec une vision biblique de l'homme. Nous, aujourd'hui, sommes tous fabriqués à partir de produits chimiques (à partir de l'ovule et du sperme organisés de manière complexe), sous la surveillance de la providence de Dieu. Cela est vrai pour tous les humains qui vivent actuellement, ainsi que pour leurs parents et grands-parents. Par conséquent, la manière exacte dont Dieu a créé les premiers humains (à partir de la poussière ou d'autres primates) est totalement hors de propos pour notre statut actuel - notre humanité ou notre valeur ou reflet de l'image de Dieu.

NOTES FINALES

[1] Chuong et al. expliquent comment les caractéristiques inhérentes aux ERV et autres éléments transposables (TE) *devraient* produire divers types d'activité fonctionnelle lorsqu'ils s'insèrent (quasi-aléatoirement) dans le génome (aucune intervention surnaturelle requise):

«Les éléments transposables (TE) sont une source prolifique d'éléments non codants étroitement régulés et biochimiquement actifs, tels que les sites de liaison aux facteurs de transcription et les ARN non codants. De nombreuses études récentes revigorent l'idée que ces éléments sont largement cooptés pour la régulation des gènes de l'hôte. Nous soutenons que les propriétés génétiques inhérentes des TE et les relations conflictuelles avec leurs hôtes facilitent leur recrutement pour des fonctions de régulation dans divers génomes... Dans cette revue, nous considérons des preuves émergentes révélant les TE comme une source à l'échelle du génome d'éléments de régulation. Nous discutons également des progrès récents dans notre capacité à capturer expérimentalement les activités de régulation des TE, avec principalement leur contribution en tant qu'éléments d'ADN cis-régulateurs. Nous soutenons que la plupart de ces activités de régulation peuvent être interprétées comme des reliques de stratégies utilisées par les TE pour se propager dans les génomes et les populations hôtes... Les TE autonomes codent pour des gènes qui favorisent leur réplication indépendamment de celle des chromosomes de l'hôte. Cependant, en tant que parasites génomiques, les TE dépendent de la machinerie des cellules hôtes pour exprimer leurs gènes. Ainsi, les TE compétents pour la réplication ont développé des séquences cis-régulatrices qui fonctionnent pour imiter les promoteurs de l'hôte ... tous les ERV proviennent de rétrovirus infectieux qui doivent avoir des cellules germinales infectées (ou leurs progéniteurs) mais peut-être aussi de cellules somatiques de divers tissus. Le mode de vie viral passé des ERV peut donc expliquer pourquoi leurs LTR hébergent des éléments de régulation complexes capables de conduire la transcription dans une variété de tissus et de types de cellules... Il est de plus en plus évident que les TE fournissent une profusion d'autres types d'éléments de régulation *cis*, y compris les amplificateurs, les isolants et les éléments répressifs. Chez les mammifères, l'immunoprécipitation de la chromatine suivie d'études de séquençage (ChIP-seq) ont révélé que pour tout facteur de transcription (TF) et type de cellule donné examinés, les TE contribuent à une fraction substantielle des sites de liaison à travers le génome (5-40%, moyenne ~20 %). Les éléments LTR ont tendance à contribuer plus que les autres types TE, probablement parce que les LTR sont plus susceptibles de posséder et de conserver leur *cis* ancestral-activités de réglementation... Il a également été établi que les TE fonctionnent comme des isolants et/ou des éléments de délimitation. De telles séquences servent à partitionner le génome en domaines de transcription active ou inactive dont la taille varie de 100 kb à 1 Mb, souvent en empêchant la propagation de l'hétérochromatine. Plusieurs études ont montré que de nombreux TE, en particulier les SINE, abritent des sites de liaison pour des facteurs tels que le CTCF ou le TFIIIC qui confèrent une activité isolante et organisent l'architecture nucléaire. Un sous-ensemble de ces TE semble jouer un rôle dans l'organisation tridimensionnelle du génome en fonctionnant comme des «ancres» qui servent à isoler des régions de transcription active... »

[1] Chuong EB, Elde NC, Feschotte C , Regulatory activities of transposable elements: from conflicts to benefits. Nat Rev Genet. 2017 Feb;18(2):71-86. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5498291/>

[2] Yanxiao Zhang, et al., "Transcriptionally active HERV-H retrotransposons demarcate topologically associating domains in human pluripotent stem cells". Nature Genetics, volume 51, pages1380-1388(2019) <https://www.nature.com/articles/s41588-019-0479-7>

1)

<https://www.biblegateway.com/versions/Louis-Segond-LSG/>

From:
<https://evowiki.fr/> - EvoWiki

Permanent link:
https://evowiki.fr/les_retrovirus_endogenes_dans_votre_genome_montrent_des_ancetres_communs_avec_les_primates

Last update: 2020/11/24 11:37

