

BULLETIN N° 116
ACADÉMIE EUROPEENNE INTERDISCIPLINAIRE
DES SCIENCES



Séance du Mardi 12 juin 2007

**Conférence de Philippe HUNEMAN de l'IHPST :
Concept formel d'émergence, causalité et transitions évolutionnaire**

Prochaine séance : le Mardi 11 septembre 2007

**Conférence de notre Président Michel GONDRAN :
Modélisation et simulation dans les sciences humaines :
le cas particulier de « l'Ethique » de Spinoza**

ACADEMIE EUROPEENNE INTERDISCIPLINAIRE DES SCIENCES
FONDATION DE LA MAISON DES SCIENCES DE L'HOMME

PRESIDENT : Michel GONDRAN
SECRETARE GENERAL : Irène HERPE-LITWIN
TRESORIER GENERAL : Bruno BLONDEL
CONSEILLERS SCIENTIFIQUES :
SCIENCES DE LA MATIERE : Pr. Gilles COHEN-TANNOUJJI.
SCIENCES DE LA VIE ET BIOTECHNOLOGIES : Pr. François BEGON
PRESIDENT DE LA SECTION DE NICE : Doyen René DARS
PRESIDENT DE LA SECTION DE NANCY : Pierre NABET

PRESIDENT FONDATEUR
 DOCTEUR Lucien LEVY (†).
PRESIDENT D'HONNEUR
 Gilbert BELAUBRE
SECRETARE GENERAL D'HONNEUR
 Pr. P. LIACOPOULOS

Juin 2007

N°116

TABLE DES MATIERES

- P. 3 Compte-rendu de la séance du 12 juin 2007
- P. 6 Compte- rendu de la section Nice-Côte d'Azur
- P. 9 Documents

Prochaine séance : Mardi 11 septembre 2007,
 MSH, salle 215-18heures
Conférence de notre Président Michel GONDRAN:
Modélisation et simulation dans les sciences humaines :
Le cas particulier de l' « Ethique » de Spinoza

ACADEMIE EUROPEENNE INTERDISCIPLINAIRE DES SCIENCES
Fondation de la Maison des Sciences de l'Homme, Paris.

Séance du
Mardi 12 juin 2007

Fondation de la Maison des Sciences de l'Homme, salle 215, à 18h.

La séance est ouverte à 18 h. 00 en la présence de nos collègues Gilbert BELAUBRE, Bruno BLONDEL, Alain CARDON, Gilles COHEN-TANNOUDJI, Françoise DUTHEIL, Jean-Pierre FRANÇOISE, Michel GONDRAN, Irène HERPE, Emmanuel NUNEZ,

Etaient excusés : Michel BERREBY, Marie-Louise LABAT, Gérard LEVY, Victor MASTRANGELO, Pierre SIMON ;

I) Informations Générales

Notre Président, Michel GONDRAN, résume brièvement la rencontre avec des membres de la SFP¹ et plus particulièrement de PIF² dont notre collègue Gilles COHEN-TANNOUDJI. La SFP-PIF envisageant également d'organiser un congrès sur l' « Emergence », il importait de se mettre d'accord sur nos actions et notamment de bloquer des dates et de rechercher une salle et des sources de financement : mairie de Paris, région etc... Il a été décidé que parallèlement au congrès « Emergence » organisé par l'A.E.I.S. , la SFP tiendrait sa onzième session « Interrogations fondamentales » sur les problèmes liés à la modélisation et la simulation de ces domaines.

II) Conférence de Philippe HUNEMAN membre de l'IHPST³ : concept formel d'Emergence, causalités et transitions évolutives

Mathématicien de formation , Philippe HUNEMAN s'est dirigé vers la philosophie des Sciences et plus particulièrement l'analyse de l'évolution en Biologie et de l'Emergence.

¹ SFP : Société Française de Physique

² PIF Physique et Interrogations Fondamentales est une émanation de la SFP.

³ INSTITUT D'HISTOIRE ET DE PHILOSOPHIE DES SCIENCES ET DES TECHNIQUES UNIVERSITÉ DE PARIS I - UMR 8590 CNRS

Analysant le concept d'émergence, il postule que l'émergence nécessite :

- l'existence d'une clôture causale du monde physique – c'est-à-dire que tout phénomène physique dérive d'une cause physique –
- l'irréductibilité du phénomène
- l'imprédictibilité
- la nouveauté

En exemple, il cite les embouteillages, les phénomènes de mode, la pensée etc...

En ce qui concerne l'esprit il évoque diverses attitudes adoptées par la philosophie de l'esprit. Certains auteurs n'admettent pas la clôture causale physique dans ce domaine tandis que d'autres pensent que notre pensée est fondée sur nos connexions neuronales et donc sur des propriétés physiques. La pensée – même fondée sur des connexions neuronales – influe à son tour sur le système engendrant des « qualia » (Les **qualia**, au singulier *quale*, sont définis comme les propriétés de l'expérience sensible par lesquelles cela fait quelque chose de percevoir ceci ou cela (couleur, son, etc.). Ce sont donc des effets subjectifs ressentis et associés de manière spécifique aux états mentaux).

D'autres auteurs invoquent des attracteurs comme ceux de la théorie du chaos. Et ils tentent des simulations informatiques en utilisant des modèles à base d'agents et des automates cellulaires.

L'usage du terme « émergence » est-il toujours légitime ? Deux attitudes principales s'affrontent :

- Une vision ontologique de l'émergence postulant la réalité en-soi de ces phénomènes nouveaux et irréductibles aux phénomènes qui les précèdent impliquant la possibilité d'une émergence synchronique.
- Une vision épistémologique fondée sur la clôture causale du monde physique et donc une émergence diachronique.

Ces deux visions posent le problème des niveaux de réalités :

- La division de la réalité en niveaux existe-t-elle en elle-même ou est-elle une idée de l'observateur ? Comment savoir si une propriété émergente l'est objectivement ?

La progression de la science explique de nombreuses propriétés « émergentes » inexplicables jusque là comme:

- La neurologie qui rend compte de l'émergence de certains phénomènes psychiques
- L'émergence de molécules via des liaisons chimiques n'est plus imprédictible

Il semble donc qu'une autre propriété doive être ajoutée à l'émergence pour satisfaire à la **non-trivialité: une propriété émergente exclut l'additivité et l'agrégativité** , elle doit obéir à des processus **non-linéaires**. Huneman nous renvoie à ce propos aux travaux de Wimsatt de 1987. Par exemple les propriétés de la masse sont agrégatives et donc non émergentes.

Une définition générale de l'émergence suppose donc une irréductibilité des niveaux .

De nombreux auteurs font également appel à la notion de « supervenience » ou « **survenance** » liée pour les philosophes de l'esprit à la notion d'émergence synchronique . Les relations entre « supervenience » et émergence restent controversées notamment si on considère que l'émergence doit être diachronique ou dynamique.

Il reste à faire coïncider émergence diachronique et imprédictibilité. Le problème de la dépendance de l'émergence à l'égard de nos capacités cognitives se pose également. Certains ont tenté une distinction entre une émergence forte totalement imprédictible et une émergence faible qui ne serait prédictible que par simulation (ou computation) en utilisant des « clusters » ce qui serait beaucoup plus rapide qu'une mise en équation.

Se pose bien sûr dans ce dernier cas le problème de l'imprédictibilité si des simulations permettent précisément de prédire des émergences et de l'indépendance de nos capacités cognitives.

Cependant toute émergence doit se caractériser par la robustesse i.e. par la résistance à la perturbation et par la non-trivialité.

En dépit de tous ces problèmes l'émergence semble permettre l'interprétation de nombreux domaines tels que par exemple la théorie de l'évolution biologique sur laquelle travaille Philippe HUNEMAN.

Après ce riche exposé, la séance est levée à 20 heures.

Bien amicalement à vous,

Irène HERPE-LITWIN

Compte-Rendus de la Section Nice-Côte d'Azur

L'amour réel des hommes réclame nécessairement l'accroissement responsable de la Science et le développement maîtrisé des techniques.

Roger Dautray – Mémoires (2007)

Compte-rendu de la séance du 19 avril 2007

(104^{ème} séance)

Présents :

Jean Aubouin, René Blanchet, Sonia Chakhoff, Pierre Couillet, Patrice Crossa-Raynaud, François Cuzin, René Dars, Jean-Paul Goux, Yves Ignazi, Jacques Lebraty, Maurice Papo, Jacques Wolgensinger.

Excusés :

Alain Bernard, Guy Darcourt, Jean-Pierre Delmont, Gérard Iooss, Michel Lazdunski, Jean-François Mattéi, Daniel Nahon.

1- Approbation du compte-rendu de la 103^{ème} séance.

Le compte-rendu est approuvé à l'unanimité des présents.

2- Accueil d'un nouveau membre.

M. le Professeur François Cuzin a accepté notre proposition unanime de le compter désormais parmi les membres de notre académie et nous sommes heureux de l'accueillir aujourd'hui.

François Cuzin nous remercie et rappelle que son maître Jacques Monod disait que « le seul critère pour un scientifique était d'être jugé bon par ceux qu'il juge bons » et il ajoute : « c'est bien le cas aujourd'hui. Le mode d'activité de l'AEIS qui m'a été présenté par le Président René Dars me convient parfaitement. Bien qu'ayant encore des obligations dans mon laboratoire, je m'arrangerai pour participer aux réunions de votre académie ».

3- Le mois écoulé.

René Dars et Maurice Papo recommandent la lecture des mémoires de Rober Daustray (Odile Jacob) qui sont d'un abord facile et qui retracent la vie mouvementée de ce grand savant français, depuis le *Vél d'Hiv* jusqu'à la bombe H. C'est assez surprenant de sa part d'avoir publié ces mémoires car il a toujours été très discret. Il s'en explique au début de son livre : il tenait à faire taire toute une série d'inexactitudes ou d'erreurs sur son compte.

Pierre Couillet nous rappelle que Nice se présente pour être, en 2013, la capitale européenne de la Culture. Une association a été créée pour soutenir cette candidature. Il en fait partie au nom de l'Université. Une première réunion s'est tenue récemment. Elle a désigné comme Président l'architecte Jean Nouvel, des vice-présidents dont le Président de l'Université de Nice Sophia-Antipolis et un directeur : M. Bernard Faivre d'Arcier, ancien directeur du Festival d'Avignon.

Elle comporte un certain nombre d'« ambassadeurs » et un comité de pilotage dirigé par M. Thierry Martin, chargé de mission à la Culture à la Mairie de Nice. Le dossier de présentation doit être bouclé fin décembre.

Le CUM accueillera un cycle de conférences sur « Nice 2013 ». Il est proposé une série de manifestations autour de la lumière.

René Blanchet : la ville de Nice veut concourir. Elle doit donc démontrer qu'elle a une originalité culturelle susceptible de la faire retenir. Pour Pierre Couillet, il faut être capable de faire entrer la Science sous l'angle culturel dans le projet.

René Blanchet rappelle que la ville de Lille a été choisie il y a quelques années et que cela a eu des répercussions très importantes pour celle-ci au niveau international.

Maurice Papo suggère que l'on invente un jeu vidéo sur la culture à Nice. Il suggère aussi que l'on propose à des artistes peintres connus de créer des œuvres avec des ordinateurs.

Patrice Crossa-Raynaud pense que l'on pourrait créer, dans le Jardin Albert 1^{er}, un jardin médiéval niçois (ou méditerranéen) ouvert au public (Jean Nouvel serait sans doute intéressé) et de l'associer à l'art culinaire du pays.

Jacques Lebraty voudrait que l'on réfléchisse au processus de production esthétique. Les relations entre l'art et le management se résument en gros à trois périodes : la première, où l'on considérait que les deux n'avaient aucune relation, la seconde où l'on a pensé que l'art pouvait aider à vendre, d'où des expositions d'objets dans les halls des banques par exemple. Actuellement, on pense montrer au public le processus de production d'une œuvre d'art : au lieu d'en exposer une, on met en place un atelier d'artiste non seulement dans la peinture ou la sculpture, mais aussi dans les mathématiques, l'astronomie, etc.

Dans ce dernier domaine, on peut créer des œuvres d'art sans que l'on se doute de la science qu'il y a derrière. On peut ainsi mettre un palmier dans une bulle de savon !

Yves Ignazi propose que l'on reprenne en la développant l'idée contenue dans un film dédié à notre pays par la Banque Populaire : « L'opéra d'azur », où il est montré que « le lieu crée le lien », depuis la préhistoire jusqu'au 3^{ème} millénaire.

En conclusion, notre Président demande que chacun d'entre nous réfléchisse à des projets pour la prochaine séance.

4- Edition des actes du cycle : « Entreprise et mondialisation ».

L'ouvrage est sous presse et sera prochainement disponible.

5- Prochain colloque : « Mythes et connaissances ».

C'est un cycle qui intéresse beaucoup le CUM qui a été contacté par Guy Darcourt et Pierre Couillet. Il pourrait s'intituler : « La Méditerranée, berceau de la Science ».

On récupère ainsi les mythes puisque la Science, c'est la démythification des phénomènes naturels comme la foudre, les tremblements de terre, les tempêtes. L'émergence de ces idées a été couplée avec celle de la démocratie.

Ces deux idées grecques ne furent évidemment pas admises par les Romains et firent donc le tour de la Méditerranée par Alexandrie. Il y a au moins deux domaines scientifiques très précis qui peuvent illustrer ce propos : la géométrie et l'optique. Mais on peut en trouver d'autres.

On peut, à cette occasion, revenir sur notre autre idée : « Qu'est-ce que la Science ? » en prenant l'exemple des mathématiques qui sont une technique particulière. Les mathématiques peuvent se développer sans relation avec les applications : ce n'est pas une science comme les autres.

Les historiens, les sociologues seraient très intéressés par ce cycle.

Les Chinois ont des mythes et des sciences, mais il n'y a pas eu, semble-t-il, de démythification.

Faire disparaître les dieux de l'explication du monde est spécifiquement grec.

Sur ce cycle, on peut établir un partenariat non seulement avec le CUM, mais aussi avec l'Université.

Yves Ignazi : il n'est peut-être pas besoin d'évoquer la Chine car il est frappant de voir combien il y a de différence entre les cultures méditerranéennes et anglo-saxonnes par exemple, dans le droit.

Dans les cultures méditerranéennes, le droit, qui est écrit, vient du ciel : bientôt on voit le sommet. Alors que, lorsqu'on est en Angleterre, comme il y a du brouillard, on est dans la règle du « précédent ».

Le droit romain ou napoléonien est déductif, alors que, dans le droit anglo-saxon, c'est la règle du « précédent ». Au sein même de l'Occident, il y a donc deux cultures très différentes.

Il en va de même dans l'organisation des entreprises qui sont hiérarchiques en France, alors qu'elles sont, « par projet », dans les pays anglo-saxons.

Documents

Pour compléter la conférence de Philippe HUNEMAN sur « Concept formel d'émergence, causalité et transitions évolutives » nous vous proposons deux articles

P. 10 : Une introduction de Patrick DUCHESNEAU philosophe et historien des sciences : l'organisation du vivant sur : l'organisation du vivant : émergence ou survivance ?

P. 13 : Texte principal de Patrick DUCHESNEAU sur : « Organisation du vivant : survivance ou émergence ? »

P. 33 : Une réflexion de François LOTH , spécialiste de la Philosophie de l'esprit sur le dernier livre de JAEWONG KIM, « Trois essais sur l'émergence » paru fin 2006 aux éditions ITHAQUE. Dans lequel le Philosophe aborde le problème de l'émergence.

Enfin en vue de la conférence de notre Président, Michel GONDRAN, nous vous proposons un texte d'introduction d'un cours qu'il donne à l'Université Paris Dauphine :

P. 35 : « Intelligence Artificielle et Base de Connaissance »

L'organisation du vivant : émergence ou survenance

Par : François DUCHESNEAU

Philosophe et historien des sciences, professeur à l'Université de Montréal

Introduction

La question traitée est celle de l'application de stratégies d'analyse et d'explication différentes, voire divergentes, aux phénomènes qui caractérisent l'organisation du vivant au plan élémentaire et au plan global.

Le réductionnisme caractérise une partie de ces stratégies d'analyse. La tradition à cet égard est ancienne. La physiologie moderne a été en effet modelée dès la fin du dix-septième siècle, par des méthodes d'analyse qui visaient à rattacher à des microstructures et à des microprocessus, sous-tendant et composant l'organisme complexe, la cause des opérations et des fonctions intégrées du vivant. Les modèles que l'on se forgeait pour rendre compte de ces conditions structurales et fonctionnelles furent d'abord dictés par des représentations mécanistes : à leur tour, celles-ci ont amené à concevoir les processus vitaux comme réductibles par l'analyse à des équivalents physico-chimiques.

L'histoire des sciences de la vie semble nous apprendre que ces conceptions réductionnistes anciennes ont engendré leur contraire sous la forme de théories plus ou moins spéculatives auxquelles leurs adversaires ont accolé, pour des raisons essentiellement polémiques, le qualificatif de «vitalistes». En fait, le recours à des principes vitaux et aux lois qui en exprimeraient l'action recouvrait la plupart du temps des analyses qui visaient à rendre compte des processus fonctionnels et des structures intégrées par un déchiffrement empirique des caractéristiques de l'organisme complexe considéré dans son ordre même. Plutôt que d'antinomie des stratégies d'analyse, il conviendrait souvent, pour traduire adéquatement la perspective historique, de parler de tensions, d'alternances et en dernière ressort de complémentarité relative entre les modes de représentations dits mécanistes et vitalistes, holistes et réductionnistes.

Cette différenciation entre aspects complémentaires des théories biologiques peut surgir d'ailleurs à l'intérieur d'une même approche qui apparaîtrait de prime abord relativement unilatérale au sens du réductionnisme ou du holisme. Les historiens des sciences de la vie ont maintes fois relevé une telle ambiguïté fondatrice dans des corpus se rattachant à des méthodologies en apparence nettement typées, par exemple à l'intérieur même de l'œuvre de Claude Bernard, de celle de Darwin ou de celle de Virchow. L'on peut, par exemple, être frappé du fait que, concernant l'interprétation des mécanismes du développement embryologique, des théoriciens aussi divergents que l'ultra-mécaniste Wilhelm Roux et l'ultra-vitaliste Hans Driesch ont partagé jusqu'à un certain point des cadres d'analyse empirique, des pratiques expérimentales, voire des schèmes de modélisation assez analogues. C'est dans l'extrapolation philosophique sur les présupposés que les divergences se creusent au point de susciter l'antinomie, beaucoup moins dans la différence des stratégies d'analyse. Car, pour les praticiens de la science, il s'agit sans doute dans la plupart des cas, de concilier les approches analytiques qui ont trait d'une part

aux microstructures et aux microprocessus, et celles qui se réfèrent d'autre part aux caractéristiques fonctionnelles et aux traits de comportement globaux.

L'avènement de la biologie moléculaire et plus précisément la transformation de la génétique néomendélienne par les modèles moléculaires ont pu laisser croire que la suprématie des stratégies d'analyse microstructuralistes s'avérait définitivement fondée. Par le fait même, la science biologique pouvait, semblait-il, accéder à un statut scientifique auquel elle n'avait jamais pu prétendre auparavant, alors qu'elle devait irréductiblement recourir à l'analyse empirique de l'organisation et des fonctions globales du vivant. Or, dans les dernières décennies, savants et épistémologues ont pris de plus en plus conscience de l'extrême difficulté, voire de l'impossibilité, de réduire intégralement l'organisation complexe du vivant à la mécanique des gènes moléculaires, voire même aux processus morphogénétiques que les gènes déclenchent et régissent. L'actualisation de la mécanique génétique et des opérations en découlant laisse en effet place à des conditions afférentes multiples qui infléchissent et déterminent en bonne partie les formes de développement : par suite, les processus semblent impliquer la rétroaction continue du tout sur les parties et l'organisation partiellement contingente des structures complexes émergentes. Une telle émergence renvoie à des processus du type de l'épigenèse : le résultat complexe, savoir l'organisation et le fonctionnement du vivant, advient certes par l'effet des microprocessus intégrés, mais avec une marge d'adaptation suffisante pour mettre en difficulté tout réductionnisme strict dans l'explication. Néanmoins, le recours aux modèles analytiques de type réductionniste induit des programmes de recherche féconds et il constitue la base de représentations de plus en plus raffinées des «building blocks» de l'organisation vitale, alors même que l'on tente de parvenir à une compréhension analytique intégrée des processus de développement et d'intégration fonctionnelle.

Il n'est pas inintéressant de se rendre compte que l'épistémologie contemporaine des sciences de la vie tente de corrélérer le rapport des stratégies d'analyse respectivement axées sur les microstructures de base et sur les paliers supérieurs de l'organisation à un rapport déterminé de conditionnement des phénomènes complexes par leur base élémentaire. L'organisation du vivant émerge-t-elle de ses «building blocks» en acquérant des déterminations inédites ou ces déterminations globales surviennent-elles par le simple effet de la combinatoire des conditions élémentaires sous-jacentes ? La distinction entre l'émergence et la survenance («supervenience») comme concepts à privilégier dans la représentation des rapports entre le tout et les parties de l'organisation vitale décrit l'un des enjeux épistémologiques majeurs pour les philosophes qui s'intéressent aujourd'hui aux sciences de la vie et à leurs méthodes d'analyse.

Docteur d'État (1980), **François** Duchesneau, philosophe et historien des sciences, a reçu de nombreuses distinctions internationales. Il a enseigné principalement à Ottawa jusqu'en 1979 et à Montréal depuis cette date. Directeur du département de philosophie de cette université depuis 1981, il en est devenu vice-doyen depuis 1991. Membre de nombreux comités de rédaction d'encyclopédies et de revues, ou de sociétés scientifiques, tant en Europe qu'en Amérique du Nord, il a publié de fort nombreux articles et ouvrages.

Ouvrages :

L'empirisme de Locke, Martinus Nijhoff, 1973.
 La physiologie des Lumières. Empirisme, modèles et théories, Martinus Nijhoff, 1982.
 Genèse de la théorie cellulaire, Bellarmin, Vrin, 1987.

Leibniz et la méthode de la science, PUF, 1993.
La dynamique de Leibniz, Vrin, 1994.
Philosophie de la biologie, PUF, 1997.
Les modèles du vivant de Descartes à Leibniz, Vrin, 1998.

L'organisation du vivant : émergence ou survenance

Texte Principal du 3 septembre 2004

par François Duchesneau

Dans *La logique du vivant*, François Jacob nous propose une formule intéressante, mais problématique : « Pour le biologiste, affirme-t-il, le vivant ne commence qu'avec ce qui a pu constituer un programme génétique » [1]. Cette formule semble signifier que si l'on découvrait la structure moléculaire sous-jacente au code génétique, l'on détiendrait par le fait même la clé pour comprendre véritablement le vivant. La base moléculaire du programme génétique constituerait la raison suffisante des processus qui commandent l'organisation du vivant. On accéderait ainsi aux lois régissant la reproduction des organismes et aux lois expliquant leur développement individuel. Par ailleurs cette même clé, la structure moléculaire du code génétique, servirait à expliquer les transformations de l'organisation vitale au fil des générations en rendant compte de la transmission héréditaire des variations qui affectent le génome et se traduisent en adaptations : la dynamique de l'évolution de la vie s'en trouverait donc elle aussi éclairée. À partir du moment où nous détiendrions cette clé maîtresse, la compréhension de tout processus biologique nous deviendrait accessible dans sa racine causale même. Si l'on donne ce sens au propos de François Jacob, nul doute que la représentation du vivant qui s'en dégage n'apparaisse riche d'implications épistémologiques. Le concept du vivant qui est visé, apparaît unitaire, englobant, destiné à structurer l'analyse biologique en un système intégré. L'objectif est, pourrait-on dire, un objectif de type « cartésien ». Cette conception de l'organisation du vivant est-elle la seule possible aujourd'hui ? Et si l'on présumait qu'elle le soit, posséderait-elle le caractère unifiant, englobant et structurant qu'on lui prête ? Permettez-moi dans un premier moment d'explicitier cette double interrogation.

1. La formulation du problème

Depuis 1953 et le dévoilement dans *Nature* par Francis Crick et James Watson de la structure en double hélice de la molécule d'acide désoxyribonucléique (ADN) [2], l'exploration structurale et fonctionnelle du matériel génétique de base n'a cessé de s'amplifier, par la quantité des données accumulées, mais aussi par la complexité et le raffinement des modèles explicatifs proposés. [3] L'analyse des multiples processus chimiques qui permettent aux molécules géniques de se reproduire avec variation et de déterminer par transcription les divers processus de biosynthèse de protéines, base de la construction des organismes, a consacré, pourrait-on dire, les droits de la nouvelle génétique au cœur de la biologie moléculaire. Au moment où s'ouvre de façon analogue et par extension, le champ de la protéomique, domaine nouveau axé sur l'étude de la biosynthèse des protéines, rien ne semble s'opposer à une dominance du programme d'analyse moléculaire : ce programme semble en définitive pouvoir intégrer l'ensemble des volets antérieurs ou collatéraux de la recherche biologique. C'est la capacité de la biologie moléculaire d'absorber ces autres volets de la représentation du vivant, d'en fournir apparemment le fondement, qui retient aujourd'hui l'attention du philosophe que je suis, attentif à la relativité des points de vue, à la disparité des approches et des méthodes, au chevauchement de théories et de modèles plus ou moins congruents, et surtout au caractère hautement pragmatique de la démarche de recherche en science. Dans cette tâche, le philosophe à mon sens ne saurait d'ailleurs prescrire : s'éloignant de toute ambition de type cartésien, il ne saurait définir les normes de la scientificité ; il n'est au mieux qu'un observateur de l'œuvre de science, apte à en analyser les processus

d'invention et de preuve, plus ou moins rationnels d'ailleurs, par lesquels elle se forme et se formule. Son objectif serait plutôt de type « lockien ».

Certains épistémologues, dont je suis, estiment qu'il convient à l'occasion de remonter aux sources historiques et épistémologiques des pratiques scientifiques. Par contraste, les praticiens de la science affichent souvent la conviction d'innover radicalement en matière d'explication et même d'engendrer de nouveaux paradigmes qui les affranchiraient des limitations qui ont grevé le savoir de leurs prédécesseurs ; ils affichent souvent la conviction d'avoir fait franchir aux connaissances un seuil supérieur de scientificité. Comme les historiens des sciences le savent bien, le discours justificateur des scientifiques en exercice tend même à effacer toute trace des incertitudes du passé, des demi-vérités et demi-faussetés qui ont naguère constitué la science ; cette tendance les incite même à oblitérer toute trace des corpus de connaissance qui ont servi d'assises antérieures à leur propre démarche.

En revanche, pour qui examine le passé de la science et même son passé proche, la constante la plus générale de la science moderne, celle qui la rattache à son passé et dessine son orientation future, semble consister en un certain primat de l'analyse. Ceci ne veut certes pas dire qu'il y ait consensus parmi les scientifiques, ni parmi les philosophes, sur ce qu'il convient d'inscrire sous le terme d'« analyse ». Si le primat de l'analyse dans la constitution du savoir scientifique sous ses diverses formes semble acquis, la compréhension uniforme de ce qu'elle est ne l'est aucunement, ni du point de vue épistémologique, ni du point de vue des réflexions sur la méthode. Les philosophes des sciences ne savent pas identifier de façon univoque ce en quoi consiste l'analyse constitutive de la connaissance scientifique, que celle-ci soit considérée comme invention ou comme explication causale. Même les scientifiques ne sauraient rattacher leur démarche à une unique forme d'approche analytique considérée comme la norme. Reconnaissons qu'une étude d'ensemble de la méthode d'analyse dans la constitution de la science moderne nous manque.

En considérant la biologie contemporaine, il semble toutefois indispensable de partir de ce que recèle la démarche d'analyse qui la fonde, et des promesses de résultat, donc de réussite qui s'y rattachent. À cet égard, comment ne pas constater que la cartographie de génomes d'organismes modèles, tels le nématode *Cænorhabditis elegans* et d'autres, semble le produit d'une telle démarche d'analyse. Cette démarche tire d'un côté ses racines de travaux antérieurs d'orientation distincte ; elle s'ouvre de l'autre pour l'avenir sur des hypothèses de traitement déductif des données accumulées. Ainsi une fois la cartographie complétée du génome humain par exemple, le sens de l'analyse serait-il susceptible de s'inverser en des formes de synthèse déductive liant les connaissances accumulées à des applications pratiques diverses. De la cartographie des génomes, s'inférerait la dérivation potentielle de tous les effets structuraux, développementaux et fonctionnels par lesquels se caractérise, en son essence, la vie des organismes. Il s'agirait en particulier de dériver à partir des combinaisons structurales essentielles, de leurs permutations et de leurs interactions, enfin de leur expression en cheminements morphogénétiques, la connaissance d'effets normaux porteurs de vie et de santé, et d'effets anormaux, mais tout aussi essentiels, porteurs de maladie et de mort. Pourrait-on en effet ne pas souhaiter atteindre la raison déterminante ultime de ces effets de surface, c'est-à-dire les comprendre en les dérivant de la connaissance de leurs causes structurales premières et se donner par là-même les moyens, par inférence, par déduction, par synthèse, de modifier, d'infléchir la chaîne de dérivation causale afin d'en amplifier les effets désirables, d'en oblitérer, atténuer ou différer les effets estimés indésirables ?

Les diverses représentations du vivant qui ont caractérisé l'histoire des connaissances humaines dans les temps modernes ont toutes été liées aux processus d'analyse que l'on estimait à l'époque pouvoir ou devoir s'appliquer à cet objet pour en assurer la compréhension, donc la maîtrise. C'était là le principal enjeu dans le dessein de se rendre maître et possesseur de la nature.

Or la représentation du vivant aujourd'hui semble dominée par les voies et méthodes d'analyse dont s'est dotée la biologie moléculaire. Même si le territoire heuristique et théorique de cette biologie excède considérablement le seul champ de la recherche génétique, c'est dans celui-ci que s'ancre le plus nettement l'ordre et l'organisation interne de notre représentation du vivant. Bien que le concept de gène moléculaire soit nettement sous-déterminé en raison d'une connaissance fort incomplète de ses caractéristiques de structure et de ses modes d'opération et qu'il recèle une dose certaine d'imprécision, voire de relativité en raison des significations en partie équivoques qu'il véhicule, il y a lieu de reconnaître que ce concept de gène moléculaire est sans doute devenu, comme concept théorique de base, le concept central de la biologie contemporaine. Si dans les premières décennies du XXe siècle, on pouvait encore imaginer une biologie qui se serait construite en premier lieu autour de l'analyse des processus de développement, c'est de fait la description des processus de réplication et de transmission des gènes, sous-tendant l'hérédité des caractères phénotypiques, qui s'est imposée comme objectif principal de l'analyse et comme voie d'accès au noyau central d'une théorie biologique en gestation pour l'avenir. Avec la promotion de la représentation moléculaire des gènes depuis le milieu du XXe siècle, ce stade de la théorie semble désormais, sinon pleinement réalisé, du moins à portée d'atteinte, et le sentiment s'accroît parmi les biologistes et les philosophes d'une coupure par rapport au statut épistémologique antérieur de la biologie ; en même temps, l'unification possible de nombre de disciplines biologiques dans un même cadre semble se dessiner. La représentation moléculaire en génétique s'inscrit, nous le savons d'après les déclarations de ses principaux artisans, en solution de continuité par rapport à ce qui précède. Elle apparaît ainsi en rupture même par rapport à la représentation des processus génétiques par les effets de surface.

La génétique moléculaire prend en effet la relève de programmes de recherche antérieurs. Les racines lointaines de ceux-ci remontaient aux travaux de Gregor Mendel (1822-1884) sur les rapports de ségrégation et de dominance affectant la transmission héréditaire des caractères dans les organismes à reproduction sexuelle. L'analyse mendélienne était « phénoménologique » et se fondait sur les conditions déterminantes présumées de réplication héréditaire et de variation des traits macroscopiques. Lorsque les travaux de Mendel sont redécouverts dans la première décennie du XXe siècle, ils donnent lieu à diverses formes d'intégration avec la théorie cellulaire de l'époque et avec les hypothèses transformistes selon les versions alors courantes. Le groupe de travail réuni autour de Thomas H. Morgan à l'Université Columbia à compter de 1909 et qui essaiera par la suite, assurera à la génétique dite mendélienne une immense expansion à la fois théorique et expérimentale. L'ouvrage de Morgan, Sturtevant et Bridges, *The Mechanism of Mendelian Heredity* (1915) détermine le nouveau programme de recherche en ses fondements méthodologiques [4]. De multiples variantes de ce premier programme se succéderont jusqu'aux plus récentes décennies, jusqu'à ce que se produise de fait une confrontation significative avec le programme de recherche distinct de la génétique moléculaire. Parmi les considérations historiques les plus fondamentales relatives à la génétique mendélienne - ou plus exactement néo-mendélienne - il convient sans doute de souligner le rôle déterminant qu'elle a joué dans la formulation de la synthèse évolutionniste néo-darwinienne, représentation aujourd'hui encore dominante de l'évolution des formes vitales.

Cette représentation néo-mendélienne s'était construite sur l'analyse des effets émergents et sur des projections d'hypothèses pour expliquer les constantes et les anomalies observées, mais elle n'atteignait pas les micro-structures les plus profondes qui auraient recelé la véritable clé de l'explication. Cette représentation néo-mendélienne s'était progressivement intégrée à l'histologie et à la physiologie cellulaires d'une part, à la synthèse évolutionniste néo-darwinienne d'autre part. Par rapport à cette vision « phénoménologique », combinant de façon imparfaite, mais suffisante, une pluralité de points de vue et de modèles, l'avènement de la biologie moléculaire semble incontestablement constituer un moment critique de mutation. Ne peut-on parler, avec cet avènement et les développements de recherche qui en ont découlé, de révolution dans la représentation génétique du vivant ?

L'épistémologie historique tend à concevoir les épisodes révolutionnaires comme des moments de transition abrupte et radicale entre des synthèses théoriques majeures. Ainsi en aurait-il été dans le domaine de la physique, lorsque la théorie de la relativité et la mécanique quantique ont supplanté les ultimes ajustements de la mécanique et de la théorie gravitationnelle héritées de Newton. Suivant ce modèle de supplantation d'une théorie par une autre, il semble de prime abord au philosophe des sciences que les lois plus générales de la théorie nouvelle englobent les lois plus spécifiques établies sous l'ancienne théorie, mais en les réduisant au statut de propositions de portée désormais plus restreinte ; il semblerait aussi au philosophe des sciences que les concepts de la théorie nouvelle déploient des significations plus raffinées et réfèrent à un ordre de réalité plus fondamental, que les concepts de l'ancienne théorie, dotés de connotations moins riches et de références plus superficielles à l'ordre des choses visées. Ce modèle philosophique est celui de la réduction inter-théorique : la nouvelle théorie absorberait la théorie antérieure qui s'y trouve réduite.

2. La position anti-réductionniste

Les quelques repères historiques que je vous ai donnés ne peuvent que souligner l'intérêt capital de l'interrogation philosophique sur le passage de la génétique mendélienne à la génétique moléculaire. S'agit-il de réduction ou d'approfondissement théorique ? Quels sont les procédés de construction et de validation de l'explication dans les deux cas ? Quel statut convient-il d'accorder aux entités théoriques - à commencer par la notion de « gène » - qui forment les éléments d'analyse et d'explication en génétique ? Les relations génotype/phénotype ont-elles une signification causale ? En quel sens peut-on parler de niveaux d'organisation dans l'analyse génétique ?

La découverte de Watson et Crick et les développements subséquents établissant les bases de la génétique moléculaire ont suscité des attentes considérables en matière de réduction éventuelle des explications relevant de la génétique mendélienne [5]. Les relations gouvernant les phénomènes génétiques dans la postérité de Mendel - à commencer par les prétendues lois de la ségrégation et de l'assortiment indépendant des gènes, ou leurs variantes ultérieures - se réfèrent essentiellement à des entités théoriques présumées, les gènes, définies selon un comportement fonctionnel correspondant aux effets émergents. Avec l'avènement de la biologie moléculaire appliquée aux structures géniques, il semblait désormais possible d'atteindre les causes structurales premières de la reproduction et du développement des organismes. À la limite, l'espoir se profilait de fournir une explication de type biochimique pour des effets précédemment attribués à des entités élémentaires caractéristiques du vivant et non décomposables par l'analyse. Il est manifeste qu'une interprétation comme celle de J. Monod dans *Le hasard et la nécessité* (1970) [6] relevait à maints égards de cette ambition méthodologique, et surtout épistémologique.

Plusieurs analyses de la transition de la génétique mendélienne à la génétique moléculaire se sont inspirées du modèle de la réduction inter-théorique. Ces analyses se sont heurtées à de nombreux obstacles. Au premier rang de ces obstacles, figuraient : 1) le caractère régional des lois de part et d'autre : ces lois n'apparaissent jamais comme proprement universelles, puisqu'elles dépendent d'une condition contingente de base, l'émergence évolutive des formes vitales, leur production dans une histoire particulière ; par ailleurs, les explications obtenues de part et d'autres, ne vaudraient que dans des contextes particuliers, compte tenu des organismes modèles choisis et compte tenu des méthodes d'analyse utilisées ; 2) l'incommensurabilité de part et d'autre des termes théoriques dans leur signification comme dans leur dénotation : somme toute, on ne parlerait pas de part et d'autre tout à fait des mêmes choses et on ne se les représenterait pas du même point de vue ; 3) l'absence de supplantation effective de l'ancienne théorie par la nouvelle. Les programmes de recherche respectifs continueraient en effet de cohabiter sur des territoires plus ou moins juxtaposés, voire même parfois complémentaires, la prégnance de la synthèse évolutionniste néo-darwinienne semblant garantir un cadre général vaguement théorique de ces divers programmes.

Devant de telles difficultés, les positions anti-réductionnistes ont vite émergé parmi les philosophes des sciences. Ce sont ces positions qu'il nous importe particulièrement d'analyser, puisqu'elles reflètent la volonté de développer une représentation « pluraliste » du vivant : au contraire d'une représentation de type cartésien, ce serait une représentation empirique répondant à des exigences pragmatiques ; qualifions-la de « lockienne » pour les besoins de la cause. Cette représentation, si elle doit prévaloir, imposerait l'intégration de modèles divers. La représentation du vivant ne serait jamais en effet que le reflet de l'ensemble des approches analytiques estimées compatibles par rapport à l'objet visé par la stratégie de recherche. Et si ces approches sont à la fois diverses et relatives, la représentation qu'elles commandent l'est aussi.

Déjà une vingtaine d'années après la découverte du mécanisme fondamental de combinaison et de réplication de l'ADN, certains constats avaient commencé à se faire jour sur les limites de la réduction possible. Ces constats étaient sans doute en partie motivés par une mise en cause des modèles du réductionnisme à la lumière des problèmes que soulevait l'application de tels modèles. Le principal de ces problèmes paraissait être celui de l'incommensurabilité des termes théoriques de base : cette propriété des termes semblait entraver de façon plus ou moins irrémédiable la « déduction » de la théorie réduite par rapport à la théorie réductrice. Certes, de telles considérations avaient suscité les thèses incompatibilistes de Thomas Kuhn et de Paul Feyerabend, mais, même en contexte néo-positiviste, l'épistémologue ne pouvait s'abstenir de présumer l'existence de seuils d'intelligibilité traduisant la discontinuité historique des structures d'explication au fur et à mesure que s'approfondissait la recherche des causes présumées [7].

L'interrogation épistémologique surgissait également des difficultés propres à la mise en correspondance des termes prétendument parallèles dans les formules explicatives qui relevaient d'une part de la génétique néo-mendélienne ou phénoménologique, d'autre part de la génétique moléculaire ou structurale. Au sujet de cette absence de correspondance, la première analyse significative fut sans doute celle de David Hull dans *Philosophy of the Biological Science* (1974) [8]. Depuis lors, pourrait-on dire, le scepticisme à l'égard des possibilités de réduction théorique n'a sans doute fait qu'étendre son empire, comme en témoignent les prises de position de plus en plus prudentes et réservées des philosophes de la biologie, sinon des biologistes eux-mêmes.

Signalons l'importance cruciale de cette problématique épistémologique. L'orientation analytique des programmes fondamentaux de la biologie contemporaine s'explique selon un projet de rapprochement par rapport aux normes méthodologiques et à la structure des sciences physiques. Certes, avec les phénomènes vitaux, l'on aurait affaire à une physico-chimie du complexe, pour laquelle les moyens d'analyse des phénomènes semblent irrémédiablement tributaires d'une sorte de synthèse conceptuelle préalable relative à l'engendrement et au fonctionnement de l'organisme. Dans ce contexte, les phénomènes de la génération, alors même qu'on recourait à des procédés analytiques pour en rendre compte, sembleraient traduire la disparité des effets émergents par rapport aux causes sous-jacentes. Les mécanismes génétiques seraient alors appréhendés de façon indirecte sous le schème heuristique d'un potentiel d'expression organique immanent à la combinaison vitale des gènes. Déjà, la tendance générale des programmes de recherche en biologie cellulaire portait au raffinement des modèles analytiques servant à interpréter les effets, modèles qui devaient répondre à la conformité la plus étroite possible par rapport aux normes de l'analyse physique et chimique. Mais en même temps se manifestait une réserve méthodologique au sujet du cadre même de telles analyses. Ce cadre devait être tracé selon les exigences d'une compréhension proprement biologique des rapports d'ordre complexe liant les effets à leurs causes présumées. La représentation de ces causes présumées, constitutive des diverses formes de la théorie biologique, ne pouvait relever que d'hypothèses spécifiques, répondant aux caractéristiques fonctionnelles des phénomènes décrits. L'analyse réductionniste en biologie cellulaire présumait, somme toute, d'une vision globale non réductionniste de l'organisation du vivant et du fonctionnement vital. La génétique moléculaire, par contraste, semblait pouvoir légitimer une mise à l'écart de ce style d'argumentation, dans la mesure où des combinaisons structurales d'éléments chimiques prétendaient fournir l'équivalent causal des principes architectoniques cachés de la reproduction et de la morphogenèse que reflétaient les termes théoriques et la vision du fonctionnement vital caractéristiques de la biologie antérieure. C'est cette ambition particulière qu'incarnait le projet d'une réduction moléculaire intégrale des schèmes partiellement analytiques et partiellement synthétiques de la génétique de type mendélien ou phénoménologique, schèmes qui correspondaient plus généralement à ceux de la biologie cellulaire.

Mise à part la complexité croissante des relations et des mécanismes structuro-fonctionnels analysés, les principes originaux de la génétique moléculaire permettent d'éclairer cette divergence programmatique par rapport à la génétique mendélienne. Il s'agit désormais d'analyser les structures moléculaires qui servent de vecteurs à la réplication et à la mutation des « gènes » et qui, à partir de là, permettent les biosynthèses responsables de la formation des composés protéiniques. À travers la production des protéines structurales, catalytiques et régulatrices, l'explication vise de ce fait les processus initiateurs et régulateurs de la construction et du fonctionnement organiques. Mais le terme de « gène » convient-il encore dans ce contexte ? Certes, le gène mendélien apparaissait surtout comme une structure élémentaire présumée immanente au chromosome à laquelle il était loisible de rattacher des caractères observables suffisamment discrets et sujets à répartition différentielle lors d'expériences de croisement et d'hybridation. Par contraste, le gène moléculaire se caractérise de façon opératoire par l'identification d'unités chimiques qui fournissent par combinaison le code de fabrication des éléments intégrants de la morphogenèse et des processus physiologiques. Mais si les unités de base et les formes de combinaison surgissent à l'analyse, il paraît néanmoins plus problématique d'assigner de façon rigoureuse les conditions à la fois nécessaires et suffisantes responsables terme à terme des processus émergents au plan de l'organisme intégral et de leurs variations différentielles dans la réplication des organismes. Somme toute, si l'on se réfère aux effets de surface objets de l'analyse mendélienne, la complexité des causes géniques interprétées en termes moléculaires rend difficile d'identifier un niveau structural spécifique correspondant aux gènes discrets conçus comme autant de conditions *sine qua non*

des caractères phénotypiques transmis qui émergent à un autre niveau, nettement plus global. L'analyse se concentre désormais sur les voies de biosynthèse (*biosynthetic pathways*) par lesquelles se réalisent des chaînes protéiniques, lesquelles assument les fonctions productrices, catalytiques ou régulatrices, qui sous-tendent les divers processus organiques. L'actualisation du potentiel représenté par de tels dispositifs de biosynthèse suppose des mécanismes de réplication des combinaisons organiques responsables de ces fonctions, réplication qui fait d'ailleurs place à la variation aléatoire, aux mutations et aux adaptations consécutives. D'où l'importance stratégique des recherches portant sur les structures moléculaires relatives à l'ADN et à l'ARN, et révélant les mécanismes du *code génétique*, cette matrice des multiples opérations constitutives de la chimie organique.

Or, dans un tel programme de recherche, le découpage des gènes risque de faire problème dans la mesure où tout processus global suppose l'intégration fonctionnelle d'une multitude de déterminants. Il s'ensuit une difficulté particulière d'assigner des structures élémentaires indécomposables comme conditions à la fois nécessaires et suffisantes d'effets phénotypiques donnés. Hull résume adéquatement la disparité qui en découle du point de vue moléculaire par rapport au projet de la génétique mendélienne et qu'il caractérise comme une asymétrie :

La génétique mendélienne se limite à l'analyse du matériel héréditaire en gènes au moyen d'études portant sur la transmission, études qui caractérisent les gènes en termes de ratios mendéliens résultants ; par contre, la génétique moléculaire se développe de façon à intégrer les mécanismes moléculaires qui interviennent entre l'ADN et les protéines produites. Il n'y a pas d'autre issue. Idéalement, il faudrait comparer deux théories de la transmission ou deux théories du développement, mais c'est impossible. On pourrait comparer les gènes mendéliens aux gènes moléculaires, mais une telle comparaison omettrait la plus grande partie tant de la génétique mendélienne que de la génétique moléculaire [9].

Hull avance alors l'idée que si une équivalence était possible dans la traduction d'une théorie à l'autre, il faudrait la chercher non dans la correspondance d'un gène mendélien dominant et d'une séquence fragmentaire d'ADN, mais dans celle d'un tel gène et d'un mécanisme moléculaire sous-tendant l'effet fonctionnel émergent, mécanisme que l'on pourrait attribuer à une pluralité de dispositifs structuraux. Corrélativement, tel dispositif structural déterminé en termes moléculaires peut engendrer une variété d'effets possibles, compte tenu des diverses voies de biosynthèse et des conditions prévalant à leur actualisation. D'où la thèse que la relation d'un gène mendélien à un ingrédient moléculaire susceptible de combinaison génique ne saurait se réduire à une relation d'unité à unité : il s'agirait plutôt d'une relation de pluralité à pluralité. Dans le cas le plus favorable, sans doute pourrait-on soutenir que le lien de gène mendélien à gène moléculaire figure une implication biconditionnelle où l'antécédent représente une série disjonctive de facteurs et où le conséquent se présente de même manière. Même si formellement, on obtient ainsi une forme d'équivalence fonctionnelle, elle ne se saurait se révéler très éclairante dans la perspective de l'une comme de l'autre théorie [10]. En outre, ce type de formulation représente un type d'exercice que le biologiste semble peu pratiquer, dans la mesure où celui-ci opère, de façon relativement disjointe, suivant l'une ou l'autre des approches théoriques possibles et sans se préoccuper outre mesure de cohérence systématique entre ces approches.

Certes, de telles conditions font obstacle à une réduction effective de la perspective mendélienne et globale à l'approche structuro-fonctionnelle intégrée que traduit le programme d'analyse moléculaire. Mais la force du nouveau programme ressort néanmoins dans la façon dont il suggère la résorption

d'anomalies que le modèle spécifié par les lois de Mendel semblait ne pouvoir adéquatement surmonter [11]. Parce que la génétique moléculaire tente d'identifier les enchaînements de processus correspondant à la biosynthèse, elle peut aisément concevoir de façon schématique comment des déterminants géniques peuvent se commander mutuellement et obéir au dessein d'un ordre hiérarchique et fonctionnel. Autrement dit, il devient possible de se représenter selon quelle régulation complexe des éléments d'ADN et d'ARN peuvent coder la production de composants chimiques dotés de dispositions spécifiques, particulièrement catalytiques et régulatrices. Par exemple, l'épistasie avec la subordination séquentielle qu'elle suppose entre les gènes du fait de leur manifestations phénotypiques, apparaît concevable suivant les séquences de réactions chimiques propres à une *voie de biosynthèse*. Et l'effet de position, si manifestement rebelle à la logique de l'analyse mendélienne, peut s'expliquer par la présence et l'efficace d'unités de contrôle, tels les *opérons*, exerçant leur action sur une pluralité de gènes, à partir de fragments spécifiques de la molécule d'ADN. De façon significative, un gène peut, par catalyse d'un enzyme particulier, produire une protéine donnée, qui à son tour suscite l'intervention d'un second gène dont l'effet permet la production de nouvelle substances, et ainsi de suite par séquences de processus imbriqués les uns dans les autres. En parallèle, il est attesté qu'une pluralité de mécanismes divers peuvent engendrer les effets moléculaires auxquels s'identifieront des fonctions particulières. D'où un potentiel d'adaptation évolutive considérable pour des organismes où les mécanismes de biosynthèse peuvent se substituer les uns aux autres dans le maintien d'activités vitales.

Le lien de réduction présumée de la génétique mendélienne à la génétique moléculaire était traité par Hull d'après un modèle global de réduction inter-théorique conforme à celui qu'Ernest Nagel avait proposé dans *The Structure of Science* (1961). Hull a été de ce fait amené à contester qu'une telle réduction fût possible [12]. Mais, dans le même temps, il a attiré notre attention sur le fait qu'il ne faut pas confondre dans l'analyse deux théories reconstruites schématiquement et logiquement simplifiées, et deux traditions de recherche dont les éléments se sont historiquement imbriqués les uns dans les autres : le développement effectif de ces programmes ne saurait traduire de recoupement dont la délimitation soit suffisamment nette pour justifier une réduction inter-théorique rigoureuse, mais, dans le même temps, il y a lieu de reconnaître une certaine symbiose de ces programmes de recherche, et un chevauchement des modèles déployés de part et d'autre, même si la corrélation terme à terme des explications est impossible.

3. La corrélation des niveaux d'analyse par survenance

Au total, il semble donc que l'on ne puisse accrédi-ter aucune forme de réduction inter-théorique qui suffise à justifier la continuité logique ou déductive des propositions articulant les théories de part et d'autre. Au mieux, le lien de progression dans l'explication permet de concevoir une corrélation générale entre les principes du programme classique et les arguments sous-tendant l'explication dans le programme moléculaire. Mais il s'en faut de beaucoup qu'une simple transposition en termes de gènes moléculaires puisse, dans tous les cas, voire dans la plupart des cas, fournir des raisons suffisantes pleinement adéquates des effets phénotypiques et globaux. D'où la conclusion sans doute obligée : l'extension explicative moléculaire ne peut fournir de motif rigoureux en faveur de la réduction « linéaire » de la génétique classique à la génétique moléculaire. Tel est le constat de Kitcher au terme d'une mise en forme initiale du problème :

J'ai indiqué la possibilité que la génétique moléculaire puisse être considérée comme fournissant une extension explicative de la génétique classique parce qu'elle dériverait la proposition schématique

qui assigne les phénotypes aux génotypes d'une argumentation de type moléculaire. Cette possibilité apparente échoue de façon instructive. [...] Même si les réductionnistes se rabattent sur l'affirmation modeste que, bien qu'il y ait des paliers autonomes de l'explication biologique, les descriptions de cellules et de constituants cellulaires s'expliquent toujours en termes de descriptions de gènes, les descriptions de géométrie histologique en termes de descriptions de cellules, etc., les antiréductionnistes peuvent s'opposer à l'image d'un flux unidirectionnel de l'explication. Comprendre la manifestation phénotypique d'un gène, soutiendront-ils, requiert que l'on se déplace constamment entre les paliers tantôt dans un sens, tantôt dans l'autre. Parce que les processus développementaux sont complexes et que les changements affectant la séquence temporelle des événements embryologiques peuvent produire des effets en cascade à plusieurs niveaux, il arrive que l'on se serve de descriptions des niveaux supérieurs pour expliquer ce qui se déroule à un niveau plus fondamental [...] [13].

Ainsi, alors même qu'il rejette toute possibilité de réduction linéaire effective entre les concepts des théories impliquées, Kitcher semble insister sur l'idée d'une explication se déployant à plusieurs niveaux et intégrant des ensembles de données appartenant aux analyses pré-moléculaires et moléculaires. Il y aurait, somme toute, filiation phylogénétique d'une théorie à l'autre.

En réponse à diverses critiques, Kitcher a tenté d'expliquer sa conception antiréductionniste de la transition entre génétique classique et génétique moléculaire dans le cadre épistémologique plus large d'un modèle proposé en vue de représenter l'unification explicative en science [14]. Le modèle ainsi conçu fait valoir que les explications avancées, tant sous forme de lois générales ou de conséquences déduites de telles lois que sous forme de descriptions empiriques, se produisent et se justifient en fonction d'un arsenal particulier de formules et de modèles explicatifs (*explanatory store*). Cet arsenal fournit les formes particulières de dérivation caractéristiques d'une science à un moment donné de son évolution ; la scientificité de ces formes particulières tient à leur capacité de systématiser les représentations possibles de l'ordre naturel pour les phénomènes concernés [15]. L'explication scientifique se caractérise alors comme recherche d'unification des phénomènes par le biais de schèmes de dérivation qui assurent la systématisation des données. Suivant l'expression de Kitcher :

La science accroît notre compréhension de la nature en nous montrant comment dériver la description de maints phénomènes, en utilisant les mêmes modèles de dérivation encore et encore ; et en le démontrant, elle nous apprend comment réduire le nombre de types de faits que nous devons accepter comme ultimes (ou bruts) [16].

Pour qu'une dérivation explicative soit considérée valide pour un ensemble d'énoncés empiriques K admis par la communauté scientifique à un stade donné de la recherche, cette dérivation doit appartenir à l'arsenal explicatif applicable à cet ensemble K , [désigné par $E(K)$,] arsenal qui représente l'ensemble des modèles et des systèmes de représentation susceptibles de fournir l'unification visée. Kitcher entreprend de systématiser la structure argumentative d'un corps scientifique à un moment donné de son évolution en distinguant comme types de composantes : 1/ des propositions schématiques dont tous les termes non logiques sont susceptibles d'instantiation suivant des constats empiriques correspondants ; 2/ des instructions pour effectuer cette substitution d'entités aux termes non logiques ; 3/ une classification permettant d'établir l'architecture des rapports d'inférence dans le modèle d'argumentation en vigueur. La mise en œuvre de la structure argumentative dans son application à des cas particuliers d'analyse et d'explication implique un degré de tolérance pour les variations relatives tant à la structure logique représentée par la classification qu'à la substitution d'entités particulières aux variables non logiques des

énoncés schématiques. Ce degré de tolérance fixe la rigueur des instantiations empiriques de la structure argumentative ; mais il doit permettre une ouverture à des schèmes de causalité qui impliquent un dépassement des dérivations strictement comprises dans la structure. Il convient donc de concevoir des extensions possibles des formules applicables à l'ensemble K d'énoncés empiriques, car les pratiques explicatives sont appelées à promouvoir l'évolution et l'ajustement des modèles en vue d'une systématisation plus poussée du domaine [17]. En outre, la structure argumentative permettrait de comprendre la subordination des relations causales aux schémas et modèles de dérivation, puisque ceux-ci insèrent les constats empiriques de connexion causale sous un système de raisons déterminantes aussi conforme que possible à l'exigence d'unification explicative. Enfin, toute théorie deviendrait compréhensible à partir de l'ensemble des structures argumentatives qui président à sa construction en en dessinant en quelque sorte le modèle d'intégration. Cette formule d'analyse présenterait le considérable avantage d'éclairer de façon plus adéquate que ne le faisait l'approche de la réduction inter-théorique, le mode de développement de théories dont la structure axiomatique paraît difficile, voire impossible à assigner, alors même qu'elles constituent des programmes de recherche féconds.

Tel serait en particulier le cas de la génétique classique : on y serait même en peine d'assigner de véritables lois générales de transmission des gènes en fonction desquelles on pût établir ce qui ressemblerait à une représentation axiomatique. Les lois dites de Mendel sur la ségrégation et l'assortiment indépendant des éléments géniques semblent surtout avoir constitué des schèmes provisoires d'analyse par rapport auxquels les phénomènes étudiés ont manifesté des divergences croissantes. En fait, ces déviations typiques - linkage, effet de position, épistasie, absence de disjonction, etc. - comprises comme autant de processus influant sur la reproduction et la transmission des caractères phénotypiques montrent la théorie en sa dynamique de transformation. Kitcher voit dans la succession des théories des variantes de modèles analytiques pour la solution de problèmes dits de pedigree : il s'agit toujours de fixer un fondement génique pour rendre compte des effets phénotypiques à analyser et de leur distribution au fil des générations d'individus relevant du pedigree. En dessinant les ensembles de structures argumentatives qui se sont relayés dans la génétique au XXe siècle, Kitcher entend surtout montrer comment l'unification d'un champ de recherche empirique implique des modifications et des ajustements progressifs des modèles, alors même que la réduction linéaire des phases ultérieures aux antérieures apparaîtrait irréalisable.

La propre du modèle kitchérien est de faire concevoir la parenté « phylogénétique » qui unit les versions successives du programme de recherche génétique. Des combinaisons en quelque sorte modulaires d'éléments dessinent un *pattern* d'ensemble, un schéma des variantes théoriques, en même temps qu'elles déterminent des discontinuités relatives dans la façon de concevoir la grille d'interprétation des phénomènes.

Sous l'inspiration de ce modèle, **Alexander Rosenberg** a soutenu la possibilité d'une **réduction** qui interviendrait à la limite **entre génétique moléculaire et génétique mendélienne** et qui se fonderait sur la relation de survenance (*supervenience*) entre propriétés moléculaires et propriétés mendéliennes constitutives des objets d'analyse de part et d'autre [18]. **Il part d'une définition de la survenance qui se fonde sur deux propositions :**

1/ Si un ensemble de propriétés A résulte par survenance (supervenies) d'un autre ensemble plus fondamental de propriétés B, alors deux objets qui partagent des propriétés identiques de l'ensemble plus fondamental B ne peuvent différer dans les propriétés qu'ils partagent avec l'ensemble A.

2/ Si l'ensemble des propriétés A résulte par survenance de l'ensemble B, alors il se peut qu'aucune propriété de l'ensemble A ne puisse être définie ou reliée pratiquement (manageably) à aucun ensemble de propriétés de l'ensemble B [19].

Dans le fond, le modèle de la survenance permet de postuler que les bases structurales consistant en un ensemble de propriétés physico-chimiques sous-jacentes déterminent de façon univoque les propriétés formant l'ensemble global émergent. Tout se passerait comme si le biologiste adhérait à la thèse que si tel trait phénotypique se produit nécessairement du fait que le système génique moléculaire présente telle constellation de propriétés données, chaque fois que la constellation se trouve de nouveau réalisée, la propriété phénotypique s'ensuivra. Cette thèse de co-variation implique toutefois qu'il n'est pas possible de dériver par l'analyse la propriété survenante en tant que telle à partir des propriétés physico-chimiques qui en conditionnent l'apparition, puisqu'elle se situe en quelque sorte à un autre niveau d'intelligibilité. Mais la parfaite détermination des conditions sous-jacentes fait figure de condition à la fois nécessaire et suffisante pour rendre compte de la propriété survenante. Or, dans le cas des mécanismes moléculaires sous-tendant les phénomènes génétiques, une pluralité quasi infinie de constellations de propriétés sous-jacentes - incluant des conditions de détermination en réseau et de rétroaction fonctionnelle - peut conditionner suivant diverses alternatives possibles le surgissement de l'effet de surface. Certes, en vertu de la règle de correspondance liée à l'uniformité des lois de la nature et fondée sur le principe de déterminisme, la propriété survenante ne pourrait pas ne pas se produire si l'un ou l'autre des membres de l'alternative en termes de constellations de propriétés moléculaires est actualisé. Soit R le trait phénotypique et les déterminations mendéliennes s'y rattachant, soit $P_1, P_2, P_3... P_n$ les diverses propriétés moléculaires sous-jacentes constituant respectivement les conditions nécessaires et suffisantes d'apparition du trait émergent. On pourrait alors caractériser la relation d'émergence de la façon suivante :

$$R \text{ ,,] } P_1 \text{ ou } P_2 \text{ ou } P_3 \text{ ou } \dots P_n$$

Dans ces conditions, la réduction prendrait l'allure d'une compatibilité des registres de données d'analyse incorporées en P et en R . Certes, pour Rosenberg, il ne saurait aucunement être question d'admettre l'indépendance du niveau survenant R par rapport au niveau déterminant P , comme le requerrait un tenant de l'antiréductionnisme radical. Mais il s'agit de reconnaître que spécifier la série complète des ensembles de conditions déterminantes figurant en P peut dépasser toute capacité pratique de réaliser l'analyse en raison d'une multitude de microvariables qu'il conviendrait de prendre en compte.

Ce modèle n'échappe pas à la critique. Il est manifeste en premier lieu que la pluralité des niveaux d'intégration permet difficilement de retranscrire les relations de détermination suivant un schéma aussi simple de correspondance univoque, impliquant la stricte équivalence et la transitivité dans le passage d'un niveau à l'autre. Par ailleurs, est-il possible de détailler des constellations de propriétés sous-jacentes de façon telle qu'elles puissent former les branches équivalentes d'alternatives multiples ? La décomposition analytique en systèmes de propriétés discrètes ne tient guère compte des propriétés en quelque sorte synthétiques et dynamiques liées à la présence et à l'activation de boucles de rétroaction, typiques de l'intégration organique et de l'organisation vitale. Tout porte également à croire que l'on ne saurait être confronté à des équivalences parfaites en termes de séquences de processus biosynthétiques ou régulateurs. N'y aurait-il pas lieu de présumer que certains facteurs propres aux phénomènes de niveau supérieur interfèrent avec l'ordre de détermination des processus subordonnés, l'infléchissant dans certains cas ? Cela semble en effet se produire pour tout système organique soumis à des

déterminations évolutives d'où résultent des adaptations subséquentes. Ernst Mayr s'objectait ainsi au réductionnisme moléculaire en récusant que les effets biologiques émergents et complexes puissent dériver strictement des mécanismes biochimiques élémentaires sous-tendant les phénomènes génétiques. Mayr soutient que « les processus de niveau supérieur sont souvent largement indépendants de ceux que l'on trouve à des niveaux inférieurs [...] » [20]. Mais on ne saurait concéder, du point de vue méthodologique, que le niveau survenant implique des processus novateurs dont les conditions déterminantes non seulement ne résulteraient pas des structures et des processus sous-jacents, mais encore surgiraient de façon totalement indépendante par rapport à ces structures et à ces processus. Il serait sans doute plus exact et suffisant d'admettre que les conditions déterminantes seraient indéchiffrables si l'on se privait de la référence aux caractéristiques fonctionnelles et globales. Ce sont ces caractéristiques que révèle l'analyse même des phénomènes survenants issus de l'intégration complexe des structures et des processus moléculaires. Les relations inhérentes à l'ordre biologique surgissent précisément des conditions qui instituent cette intégration, parmi lesquelles figurent les mécanismes d'interaction représentant la sélection naturelle. Telle est sans doute la façon positive de réinterpréter une position antiréductionniste. La question à trancher est celle de savoir si la nécessité de recourir à des analyses axées sur les paliers supérieurs d'intégration par delà toute dérivation génétique à partir des mécanismes moléculaires est purement due à une limitation fonctionnelle de nos moyens de connaissance pour le présent ou s'il s'agit d'une contrainte issue de la nature spécifique des objets à connaître, qui impliquent eux-mêmes des formes d'intégration hypercomplexes. **Contrairement à Rosenberg, Mayr se situait plutôt du côté de la seconde branche de l'alternative - position selon laquelle les réalités biologiques ne sauraient être conçues comme intégralement réductibles aux processus des parties que l'on y distingue par l'analyse. Nous avons sur cette question tendance à accrédi- ter une position comme celle Rosenberg. Certes, les arguments invoqués par Mayr consacraient une érosion majeure du réductionnisme méthodologique. Mais le modèle épistémologique de la survenance s'impose lorsqu'il faut rendre compte des relations causales qui articulent les processus génétiques.** Même s'il paraît difficile d'en retracer le mode complexe d'opération dans le développement des organismes, les propriétés et dispositions des gènes ne peuvent sans doute se concevoir qu'en termes de combinaisons de structures et d'interactions biochimiques. Ainsi se définit l'orientation analytique du programme de recherche hautement composite que constitue la génétique aujourd'hui.

4. La rétroaction des structures émergentes dans l'explication

Revenons toutefois, à ce stade de l'analyse, sur la nécessité d'insérer la rétroaction des structures et des processus émergents dans l'explication biologique. Il est aisé de se représenter le corps comme une mécanique complexe dont le développement serait entièrement commandé par des gènes moléculaires, ordonnés à leur propre réplication et agissant comme des éléments de détermination stricte des constructions organiques émergentes. La vision qui se dégage alors de la description visée est celle d'une parcellisation extrême des structures vitales et d'une dérivation rigide des fonctions résultantes. Contre cette vision radicalement réductionniste, se développe la tendance à prendre en compte le point de vue de l'intégration. Suivant cette perspective, l'analyse doit se fonder sur la représentation des systèmes de développement de l'organisme intégré et sur leur dynamique variable : ce qui ressort alors, c'est le caractère changeant et ajustable des processus et des combinaisons de structures élémentaires qui déterminent la construction organique et par suite l'organisation vitale. La construction organique repose en effet sur les interactions multiples entre les gènes moléculaires et d'autres composantes non géniques, à la fois internes et externes aux organisations cellulaires. La notion même de gène moléculaire devient

alors relative à la combinatoire de ces interactions. À la limite, le gène moléculaire n'apparaît même plus comme une structure circonscrite de triplets d'acide aminés, constitutive des divers allèles à un locus chromosomique donné et sous-tendant de façon causale les réactions chimiques du développement organique. Outre la pluralité des types de segment génique moléculaire en cause et outre la fréquente pluri-fonctionnalité de ces segments, les mécanismes de transmission, eux-mêmes divers, altèrent en effet fréquemment l'ordre de segmentation des molécules géniques. À l'autre bout de la chaîne, ce sont des contextes contingents et variables qui déterminent et affectent les processus morphogénétiques en agissant sur la base moléculaire et sur les mécanismes de transcription des éléments géniques.

La critique ne peut que s'exercer à l'encontre d'une génétique moléculaire qui supposerait que l'ADN contient sous formes de segments géniques parfaitement discrets l'ébauche préformée de toute expression sous forme de séquences de polypeptides indépendamment du système organique dans lequel cette expression se manifeste, que ce soit une cellule ou l'organisme tout entier. Certes, personne ne nie que le contexte morphogénétique puisse avoir une influence sur le mécanisme d'expression, mais la tendance réductionniste voudrait que l'on considère cette influence comme méthodologiquement accessoire, donc non strictement requise pour expliquer l'organisation résultant de l'expression génique. C'est d'ailleurs sur ce point que la métaphore du programme ou du code régissant la transcription est le plus susceptible de troubler la compréhension des processus en les rabattant sur un système de préformation déterminante, plutôt que sur un système qui laisse place à l'épigenèse dans la mise en œuvre des prédispositions géniques et de leur infrastructure moléculaire type. Il ne s'agit certes pas de dénier aux gènes moléculaires comme segments types d'ADN un rôle causal essentiel dans l'explication des traits phénotypiques de l'organisme, mais de contester que l'on puisse décomposer analytiquement les propriétés structurales et fonctionnelles des cellules et des organismes globaux en des raisons déterminantes strictes au plan des combinaisons moléculaires, sans tenir compte des déterminations qui dépendent du contexte cellulaire et organismique. Pour citer Griffiths et Gray :

Les gènes ne sont qu'une des ressources disponibles pour les processus de développement. Il y a symétrie fondamentale entre le rôle des gènes et celui du cytoplasme maternel ou celui de l'apprentissage du langage par l'enfant. La gamme complète des ressources de développement représente le système complexe qui est reproduit dans le développement. Il y a fort à dire sur le rôle spécifique des ressources particulières. Mais rien ne permet de les distinguer en deux espèces fondamentalement distinctes. Le rôle des gènes n'est pas plus unique que le rôle de maint autre facteur [21].

Le présupposé tacite d'un tel antiréductionnisme consiste dans le refus d'imaginer qu'il soit possible de parvenir un jour à traiter analytiquement tous et chacun des éléments du système de développement sur la base de leurs équivalents moléculaires. Pour le présent, la plupart des éléments de ce système ne sont considérés qu'à travers les effets globaux qui semblent en émerger et que l'on ne parvient à décrire pour l'instant qu'en termes de processus fonctionnels. Des anti-réductionnistes radicaux vont sans doute plus loin et tiennent cette impossibilité provisoire de tout transcrire dans le registre moléculaire pour une impossibilité fondamentale de la connaissance biologique, ce qui me semble épistémologiquement insoutenable. Compte tenu des spécificités de cette connaissance, la détermination des phénomènes et particulièrement des processus en jeu relèverait des propriétés du système, en tant que celles-ci dépasseraient celles de ses éléments composants.

Dans un article récent, Eva Neumann-Held expose les principes de ce type d'interprétation anti-réductionniste en un résumé éloquent [22]. 1) Les gènes et le contexte de développement déterminent les phénotypes conjointement. 2) Les effets découlant des variations géniques et contextuelles se conditionnent réciproquement dans le temps. 3) Les facteurs internes et externes intervenant dans le développement, les premiers assujettis aux gènes moléculaires, les seconds aux conditions contextuelles, s'impliquent mutuellement dans la production causale des phénotypes émergents : d'où un processus de co-définition des gènes et des facteurs contextuels de développement. 4) L'information programmée au fondement de l'organisation émergente ne découle ni seulement du gène, ni seulement de l'environnement, mais de leur interrelation. 5) La régulation des processus de construction organique ne réside pas exclusivement dans les séquences moléculaires géniques, mais elle résulte du système organique intégré à ses divers stades de développement. 6) Ce qui fait l'objet de transmission héréditaire ne se réduit pas aux gènes seuls, mais correspond à la capacité du système d'organisation vitale que les gènes co-déterminent. Bref, le gène fonctionnel excèderait dans son mode d'opération et ses propriétés les limites d'une séquence génique moléculaire donnée.

Certes, Neumann-Held entend prolonger l'argumentation en soutenant que, même du point de vue structural, le gène moléculaire ne saurait se définir sans référence au contexte d'émergence morphogénétique qui en module la discrimination par rapport aux structures connexes. Et cela commence avec le processus même de transcription.

Le processus de transcription, affirme-t-elle, lie l'ADN à un contexte de système plus large dans lequel des parties du système interprètent des parties de l'ADN comme structure de façon contingente par rapport au contexte développemental. De façon constante, l'ADN, les enzymes et d'autres facteurs environnementaux qui participent causalement à la régulation de ces processus interagissent. Qu'est-ce qui crée cette constance dans tels organismes de telle espèce dans telle situation ? L'explication ne se trouve visiblement pas dans le 'programme' de l'ADN comme on l'a soutenu traditionnellement, puisque, indépendamment du contexte du système, l'ADN n'a ni structure, ni fonction, ni programme, ni information. Plutôt, la constance du processus de transcription doit être attribuée à la constance des patterns d'interaction entre les composantes participantes [23].

Ainsi s'expliquerait en particulier la relative mutabilité contextuelle des zones codantes et des zones régulatrices de la molécule d'ADN. Les mêmes considérations vaudraient aussi pour les processus de transcriptions de l'ARNm de façon à constituer les séquences linéaires de polypeptides. Une contingence certaine affecte ces processus suivant le traitement accordé aux introns et aux exons et suivant les séquences d'acides aminés résultantes. Gray compare la molécule d'ADN à un texte littéraire composé de séries de lettres reliées en unités de signification plus ou moins longues [24]. La signification de ces unités apparaîtrait lorsqu'un lecteur possédant la culture et l'expérience appropriées les parcourt du regard. Ce serait le rôle du contexte développemental d'effectuer une lecture analogue des segments d'ADN en vue d'en assurer la transcription et l'expression en synthèses de protéines suivant les séquences de polypeptides correspondantes. La position extrême de Neumann-Held consiste à filer la même métaphore, en présumant toutefois que le texte n'est pas d'emblée constitué d'ensembles signifiants de signes, mais qu'il devient tel par le seul effet du déchiffrement qu'opère le lecteur : celui-ci représente ici le contexte développemental interagissant avec les structures géniques de façon à les révéler. « Indépendamment du système développemental, il n'y a pas de flux d'information provenant de l'ADN » [25].

Même si l'on s'abstient d'adhérer à un anti-réductionnisme aussi fortement marqué, quelques considérations retiennent l'attention. Concept théorique de base d'une biologie qui entend unifier et réguler la recherche sur l'organisation vitale, le concept de gène ressort de l'analyse scientifique contemporaine comme comportant des variantes sémantiques importantes, en même temps que des référents divers suivant le contexte de l'analyse. Comment ne pas tirer de ce fait le constat d'un usage éminemment pragmatique du concept dans la pratique scientifique et donc d'une modélisation de cet objet conforme aux besoins mêmes de la recherche ?

Dans cette perspective, c'est une acception fonctionnelle du gène qui semble prévaloir, selon laquelle un flux d'information dériverait de l'ADN par le moyen de l'ARNm pour aboutir, suivant des processus complexes et variables, à la synthèse des protéines, qui déterminerait seule les traits phénotypiques correspondants. Or cette définition fonctionnelle, inspirée d'un réductionnisme marqué, donnerait une fausse assurance de dérivation causale, puisqu'elle occulte en quelque sorte les mécanismes complexes qui sous-tendent l'interaction des éléments géniques et des facteurs contextuels non géniques responsables, interactions multiples qui conditionnent proprement les effets de surface. Aussi Neumann-Held entend-elle redéfinir le terme de gène, de façon à y intégrer la totalité de ces interactions et donc les éléments non géniques du contexte développemental.

Il n'est pas sûr toutefois que, dans ces conditions, tout n'apparaisse pas dans tout, faute de pouvoir suivre dans le détail et sur le plan même de leur imbrication les mécanismes divers qui incarnent cette circularité des déterminations entre gène et environnement, comme entre le plan des génotypes et celui des phénotypes. Cette tendance apparaît lourdement dans les conclusions avancées par Neumann-Held. Concevoir le gène selon une approche constructiviste, soutient-elle, consiste à faire du gène « un produit de processus, qui sont sans doute eux-mêmes des produits de processus ». Comment dans ces conditions éminemment relatives, assigner au gène le rôle d'un déterminant premier des processus aboutissant aux effets phénotypiques, surtout si l'on considère ces effets aux divers paliers de l'intégration organique ?

5. Conclusion. Le réductionnisme comme exigence pragmatique

Par nécessité méthodologique, sans doute faut-il pratiquer *a contrario* un réductionnisme suffisant pour justifier la démarche analytique de la science en matière d'analyse génétique ? Comme certains le proposent, le terme de gène en biologie moléculaire pourrait renvoyer à toute condition structurale sous-jacente à quelque séquence linéaire produite par expression génique à quelque niveau que celle-ci se situe [26]. Cela signifie que le gène réfère à des structures moléculaires distinctes ou différemment composées suivant que l'on cerne son effet à des niveaux distincts d'expression, au plan de l'ADN ou de l'ARNm., au plan de la transcription de celui-ci ou au plan de modifications découlant de la transcription même. Sans nier l'influence du contexte de développement, la seule solution possible pour établir les séquences de déterminations géniques, est d'appliquer une clause méthodologique *ceteris paribus* qui permette de se restreindre au contexte génétique par abstraction d'un contexte de développement indéfiniment extensible, quitte par la suite à moduler les processus spécifiques qu'aura identifiés l'analyse, en prenant en compte des circonstances externes au flux de détermination émanant du génome. Telle est la voie d'une discrimination analytique des séquences types pour fins de recherche, plutôt que d'explication théorique. Avec une certaine brutalité de présentation, c'est cet aspect pragmatique de la démarche réductionniste que Sahotra Sarkar met en scène notamment dans son récent ouvrage *Genetics and Reductionism* [27] (1998).

Dans un autre récent ouvrage au titre provocateur, *Sex and Death. An Introduction to Philosophy of Biology*, Kim Sterelny and Paul E. Griffiths, après avoir étudié ce qu'ils ont désigné comme deux consensus, l'un réductionniste, l'autre anti-réductionniste sur la théorie génétique, tendent à renvoyer les protagonistes de la thèse et de l'antithèse dos à dos : « Notre conclusion, disent-ils, après examen à la fois du consensus anti-réductionniste et du consensus réductionniste est que personne ne gagne » [28]. Cela n'est pas sans rappeler aux francophones que nous sommes la formule de renvoi dos à dos des adversaires, jadis fort prisée d'un certain philosophe vitaliste. Cette formule présume que l'on puisse trancher les antinomies en les résorbant, ou plutôt en les absorbant par intégration en quelque dynamique supérieure ou en quelque approche analytique plus fondamentale. C'est un peu cela que nous racontent ces deux auteurs :

De considérables progrès se sont réalisés sous les deux positions dans la compréhension des relations entre biologie moléculaire et génétique classique. Il est devenu évident que la théorie réductrice n'est pas réellement indépendante de la théorie qu'elle est censée réduire. La génétique moléculaire n'a pas émergé de façon nette comme nouvelle discipline dotée de catégories et de lois qui expliqueraient les réussites de son prédécesseur. Plutôt, la biologie moléculaire a subsumé et enrichi la génétique classique en en faisant la génétique de transmission contemporaine, qui joue encore un rôle dans la détermination des fonctions réelles des segments d'ADN [29].

La biologie moléculaire n'est pas qu'une application de la biochimie à l'analyse de certains processus complexes. Comme en témoigne un récent article de Rosenberg [30], cette biologie présume que son objet d'analyse émerge au terme d'un processus d'évolution, que cet objet se caractérise alors par une organisation cellulaire complexe et hautement diversifiée et qu'il dépend pour son développement d'un contexte externe et interne combinant de multiples déterminations interactives. La physique et la chimie qui interviennent dans ce cadre d'analyse restent tributaires d'une compréhension intégrée du vivant dans son ordre et son devenir propres. Mais il est également incontestable que la pratique inventive en biologie contemporaine consiste à pousser à l'extrême l'utilisation et l'exploitation de modèles analytiques réductionnistes qui permettent seuls de faire progresser la connaissance des causalités particulières et partielles à l'intérieur du cadre régulateur que fournit la représentation de l'organisation du vivant et de ses processus. Ce cadre régulateur se présente non pas comme une construction théorique achevée, mais, même dans le domaine de la biologie moléculaire, comme un schéma apte à guider l'analyse et à produire la corrélation de modèles spécifiques dont il s'agit de percevoir ou d'établir le lien de parenté. De ce point de vue, la notion de gène moléculaire rejoint la notion de cellule dans la biologie antérieure, et le programme d'analyse génomique et protéomique découle par apparemment phylogénétique du programme d'analyse organismique.

Je conclurai donc en tentant de décrire l'orientation des recherches moléculaires contemporaines sur l'organisation du vivant. Dans la structure d'une recherche comme celle de la biologie moléculaire, une provision significative existe pour l'élaboration de modèles. En fait, il semble possible de reconnaître que le schéma théorique a essentiellement pour fin d'orienter l'analyse vers une discrimination de plus en plus poussée des structures internes et des mécanismes fonctionnels qui s'y déploient : l'objectif ultime est alors de parvenir à des lois morphogénétiques ou physiologiques. Dans ces conditions, le schéma ne sert pas à coiffer l'édifice d'une notion descriptive achevée, qui résumerait en elle toute la 'rationalité' des phénomènes, mais à symboliser le domaine empirique à investir par des méthodes d'analyse et des constructions *a posteriori*. La notion descriptive de gène moléculaire enveloppe certes l'état des connaissances acquises sur les processus vitaux élémentaires, mais c'est un

moyen plutôt qu'une fin en soi. La notion de gène moléculaire, comme figure schématique, influence la façon de sélectionner les phénomènes clés en raison de leur anormalité apparente, en raison de leur caractère fonctionnel et adaptatif, en raison de leur relation à d'autres ordres de considérations théoriques. La notion de gène permet aussi l'intégration de pratiques provenant d'autres disciplines scientifiques aux fins de l'analyse structurale de l'organisation vitale. Derrière une stabilité apparente, la notion de gène moléculaire, évolutive et problématique, suscite des modèles explicatifs. Elle vaut ce que valent et signifie ce que signifient les recherches analytiques et les constructions *a posteriori* que l'analyse contribue à engendrer [31].

Dans cette perspective, sans doute n'y a-t-il pas de solution radicale de continuité, de rupture autant qu'on tend à le croire entre les façons présentes et passées de faire de la biologie. Je retiendrai de ce point de vue la métaphore qu'une position épistémologique analogue a inspirée à Kenneth Waters dans un récent article intitulé « Molecules made Biological ». Je ne puis faire mieux que de vous la présenter :

La vraie question est de savoir si la génétique et d'autres sciences biologiques seront conquises et annexées aux sciences physiques parce qu'elles se trouvent refaçonnées selon l'analyse moléculaire. Je crois qu'on peut ainsi répliquer à cette mise en cause. Si la situation en génétique devait s'interpréter comme celle d'une tête de pont dans une guerre entre des annexionnistes qui s'emploient à transformer la biologie en science physique et des autonomistes qui entendent en préserver le caractère distinctif, nous devrions reconnaître que les autonomistes ont gagné. L'invasion des sciences physiques et chimiques a pris l'allure d'une invasion de territoire. Tels les Romains jadis, les envahisseurs peuvent sembler gouverner la province conquise, mais ils ont fini par adopter la culture de ceux qu'ils ont conquis. Si les molécularistes ont conquis la génétique, les envahisseurs parlent et se conduisent désormais comme ceux qu'ils conquis : la structure de leurs classifications, leurs modèles explicatifs, et leurs modes d'investigation reflètent une recherche visant les fonctions, les homologies, l'explication évolutionnaire. La science des molécules, comme le concept de gène moléculaire, commence à ressembler tout à fait à de la biologie [32].

Notes :

[1] F. Jacob, *La logique du vivant*, Paris, Gallimard, 1970, 325.

[2] J.D. Watson & F.H.C. Crick, « A structure for desoxyribose nucleic acid », *Nature*, 171 (1953), 737-738 ; « Genetical implications of the structure of desoxyribonucleic acid », *Nature*, 171 (1953), 964-967.

[3] La biologie moléculaire comporte des définitions et des territoires plus anciens que le programme de recherche auquel Watson et Crick ont fourni une remarquable illustration. À ce propos, cf. L.E. Kay, *The Molecular Vision of Life. Caltech, the Rockefeller Foundation and the Rise of a New Biology*, Oxford, Oxford University Press, 1993 ; M. Morange, *Histoire de la biologie moléculaire*, Paris, Éditions La Découverte, 1994.

[4] T.H. Morgan, A.H. Sturtevant, H.J. Muller, *The Mechanism of Mendelian Heredity*, New York, H. Holt & Co., 1915. Sur la génétique mendélienne, l'étude historique la plus complète est celle de L. Darden, *Theory Change in Science. Strategies from Mendelian Genetics*, Oxford, Oxford University Press, 1991.

[5] Les quatre éditions 1965, 1970, 1976 et 1987 de *Molecular Biology of the Gene*, le traité rédigé sous une direction collective, illustrent assez bien les phases de ce développement, cf. J.D. Watson, N.H. Hopkins, J.W. Roberts, J.A. Steitz & A.M. Weiner, *Molecular Biology of the Gene*, Menlo Park (California), Benjamin/Cummins Publishing Co., 1987.

[6] J. Monod, *Le hasard et la nécessité*, Paris, Éditions du Seuil, 1970.

[7] Sur les divers modèles diachroniques du développement théorique, cf. F. Suppe (ed.), *The Structure of Scientific Theories*, 2nd ed., Urbana (Illinois), University of Illinois Press, 1977.

[8] D. Hull, *Philosophy of the Biological Science*, Englewood Cliffs (N.J.), Prentice-Hall, 1974, 8-44.

[9] D. Hull, *The Philosophy of Biological Science*, 24.

[10] Cf. A. Rosenberg, *Instrumental Biology or the Disunity of Science*, Chicago, University of Chicago Press, 1994, 21-22 : « Any single Mendelian property is the result of the occurrence of a hideously complex conjunction and disjunction of molecular properties. In fact the bridge principles, if we bothered constructing them would be roughly of the form of an indefinitely long biconditional, each side of which is a disjunction over a vast number of further disjunctions. It looks like this :

$$(X)(Dx \text{ ,, } Fx \text{ ,, } Gx \text{ ,, } \dots \text{ ,,}] Wx \text{ ,, } Sx \text{ ,, } Tx \text{ ,, } \dots)$$

[11] . Ainsi peut-on faire état d'analyses susceptibles d'offrir un modèle explicatif pour des phénomènes qui ressortissent à l'épistasie, à la pléiotropie et à l'effet de position. Cf. T. Lender, R. Delavault & A. Le Moigne, *Dictionnaire de biologie*, 2e éd., Paris, Presses Universitaires de France, 1992, 171 : Épistasie : « Type d'interaction d'une gène appelée épistatique avec un ou plusieurs gènes non allèles. L'expression des derniers est supprimée ou altérée et le phénotype montre les caractères du gène épistatique ». 344 : Pléiotropie : « Propriété d'un gène lui permettant de commander la réalisation de plusieurs caractères différentes ». 160 : Effet de position : « Effet lié aux places qu'occupent les gènes les uns par rapport aux autres. Si leur distribution normale se trouve modifiée (inversion), leur activité se trouve elle-même modifiée. Les gènes n'agissent donc pas indépendamment les uns des autres ».

[12] E. Nagel, *The Structure of Science. Problems in the Logic of Scientific Explanation*, London, Routledge & Kegan Paul, 1974.

[13] P. Kitcher, 1953 and all that : a tale of two sciences, in E. Sober (ed.), *Conceptual Issues in Evolutionary biology*, 2e éd., Cambridge (Mass.), MIT Press, 1994. 379-399, ici 397-398.

[14] P. Kitcher, « Explanatory unification and the causal structure of the world », in P. Kitcher & W.C. Salmon (eds.), *Scientific Explanation*, Minnesota Studies in the Philosophy of Science XIII, Minneapolis, University of Minnesota Press, 1989, 410-505.

[15] Il est utile de noter que cette conception s'appuie sur l'analyse proposée par M. Friedman, « Explanation and scientific understanding », *Journal of Philosophy*, 71 (1974), 5-19. Mais Kitcher corrige en quelque sorte le modèle leibnizien de la science selon Friedman - recherche de compréhension du plus grand nombre de faits à partir d'une déduction du nombre le plus réduit possible de prémisses - en remplaçant les relations déductives par le jeu de la similarité des structures explicatives (*patterns*) englobant les dérivations (*connections*) possibles.

[16] P. Kitcher, « Explanatory unification and the causal structure of the world », 432.

[17] Un exemple tout à fait remarquable de cette capacité d'ajustement des modèles suivant l'incidence des cas empiriques concerne la découverte par Zaugg et Cech en 1986 d'une fonction enzymatique assumée non plus exclusivement par une structure protéinique, comme le professait la tradition de recherche moléculaire, mais par une structure de l'ARN ribosomique [cf. A.J. Zaugg & T.R. Cech, « The intervening sequence RNA of *Tetrahymena* is an enzyme », *Science*, 231

(1986), 470-375]. Ce phénomène mis en évidence chez le protozoaire cilié *Tetrahymena thermophila* constitue une sorte de révolution ; mais celle-ci se trouve assimilable au schéma théorique de la génétique moléculaire grâce à une extension analogique des modèles standard et aux techniques mises en œuvre pour résoudre les anomalies. La flexibilité du schéma argumentatif alors déployé est analysée par S. Culp & P. Kitcher, « Theory structure and theory change in contemporary molecular biology », *British Journal for the Philosophy of Science*, 40 (1989), 459-583.

[18] En fait, A. Rosenberg annexe la formulation explicite du schéma de Kitcher dans *Instrumental Biology or the Disunity of Science*, 40-46. Mais, dans ses travaux antérieurs, il se déclare très près de partager les thèses de Kircher sur la génétique.

[19] A. Rosenberg, *The Structure of Biological Science*, 113.

[20] E. Mayr, *The Growth of Biological Thought*, 60, cf. A. Rosenberg, *The Structure of Biological Science*, 117.

[21] P.E. Griffiths & R.D. Gray, « Developmental systems and evolutionary explanations », *Journal of Philosophy*, 91 (1994), 277-304, ici 277 : « The genes are just one resource that is available to the developmental process. There is a fundamental symmetry between the role of the genes and that of the maternal cytoplasm, or of childhood exposure to language. The full range of developmental resources represents the complex system that is replicated in development. There is much to be said about the different roles of particular resources. But there is nothing that divides into two fundamental kinds. The role of the genes is no more unique than the role of many other factors. »

[22] E. Neumann-Held, « The Gene is Dead - Long Live the Gene ! Conceptualizing Genes the Constructionist Way », in P. Koslowski (Ed.), *Sociobiology and Bioeconomics. The Theory of Evolution in Biological and Economic Theory*, Berlin-Heidelberg-N.Y., Springer Verlag, 1999, 105-137.

[23] E. Neumann-Held, *Ibid.*, 119 : « The process of transcription , affirme-t-elle, binds the DNA in a larger system context, in which parts of the system interpret parts of the DNA as a *structure*, in a way which is contingent upon the developmental context. [...] in constant ways DNA, enzymes and other environmental factors, which causally participate in the regulation of these processes, interact with each other. What creates this constancy in *these* organisms of *this* kind in *this* situation ? The explanation can obviously not be looked for in the 'program' of the DNA, as it has been done traditionally, because independently of context and system, the DNA has neither structure, nor function, nor program, nor information. Rather, the constancy of the transcriptional processes has to be attributed to the constancy of the patterns of interaction of the participating components. »

[24] R. Gray, « Death of the Gene : Developmental Systems Strike Back », in P. Griffiths (Ed.), *Trees of Life*, Dordrecht/Boston/London, Kluwer, 1992, 165-209, ici 177.

[25] E. Neumann-Held, *op. cit.*, 126.

[26] C.K. Waters, « Genes made Molecular », *Philosophy of Science*, 61 (1994), 163-185, ici, 178 : « The fundamental concept [] is that of gene for a linear sequence in a product at some stage of genetic expression ».

[27] S. S. Sarkar, *Genetics and Reductionism*, Camrdge, Cambridge University Press, 1998.

[28] K. Sterelny & Paul E. Griffiths *Sex and Death. An Introduction to Philosophy of Biology*, Chicago, University of Chicago Press, 1999, 147 : « Our conclusion after reviewing both the 'antireductionist consensus' and the 'reductionist consensus' is that nobody wins ».

[29] K. Sterelny & P.E. Griffiths, *Ibid.*, 147 : « Rather, considerable progress in understanding the relationship between molecular biology and classic genetics has been made under both headings. It has become clear that the reducing theory is not really independent from the theory it is supposed to reduce. Molecular genetics did not emerge cleanly as a new discipline with categories and laws that explained the successes of its predecessor. Instead, molecular biology has subsumed

and enriched classic genetics, turning it into the modern transmission genetics that still plays a crucial role in determining the actual functions of stretches of DNA. »

[30] A. Rosenberg, « Reductionism in a Historical Science », *Philosophy of Science*, 68 (2001), 135-163.

[31] Ainsi rejoint-on à propos de la biologie moléculaires certaines des conclusions épistémologiques que j'avais proposées au sujet de la théorie cellulaire : F. Duchesneau, *Genèse de la théorie cellulaire*, Paris, Vrin ; Montréal, Bellarmin, 1987, 363-267.

[32] C. K. Waters, « Molecules made biological », *Revue Internationale de Philosophie*, n° 214 (2000), 539-564, ici 561.

JAEGWON KIM et L'ÉMERGENCE

Par François LOTH ⁴

Réflexions sur le dernier ouvrage de paru chez Ithaque:

« Trois essais sur l'émergence » De Jaewon Kim

Les propriétés émergentes sont des propriétés nouvelles se manifestant au-dessus d'entités plus fondamentales et qu'on ne peut réduire aux propriétés de leur base.

L'émergence dont il est question dans les [*trois essais sur l'émergence*](#) de Jaegwon Kim, (recueil de textes traduits par Mathieu Mulcey, éditions Ithaque, novembre 2006) n'est donc pas une émergence que l'on pourrait qualifier de « résultante » ou d'« additive » et qui consisterait à n'être rien de plus que l'addition des propriétés de sa base. Ainsi, la nouvelle propriété – la masse par exemple - qui émerge du meuble façonné par l'ébéniste et qui correspond à la somme des masses de ses parties, est certes nouvelle, mais pas au sens où le comprend l'émergentiste. L'exemple de la transparence de l'eau, par contre, apparaît comme une propriété nouvelle émergente dans le sens où elle est complètement étrangère aux propriétés de l'oxygène et de l'hydrogène. On pourrait, en effet, connaître entièrement les propriétés de l'oxygène et de l'hydrogène, mais ne pas savoir que lorsque ces entités se combinent d'une certaine manière, la substance nouvelle possède la propriété de la transparence.

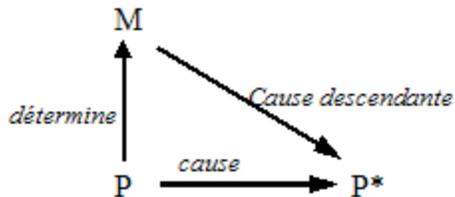
Ainsi, l'ontologie émergentiste décrit un monde physique constitué de structures physiques simples ou composées. Cependant, pour ces dernières, ce qui les constitue ne sont pas de simples agrégats de structures simples. En effet, dans cette image métaphysique d'un monde stratifié par niveaux et s'élevant dans la complexité, chaque nouvelle strate voit naître une série de qualités nouvelles. Les propriétés nouvelles qui émergent de ces entités ne sont pas des propriétés structurelles dans le sens où elles seraient constituées par l'occurrence des propriétés et des relations des entités de la strate inférieure, non, elles sont nouvelles, parce qu'elles sont porteuses de nouveaux pouvoirs causaux primitifs.

Pour expliquer ce qu'est l'émergence et élucider les raisons d'un certain renouveau de la doctrine, Jaegwon Kim, à travers ses trois essais, examine la notion et la met face aux difficultés métaphysiques qu'elle génère : la nature du lien entre la nouvelle propriété et sa base, les pouvoirs causaux, l'image métaphysique d'un monde hiérarchisé. Si Jaegwon Kim se consacre ainsi à l'analyse puis à la critique de l'émergence, c'est que les propriétés mentales sont de bons candidats à l'émergence. On peut, en effet, supposer qu'éprouver une douleur, par exemple, émerge de l'activation de fibres C. Cependant, Kim n'est pas émergentiste. Son entreprise critique de l'émergence s'inscrit dans un chapitre plus général de son travail : le caractère intenable du physicalisme non réductible. Pour le dire brièvement, la thèse du

⁴ François LOTH est un spécialiste de la philosophie de l'esprit . Cet article est tiré de son Blog « Métaphysique, Ontologie, esprit » site : <http://francoisloth.wordpress.com/>

physicalisme non réductible est un matérialisme qui postule l'existence de propriétés *réalisées par* ou *fondées dans* des propriétés physiques sous-jacentes, mais que l'on ne peut réduire à leur base. La thèse du physicalisme non réductible, si elle permet de rendre compte des propriétés mentales comme à la fois *distinctes* et *déterminées* du et par le mental, aura été la cible constante du philosophe soucieux de donner un contenu consistant à ces propriétés mentales.

Parmi les difficultés liées à l'introduction de la doctrine émergentiste, le problème central sur lequel Kim s'attarde dans son deuxième essai est celui de la « causalité descendante » (*downward causation*). En effet, les propriétés émergentes ne sont pas, pour les défenseurs de la doctrine, un épiphénomène. C'est-à-dire, que bien qu'on ne puisse pas les réduire, elles contribuent néanmoins à modifier causalement le monde. Ainsi, les propriétés émergentes ne confèrent pas seulement des pouvoirs causaux aux entités de la strate sur laquelle elles émergent, mais peuvent aussi affecter les entités du niveau inférieur. C'est pour cela que l'on dit que les structures émergentes sont engagées à la « causalité descendante ». Schématiquement la causalité descendante prend la forme suivante :



La propriété physique de base ou de premier niveau **P** détermine la propriété mentale émergente de second niveau **M** qui se trouve en rivalité causale avec **P** pour expliquer causalement **P***, propriété physique de niveau bas.

La question qui se pose alors à l'émergentisme est celle du nouveau pouvoir causal de la propriété **M** ? Comment comprendre cette nouveauté ainsi que son caractère irréductible ? **P** peut-il faire le travail causal de **M** ? Si **P** est suffisant pour causer **P***, que devient **M** ?

La réponse de Kim, développée dans le deuxième essai de ce recueil, consiste à montrer, dans un style analytique clair, que s'il est crucial pour la cohérence de la doctrine que les propriétés émergentes possèdent leurs propres pouvoirs causaux, alors elles doivent affronter le problème de la causalité descendante. "Si la causalité descendante s'effondre, l'émergentisme s'effondre" conclut Kim.

Cet article a été posté Lundi 14 mai 2007 à 5:52 et est classé dans [Lecture](#). Vous pouvez suivre toutes les réponses à cette entrée à travers le [RSS 2.0](#) flux. Vous pouvez [laisser une réponse](#), ou [TrackBack](#) en provenance de votre propre site.

Intelligence Artificielle et Base de connaissances

Par Michel GONDRAN

Il n'y a pas de définition universellement admise de l'intelligence artificielle. Ce n'est pas, comme le disent un peu méchamment certains, le contraire de la bêtise naturelle, ni une béquille nécessaire aux chercheurs du domaine.

C'est historiquement une science dont les objectifs sont d'analyser les comportements humains dans les domaines de la perception, de la compréhension et de la résolution de problèmes, afin de pouvoir ensuite les reproduire à l'aide d'une machine.

La naissance de l'Intelligence Artificielle

Le mythe de réaliser des machines intelligentes créées par l'homme pour le servir remonte à la nuit des temps. Déjà dans le champ XVIII de l'Iliade, Homère rapporte qu'Héphaïstos, le Dieu du Feu, avait construit des tables à trois pieds munies de roulettes qui pouvaient aller et venir toutes seules dans les palais des Dieux. Héphaïstos avait également fabriqué des femmes en or pour l'aider. Douées de raison, elles étaient capables de travailler et de parler. Ces créatures étaient si parfaites qu'elles pouvaient être prises pour des femmes réelles.

Plus tard, dans la tradition juive, apparaît le Golem, automate à forme humaine fabriqué en bois ou en argile. Pour qu'il s'anime, un rabbin devait inscrire un mot magique sur son front. Il disposait alors d'un serviteur obéissant et muet. Comme dans l'exemple précédent, cette nouvelle créature avait pour but d'aider son maître; là encore, elle n'était animée que par une intervention divine.

Ce mythe des machines intelligentes s'est largement développé à la Renaissance, puis au Siècle des Lumières, avec l'essor de la science et des arts mécaniques qui fascinèrent les imaginations. Les premiers automates sont les horloges et Dieu est comparé à un grand horloger.

A partir du XVIe siècle, la médecine découvre progressivement les lois de fonctionnement de certains organes : le coeur est assimilé à une pompe, les poumons à un soufflet ... Il devient alors naturel de penser qu'il sera possible de créer des mécanismes intelligents, cette fois sans aide divine.

Au XVIIe siècle, Descartes, fasciné par les automates, avait introduit l'idée de "l'animal-machine". Il pensait également que certaines activités de l'homme pourraient être simulées par des mécanismes, mais il refusait toutefois à ces machines la possibilité " *d'arranger (les paroles) diversement pour répondre au sens de tout ce qui se dira en sa présence*" (Discours de la Méthode, 5ème partie). autrement dit, il leur refusait une intelligence complète.

Au XVIIIe siècle, un sommet est atteint avec Vaucanson. Son célèbre joueur de flûte traversière (1737) jouait vraiment un air de musique sur son instrument, grâce à la position de ses doigts sur la flûte. Son canard (1738) pouvait nager, battre des ailes (chaque aile était constituée d'environ 2.000 pièces), avaler du grain et rejeter des fientes qui n'étaient toutefois que des boulettes de pain colorées ! Et en 1747, La Mettrie, à la suite de Descartes, franchit le pas qui allait de l'animal à l'homme en publiant "L'Homme machine". Sa formation de médecin et les essais de Vaucanson pour réaliser un

automate qui parle lui laissaient supposer que la distinction homme-animal de Descartes ne tenait plus. Mais il n'avait, aucune explication du comportement intelligent de l'homme.

Ce n'est que vers la fin du XVIII^e siècle qu'un anonyme publia le premier vrai travail d'intelligence artificielle : la description d'une méthode automatique pour composer des menuets. Il définissait un mécanisme assez simple permettant de choisir la note suivante parmi les notes respectant les contraintes musicales du menuet, la variété étant introduite par le lancement d'un dé. A la fin de son article, l'auteur donnait un exemple de menuet ainsi composé.

A peu près à la même époque, en 1769, fut construit un superbe automate : l'automate de Kempelen censé jouer aux échecs ; bien entendu, il s'agissait d'une escroquerie. Il avait l'apparence d'un Turc assis sur un coffre et placé devant un échiquier. Le présentateur ouvrait successivement les divers panneaux du coffre pour montrer que l'intérieur ne comprenait que des engrenages. Quand il jouait, l'automate saisissait une pièce et la plaçait sur la case voulue. Il eut un grand succès et battit notamment Napoléon. Plus tard, Maelzel (l'inventeur du métronome) l'exhiba aux Etats-Unis. Il intrigua Edgar Poë qui publia une longue étude pour dénoncer la supercherie ; il fut ainsi l'un des premiers à réfléchir sur les propriétés d'un mécanisme capable de jouer aux échecs. En fait, un joueur de petite taille, caché dans le coffre, passait d'un compartiment à l'autre pendant que le présentateur ouvrait les portes.

Mais il fallut attendre le XX^e siècle pour que des travaux plus sérieux soient entrepris. En 1912, L. Torrès y Quevedo réalisa un automate qui jouait les finales Roi et Tour contre Roi, en appliquant la méthode bien connue qui permet de gagner contre toute défense. Dès lors, les choses s'accélérent. En 1945, K. Zuse, l'un des pères des premiers ordinateurs, programma les règles du jeu d'échecs. En 1949, Claude Shannon, promoteur de la théorie de l'information, indiqua les principes de base d'une méthode pour jouer aux échecs. Enfin, l'année suivante, le grand logicien Alan Turing proposa à son tour un programme d'échecs qu'il avait simulé à la main.

Déjà, vers 1947, Turing envisagea l'idée d'une créature intelligente autre que l'homme. Hélas, le rapport remarquable qu'il écrivit ne fut guère apprécié de ses collègues et Turing en fut très affecté. Pourtant, il avait entrevu bien des applications actuelles de l'intelligence artificielle traduction automatique, jeux, démonstration de théorèmes ... Depuis cette époque, l'Intelligence Artificielle reste toujours pour beaucoup une énigme.

Après plusieurs décennies de recherches, certains continuent de penser qu'il s'agit d'un échec total, et d'autres affirment qu'elle sera au coeur de toutes les applications futures de l'informatique. En particulier, le statut scientifique de l'I.A. reste très controversé. La thèse que je vais développer dans ce cours sera double :

- c'est d'une part de montrer que l'I.A., par l'introduction d'une langue et d'une méthode, correspond à un approfondissement de la méthode scientifique. Elle doit permettre une représentation globale du monde face à l'émiettement de la représentation scientifique actuelle.
- - c'est d'autre part de montrer que l'I.A. correspond, à court terme, à une nouvelle manière de considérer l'informatique, manière qui doit permettre de lever le goulot d'étranglement actuel du logiciel.

Pour cela, il est important de bien définir son champ et ses méthodes. C'est ce que nous allons faire dans cette introduction.

L'avion ou l'oiseau

Sous un même vocable, l'I.A. recouvre en fait deux objectifs bien différents qui peuvent demander des méthodologies d'approches différentes: la résolution optimale d'un problème par des méthodes compréhensives par l'homme, et la résolution effective d'un problème par l'homme. On retrouve ici la différence entre l'avion et l'oiseau.

Quand l'homme a voulu voler, il a d'abord cherché à copier scrupuleusement la façon de voler des oiseaux. Il a donc fait des ailes battantes à ces premiers engins et il a échoué. Plus tard, il a créé l'avion. L'avion n'est pas un oiseau, ne vole pas comme un oiseau, mais peut voler plus haut et plus vite que l'oiseau.

Le paradigme de l'avion est d'optimiser une fonction: voler. C'est le rôle du génie de la connaissance, qui est la partie industrielle de l'I.A.. C'est celle que nous développerons dans ce livre. Il ne s'agit pas de singer l'homme, il s'agit de simuler et d'optimiser certaines de ses fonctions.

Le paradigme de l'oiseau est de modéliser et de simuler l'oiseau. C'est le rôle de la psychologie cognitive et des neurosciences. Ce domaine est certainement plus difficile que le premier. de plus, son objectif n'est pas de résoudre au mieux un problème, mais bien de modéliser l'approche humaine avec ses succès et ses échecs.

Il y a encore souvent une confusion qui est faite entre ces deux approches, ce qui permet d'expliquer une grande partie des échecs de l'I.A. ("qui veut faire l'ange fait la bête").

L'Intelligence Artificielle, née avec l'informatique, a subi en effet dans le passé des échecs cuisants à la hauteur des annonces pontifiantes de ses zéloteurs. L'échec vers 1960 de la traduction automatique est exemplaire. Quand on traduisait de l'anglais en russe, puis du russe en anglais, "l'esprit est fort, mais la chair est faible", on obtenait "la vodka est forte, mais la viande est pourrie". Il s'agissait peut-être d'une assistance inattendue à la poésie surréaliste, mais sûrement pas d'un but rationnel atteint dans le domaine des langues naturelles.

Quelles sont les raisons de cet échec? D'abord une certaine faiblesse des langages de représentation de l'époque ainsi qu'une limitation des capacités de l'ordinateur. Ces deux faiblesses sont en voie d'être surmontées. Mais la raison principale de l'échec est une sous estimation des difficultés intrinsèques : pour traduire, il ne suffit pas de faire du mot à mot, il faut comprendre le texte. Or deux caractéristiques importantes de l'homme ne sont toujours pas prises en compte par l'informatique et les ordinateurs.

Deux caractéristiques de l'homme

C'est d'abord la **capacité d'adaptation étonnante** de l'homme. Réfléchissez par exemple à la façon dont vous faites une multiplication.

Si je vous demande 3 fois 6, vous répondrez 18 sans hésiter (la table de multiplication a été apprise

depuis la maternelle par coeur). Si maintenant je vous demande 6 fois 54, vous allez réfléchir un moment pour faire le calcul mental. Cela sera encore plus vrai pour 36 fois 54. Enfin, si je vous demande 3.854 fois 62.471, vous ne vous lancerez pas sans votre calculette. Ainsi pour une même opération, la multiplication, l'homme va utiliser des méthodes de résolution très différentes qui vont s'adapter aux données. Comme les problèmes qu'il va avoir à maîtriser sont de difficulté sans commune mesure avec la simple multiplication, vous vous imaginez la souplesse que l'on doit demander à un système informatique essayant de le simuler. C'est la première qualité que l'on va demander à un système d'I.A., pouvoir adapter sa méthode de résolution aux données.

L'homme a aussi des **capacités de mémoire étonnantes**. Élémentaire, mon cher Watson". C'est ainsi que le célèbre détective de Conan Doyle, Sherlock Holmes, ponctue ses brillantes démonstrations au docteur Watson éberlué. Mais qu'y-a-t-il d'élémentaire dans la démonstration d'Holmes ?

Ce sont les explications de Sherlock Holmes à Watson, mais ce ne sont sûrement pas les connaissances très pointues qu'il utilise pour arriver à ses conclusions. Ces connaissances sont inconnues de Watson, mais aussi du lecteur. Elles sont contenues dans la pièce centrale du roman, la magnifique bibliothèque de Sherlock Holmes.

C'est cette grande masse de connaissances qui manque aux programmes informatiques actuels. Comment modéliser et acquérir cette connaissance, comment l'utiliser à bon escient en adaptant la stratégie aux problèmes posés? Ce sont à ces questions que nous allons essayer de répondre dans ce cours.

Modélisation et résolution

L'approche scientifique d'un problème se ramène principalement à deux phases essentielles, la **modélisation** et la **résolution**. Ces deux phases étant bien sûr liées ; On ne modélise généralement pas un problème sous une forme pour laquelle on n'a pas de méthode de résolution.

Classiquement, nous n'avons à notre disposition que trois langages de représentation et de modélisation des connaissances: deux langages formels, **la mathématique** et **le graphique** et un langage informel, le langage dit naturel. Le champ de modélisation par la mathématique et la graphique reste limité car ces langages ne permettent pas la modélisation des nuances, l'utilisation des milliers de mots du dictionnaire. Le langage naturel, pour sa part, reste très ambigu et on peut considérer que c'est la cause de l'échec de son utilisation en logique. La nouveauté qu'a apporté, au niveau modélisation, **l'Intelligence Artificielle** des années 50 a été d'ajouter la représentation symbolique aux deux représentations précédentes. Il s'agit d'utiliser les milliers de mots du dictionnaire dans les représentations formelles, ces mots étant reliés entre eux par **la logique**.

Toujours au niveau modélisation, la nouveauté qu'ont apportée les **Systèmes Experts** dans les années 80 a été de rendre modulaire cette représentation symbolique en créant le concept de **base de connaissances**. Il est devenu (théoriquement) possible de spécifier progressivement son application en construisant sa base de connaissances, de mettre à jour son programme par simple mise à jour de la base de connaissances, d'expliquer le résultat de son programme par la trace des connaissances utilisées pour

arriver au résultat.

En informatique classique, la résolution du problème était effectuée par des algorithmes, c'est-à-dire par une procédure de calcul bien définie, on dit un programme procédural. L'analyse de la complexité des algorithmes a montré dans les années 70 qu'il existait deux classes de problèmes: les problèmes polynomiaux et les problèmes NP-complets.

Les problèmes polynomiaux et les problèmes NP-complets

Les problèmes polynomiaux sont solubles par des algorithmes dont le temps de calcul est borné par une fonction polynomiale de la taille du problème (ainsi le problème du tri de n nombres peut toujours se faire avec moins de $n \log n$ comparaisons, le problème du calcul de l'inverse d'une matrice carrée de taille n peut toujours se faire avec moins de n^3 opérations élémentaires, etc).

Par contre, pour les problèmes NP - complets on ne connaît pas d'algorithmes dont le temps de calcul soit borné par une fonction polynomiale de la taille du problème, mais seulement par une fonction exponentielle de la taille de ces problèmes.

Ce sont à ces problèmes qui représentent la plupart des problèmes réels, que s'est attaqué l'I.A.

La nouveauté qu'à apporter l'I.A. pour résoudre ces problèmes dans des temps raisonnables, a été d'abandonner les algorithmes pour des méthodes dites heuristiques, qui vont s'adapter aux données et à la structure particulière du problème. Ces méthodes heuristiques sont de deux types: ou elles permettent d'arriver sûrement à la solution optimale mais alors le temps de calcul n'est pas contrôlé, ou le temps de calcul est contrôlé, mais la qualité de la solution ne l'est pas.

Au niveau résolution, la nouveauté qu'ont apportée les Systèmes Experts dans les années 80, a été de séparer complètement la méthode de résolution, qu'elle soit algorithmique ou heuristique, de la base de connaissances. Elle consiste à considérer toute la connaissance d'un domaine comme des données pour le programme informatique, qui n'est plus alors qu'une simulation d'un raisonnement sur cette connaissance.

Cette idée est simple, mais elle correspond à un changement radical dans la méthodologie de la programmation. Il semble bien que nous tenons avec les systèmes à base de connaissances le moyen de faire sauter le goulot d'étranglement du logiciel en informatique.

Cette recherche d'une méthodologie correspond toujours à un détour, l'usage du détour étant considéré comme une des caractéristiques essentielles des comportements intelligents.

Montrons le à travers un exemple de la vie courante.

L'invitation chez un ami

Vous êtes invité ce soir chez un ami. C'est la première fois que vous venez chez lui. Il peut vous donner 2 types d'indication pour se rendre chez lui.

Le premier est l'Itinéraire: Prendre la 1 ère à droite, puis la 2ème à gauche jusqu'au 4ème feu, etc ... Enfin, au 3ème feu de l'avenue, tu tournes à droite et c'est au n° 17 ; c'est une procédure.

La seconde méthode est de vous donner l'adresse et le plan de sa ville. C'est une méthode déclarative. Normalement, avant de partir, vous allez considérer le plan et avec vos connaissances d'interprétation d'un plan, vous allez vous définir un Itinéraire.

Cela pourra être exactement le même que celui de votre ami. Donc en pratique, on pourrait croire que rien n'est changé. Et pourtant, tout est différent. Si vous vous trompez de chemin en route, ou si une voie est coupée, dans le premier cas vous risquez d'être perdu, dans le second cas, vous refaites le point avec votre carte et vous vous redéfinissez un nouvel itinéraire.

L'informatique traditionnelle correspond au premier cas, l'Intelligence Artificielle au second cas. On doit donc modéliser la connaissance permettant d'utiliser la connaissance. Ce qu'il faut décrire, ce n'est plus un programme, c'est le processus de formation de cette connaissance procédurale. On donne ainsi au système informatique, une autonomie qui va lui permettre de s'adapter aux cas complexes.

La représentation des connaissances

Le raisonnement effectué par le moteur d'inférence du Système Expert est un raisonnement simple basé sur la logique appliquée à sa base de connaissances.

La démonstration est en effet alors très simple puisque la plupart du temps elle n'utilisera que le modus ponens défini déjà par Aristote : si p est vrai, et si p implique q, alors q est vrai. Montrons le à travers un petit Système Expert en botanique.

Un exemple en botanique

Ici la base de connaissances du domaine est représentée par les règles suivantes:

R1 si fleur et graine alors phanérogame.

R2 si phanérogame et 1-cotylédone alors monocotylédone.

R3 si phanérogame et 2-cotylédone alors dicotylédone.

R4 si monocotylédone et rhizome alors muguet.

R5 si monocotylédone et non rhizome alors lilas.

où R1 et R5 signifient respectivement:

- "si la plante possède une fleur et une graine, alors la plante est phanérogame",
- "si la plante est monocotylédone et ne possède pas de rhizome, alors c'est du lilas".

Alors si le problème posé est de déterminer une plante ayant les caractéristiques suivantes (rhizome, fleur, graine, 1-cotylédone), le moteur d'inférence déduira d'abord "phanérogame" de R1 et de "fleur" et "graine", puis "monocotylédone" de R2 et de "phanérogame" et "1-cotylédone", enfin "muguet" de R4 et de "monocotylédone" et "rhizome". La plante est donc du muguet.

Cet exemple montre l'intérêt de séparer la représentation des connaissances de la démonstration proprement dite. La démonstration est en effet alors très simple lorsque l'on a représenté formellement les connaissances d'un domaine.

Ce qui fait la difficulté habituelle pour nous dans la résolution de problèmes. c'est que nous faisons le plus souvent ces deux opérations simultanément : l'interprétation formelle de connaissances éparses en même temps que les déductions nécessaires. C'est bien ce que rapporte le vieil adage populaire "un problème bien posé est à moitié résolu".

La difficulté essentielle n'est donc pas dans les déductions mais dans la structuration et la représentation formelle des connaissances d'un domaine. C'est là que se trouve le goulet essentiel de l'Intelligence Artificielle et de la Science.

Un vieux rêve de l'humanité

Les premières applications ont eu lieu dans le domaine technique qui est plus facile et pour lequel la demande solvable est la plus grande. A Electricité de France, par exemple, une cinquantaine de Systèmes Experts ont été développés, et cela dans tous les domaines de l'entreprise : gestion, maintenance et surveillance des matériels, aide au diagnostic et à la conduite, Génie Logiciel, etc ... mais aussi en sciences humaines. (Gondran 1989). On voit ainsi renaître le vieux rêve qu'ont caressé tous les philosophes depuis Aristote : la modélisation de la connaissance et la simulation du raisonnement.

« J'ai le projet d'une langue ou écriture nouvelle qui se pourrait apprendre en une semaine ou deux, qu'on ne saurait quasi oublier et qu'on pourrait même retrouver l'ayant oubliée... Elle donnerait moyen de raisonner sur les matières capables de raisonnement par une espèce de calcul infailible pourvu qu'on y apportât la même exactitude qu'à chiffrer et les erreurs ne seraient que des erreurs de calcul ».

G.W. Leibnitz (1676)

La nouveauté aujourd'hui est la possibilité de définir des langages formels et lisibles tel que celui rêvé par Leibnitz et de pouvoir ensuite expérimenter les connaissances écrites dans ce langage par simulation sur ordinateur.

« Intégrant les milliers de mots du dictionnaire dans la logique et les mathématiques, ces langages

vont permettre de modéliser de manière formelle nos connaissances et nos raisonnements, là où les mathématiques avaient échoué, en particulier dans les sciences humaines ».

On réalise ainsi des systèmes qui vus de l'extérieur ont un comportement qui paraît intelligent, même si chaque étape du raisonnement paraît simpliste (c'est le "élémentaire, mon cher Watson "). La complexité ne vient pas du raisonnement comme on le croit trop souvent, mais elle provient des dizaines de milliers de granules de connaissances qui sont mises en oeuvre.

Deux critiques sont généralement faites à l'approche un peu trop logique précédente comment effectuez-vous l'apprentissage? Que faites-vous de l'intuition? Des éléments de réponse sont aujourd'hui possibles.

L'apprentissage et l'intuition

« Mes vers n'ont de sens que ceux qu'on leur prête.

Celui que je leur donne ne s'ajuste qu'à moi »

Paul Valéry

Les modèles connexionnistes permettent de répondre à l'apprentissage de tous les problèmes de reconnaissance de formes, tel que la reconnaissance des images, de la parole, des signaux, etc. Ils permettent de plus de modéliser simplement les phénomènes inconscients basés sur un apprentissage des stimuli-réponses de type pavlovien.

On peut aussi proposer à la suite d'Henri Poincaré (1908) un **modèle de l'intuition** simulable sur ordinateur.

Pour Poincaré, le moi inconscient joue un rôle capital dans l'invention mathématique. Bien sûr, il doit être précédé d'un travail conscient, qui met en route l'inconscient, puis suivi d'un travail conscient qui ordonne, vérifie, rédige. Il parle d'un sentiment d'intime conviction qui accompagne l'inspiration. Ce n'est pas un critère de vérité car le résultat ne s'avère pas toujours exact. Dans les cas négatifs, ce résultat, s'il avait été juste, aurait flatté notre instinct naturel de l'élégance mathématique. Il répond à une sensibilité esthétique spéciale. Le véritable travail de l'inventeur consiste à choisir parmi la formidable combinatoire des combinaisons mathématiques possibles.

Deux hypothèses sont possibles:

- La première hypothèse est que le moi inconscient est bien supérieur au moi conscient. "Il est capable de discernement, il a du tact, de la délicatesse; il sait choisir, il sait deviner". La modélisation et la simulation de cette hypothèse paraît bien difficile et est peut être impossible.
- La seconde hypothèse est que le moi inconscient génère systématiquement toutes les

combinaisons compatibles, puis un filtre basé sur des règles d'esthétique mathématique ne laisse passer dans le conscient que les solutions élégantes. « L'Euréka, c'est donc ce qui reste lorsque l'on a tout éliminé. »

La plupart des auteurs n'ont retenu que la difficulté de définir les filtres esthétiques, ce qui n'est certes pas une mince affaire. Il est intéressant de remarquer que les systèmes experts Dendral et Extra-3SE qui sont actuellement 2 des 3 ou 4 meilleures réalisations en Intelligence Artificielle, sont basés sur une chaîne de processus de ce type: génération des possibles, puis élimination par filtrage, les règles d'esthétique étant ici des règles techniques ou logiques. La génération des possibles se fait en général par des analogies avec d'autres domaines, l'élimination se faisant sur des critères simples.

Ce modèle de l'intuition est aussi le modèle des programmes d'échecs qui ont aujourd'hui dépassé le niveau des Grands Maîtres. C'est en particulier celui de Deep Blue qui a battu en 1997 le champion du monde Kasparov. C'est aussi celui de Frenchess, réalisé en collaboration avec MF. Baudot, JC. Weill et JL. Seret, et qui a terminé troisième ex aequo avec Deep Blue au 8ème Championnat du monde sur ordinateur à Hong-Kong en 1995.

Ce modèle de l'intuition se retrouve aussi dans le modèle du chercheur d'or. Après avoir choisi un filon, il le passe au tamis et la pépite est ce qui reste après avoir tout éliminé.

On retrouve ici les deux modèles de base de l'évolution permettant de prendre en compte l'innovation, la théorie de l'évolution de Darwin et le critère de réfutabilité d'une théorie de Karl Popper.

Comme on commence à le réaliser dans certains systèmes de compréhension de la parole ou de l'écriture, l'Intelligence Artificielle s'oriente de plus en plus par l'utilisation simultanée des trois modèles que je viens de décrire: un premier niveau de reconnaissance des formes et d'automatisme basé sur un modèle connexionniste, un second niveau basé sur la logique, enfin un troisième niveau basé sur la génération d'hypothèses et de leur réfutation.

Bibliographie

H. Poincaré (1908) , *Science et Méthode* , Flammarion, Paris 1908, 322 p.

J. Pitrat (1985) , « La naissance de l'intelligence artificielle », *La Recherche*, n° 170, vol 16, Octobre 1985, p 1130-1141.

M. Gondran (1986) , *Introduction aux Systèmes Experts*, Eyrolles, Paris, (3ème édition).

JL. Laurière (1986) , *Intelligence Artificielle, Résolution de problèmes par l'Homme et la machine*, Eyrolles, Paris 1986.

M. Gondran (1989) , « Introduction à une théorie formelle de la communication », *EDF Bulletin de la*

Direction des Etudes et Recherches, Série C Mathématiques, Informatique n° 3, 1989, p. 37 - 62.

M. Gondran, J.F. Hery et J.C. Laleuf (1995) , *Logique et modélisation*, Eyrolles, Paris.

| M.F. Baudot, J.C. Weill, J.L. Seret et M. Gondran (1995) , « *Frenchess: un T3D au 8ème championnat mondial d'échecs* », *Supercomputing Review*, n°7, nov 95, EPFL.