

Compte-rendu de la séance EVHI du 29 mars 2010

Thème et problématique : "*Quand philosophie et biologie pensent leurs concepts... Modèles, fonctions, normes*". Il est souvent difficile et risqué, quand on pratique une discipline, de faire un retour réflexif sur les biais méthodologiques qui lui sont propres. Faire soi-même cette autocritique est bien difficile et donne des résultats immédiats plutôt incertains.

Or, est-ce que faire un détour par l'interdisciplinarité ne permettrait pas de trouver un regard plus distancié sur ses habitus méthodologiques pour les réinterroger tout en leur redonnant un sens nouveau ? Peut-on dépasser le double écueil d'une complaisance de spécialiste ou d'une critique unilatérale en s'appuyant sur le passage par l'extérieur pour faire soi-même retour sur ses méthodes ?

Ainsi, les modèles explicatifs biologiques ne peuvent-ils pas contribuer à redéfinir les concepts d'une philosophie de la vie ? Et, parallèlement, la manière philosophique de poser des problèmes ne peut-elle pas contribuer à faire surgir des sens sous-jacents aux objets biologiques ?

C'est cette démarche réflexive pour interroger les biais qui nous sont les plus habituels que nous souhaiterions expérimenter lors de cette séance, à partir d'exemples autour des notions de modèle, de fonction et de norme.

Démarche et progression : dans un premier temps (*I*) on commence (*a*) par critiquer ensemble les implications les plus évidentes d'un mot courant (« fonction ») à partir d'une définition qui, bien que spécifique au domaine biologique, est tirée d'un dictionnaire généraliste. C'est ce geste réflexif que l'on cherche à retrouver dans la discussion – mais pour le faire porter sur des outils plus pertinents, plus proches de nos pratiques (ce qui le rend plus difficile, mais aussi peut-être plus spontané). Un consensus se fait très vite sur les biais de cette définition et sur son caractère insatisfaisant : mais (*b*) prendre parti contre le finalisme ne suffit pas à s'en libérer, si bien qu'en présentant leurs propres pratiques à la lumière de cette critique, les participants reconnaissent leur recours anodin à la finalité d'autant plus spontanément que ce retour critique plus approfondi fait partie de leurs réflexions courantes de chercheurs. La discussion se poursuivant, cette autocritique est elle-même réinscrite dans les pratiques où elle apparaît – ce qui en relativise l'importance (*c*). Les recours à la finalité ne posent en effet pas de problème en eux-mêmes – c'est-à-dire que les biais qu'ils induisent sont suffisamment contenus et conscientisés par la réflexivité normale pour ne pas fausser la recherche. En d'autres termes, la manière de poser concrètement les questions biologiques et la méthode pour y répondre corrigent immédiatement ces simples « façons de parler » (raccourcis subjectifs).

À ce stade de la discussion, le concept de fonction – non pas tel qu'il est défini par le dictionnaire, mais tel qu'on le mobilise plus ou moins thématiquement (et consciemment) dans nos réflexions – apparaît comme un outil efficace pour imaginer des expérimentations et organiser nos connaissances : si on l'utilise souvent sans critique préalable de ses présupposés finalistes, pour se demander, d'un point de vue heuristique, « à quoi sert donc ce gène ? » par exemple, tout le monde comprend bien qu'on ne sous-entend par là aucune intentionnalité ni plan d'organisation qui se réaliserait. Tel quel, ce concept est donc efficace – c'est ce qui le distingue de la définition dont on était parti. Le consensus disciplinaire faisant qu'on évolue tous dans le même paradigme d'une part, la méthode expérimentale jouant le rôle de garde-fou contre les biais d'autre part, font qu'une critique plus approfondie de ce concept n'est pas à l'ordre du jour : elle n'augmenterait pas notre puissance de connaître, puisque ce concept ne pose pas de problème (n'entrave pas la découverte mais au contraire la permet). Ainsi voit-on que nos outils sont légitimes tant qu'ils sont adaptés à leurs objets et permettent la découverte.

Mais justement (*d*) le fait que ce concept ne pose pas problème n'est-il pas louche ? N'est-ce pas le signe que ce concept nous semble aller de soi, être évident, alors qu'au fond nous ne savons

pas quelle réalité lui correspond (en l'occurrence, ce en quoi consiste réellement une fonction) ? L'efficacité de nos concepts (critère qu'on choisissait pour déterminer leur pertinence, et leur légitimité) n'aurait-elle pas pour condition même une fausse évidence ? On atteint là un moment critique dans la réflexion, car remettre en question le bien fondé de nos concepts, n'est-ce pas systématiquement s'empêcher de les utiliser, donc de se comprendre entre nous et de penser quoi que ce soit ? C'est là précisément la première dimension, négative, de « l'expérience vécue » de la réflexivité : la déstabilisation et le désarroi lorsqu'on se sent pris dans une double contrainte (deux nécessités contradictoires) que sont :

- d'une part l'impératif de savoir de quoi l'on parle pour ne pas parler pour ne rien dire (exigence critique, mais qui risque de rester toujours stérile)
- d'autre part l'impératif de connaître expérimentalement les phénomènes et comprendre le détail de leur fonctionnement (exigence d'objectivité, mais qui semble requérir que l'on prenne pour acquises des conceptions que l'on se sait incapables de justifier) ¹.

Ce dilemme n'est sans doute jamais tranché par une "solution miracle" : c'est plutôt un moteur dialectique – c'est-à-dire qu'on essaie de trouver à chaque fois un nouveau compromis pour être, autant que possible, à la fois critique et objectif ². Aussi, pour aboutir (*f*) à l'idée d'un concept de Fonction sans finalité (sans que l'on n'ait encore déterminé le contenu ³ de ce concept spécifiquement biologique), c'est-à-dire pour cerner ce en quoi consisterait un concept dont l'efficacité ne devrait rien à ses présupposés anthropomorphiques, on a dû passer (*e*) par une critique plus serrée et approfondie des implications du concept de fonction tel qu'il est réellement opérant dans nos explications : il a ainsi fallu le distinguer des idées de « rôle » et de « cause » telles que nous les utilisons, préciser ce qui restait de final une fois écartée l'intentionnalité résiduelle dans l'idée de fonction dans une organisation, et enfin pointer le plus exactement possible où se situait le problème – la complexité d'une organisation homéostatique (qui induit une forme proprement biologique de causalité, irréductible à la causalité physico-chimique) ainsi que la notion de « sens biologique » (qui renvoie à l'orientation du fonctionnement organique selon les besoins de l'être vivant).

Le deuxième temps de la séance (*II*) se fonde sur les acquis du premier, pour appliquer la méthode ainsi expérimentée à un nouvel objet, encore plus ancré dans nos pratiques qu'un concept biologique : le modèle explicatif. Comme on a pu voir que l'utilisation d'un outil intellectuel n'est

1 Parmi les concepts dont l'usage semble présenter un conflit inextricable entre critique thématique et utilisation objective, le cas le plus paradigmatique semble être celui de Gène : qu'est-ce qu'un gène, en effet, sinon une idée de biologiste ? Et en même temps, comment penser autrement des mécanismes génétiques qu'assurément on connaît (prédictibilité statistiques, mise au jour de chaînes causales, etc.) ?

2 Or le fait de présenter nos concepts à l'autre – philosophes et biologistes – est une des voies possibles pour mettre en œuvre ce double effort : puisque dans nos pratiques quotidiennes de recherche, nous visons bien la production de connaissances – si bien que c'est alors *pour cela* que nous pratiquons la réflexivité (autocritique éventuellement inscrite dans une méthode de recherche, expérimentale ou non) – cette *posture* réflexive est un compromis plutôt orienté vers l'objectivité. Autrement dit, en temps de « science normale », on ne met pas en crise nos concepts ; or ici, dans cette discussion interdisciplinaire et andragogique, l'équilibre se fait plutôt à l'inverse : nous n'expliquons pas aux autres des contenus (connaissances disciplinaires) puisqu'on ne lui fait pas cours, mais, en présentant nos démarches respectives, nous interprétons nos enjeux les uns par rapports aux autres, si bien que c'est le moment critique qui prime. Il semble que la portée objective – le fait que les résultats biologiques soient des faits expérimentalement établis constituant des théories solides – ne soit qu'indirectement présente et jamais vraiment mise en question. On croit donc que la réflexivité critique n'est alors pas la même que l'autocritique méthodique : elle est plus « gratuite » (c'est-à-dire plus "théorique", puisqu'elle porte seulement sur les concepts et n'engage pas de modification des pratiques) ce qui lui permet d'être plus profonde (de porter, plus fondamentalement, sur les paradigmes et la légitimité d'une approche – la manière de poser les questions – plus que sur les méthodes).

3 Rappelons simplement que l'objectif de la séance n'était pas du tout de construire ce concept : on ne pense d'ailleurs pas qu'un tel *concept sans présupposé* puisse être un résultat définitif. Obtenir un concept le plus neutre possible serait plutôt un horizon à poursuivre, puisque nos outils intellectuels (concepts et modèles) sont à la fois des moyens et des résultats, et que leur efficacité passe autant par leur contenu objectif que par leurs présupposés inconscients.

jamais anodin mais engage des enjeux dont on n'a pas forcément conscience, on se demande alors si les schémas explicatifs ne présentent pas des biais comparables, malgré leur plus grande rigueur objective que le médium du langage. On ne dit pas là que l'utilisation d'un modèle est une manière plus ou moins consciente d'éviter de se poser des questions à propos des concepts ; au contraire : si dans nos pratiques nous utilisons des modèles, c'est qu'ils sont opératoires et efficaces pour communiquer. On voudrait simplement faire l'expérience de ces significations involontaires qui, si elles nous aident à se comprendre, nous entraînent parfois à dire plus que ce que l'on veut dire.

Appliquée aux modèles, notre démarche consiste alors (a) à expliquer à l'autre (spécialiste d'une autre discipline) ce que nous lisons dans un schéma explicatif. Cette traduction de l'image au discours mettra en évidence ce travail interprétatif qui échappe à ceux qui s'en tiennent aux images faute des connaissances préalables. Assez vite (b) il ressort de la discussion que la logique entière de l'organisation de l'image comme la nature des éléments représentés ne sont compris qu'à la condition que les symboles soient « décodés ». Faute de légende, le sens de lecture du schéma, la signification logique des flèches, ou le statut des séquences représentées (moments logiques ? étapes chronologiques ? différents cas possibles ?) doivent être inférées d'après le contexte, en mobilisant des connaissances préalables. On voit donc que l'image n'est pas autosuffisante, elle ne « fait pas modèle » par elle-même seule, mais présuppose toujours une norme de lecture constituée par ces biais implicites. Or (c) on constate dans la discussion que le même modèle est interprété de façon sensiblement différente selon les participants, même spécialistes, sans doute parce qu'on lui a retiré la légende. Que l'on puisse comprendre ce modèle sans sa légende, et en même temps qu'on puisse la comprendre différemment, montre que la norme de lecture étant implicite, elle ouvre un espace d'interprétation : les biais (ou partis pris) ont une certaine relativité, un jeu où il y a de la place pour le malentendu.

Mais le plus essentiel, dans ce qui émerge de la discussion, semble concerner le type de connaissances présupposées par l'interprétation du schéma : ce ne sont pas seulement des détails techniques de lecture (du type convention typographique ou iconographique – une boule représentant une cellule) mais c'est surtout (d) tout un paradigme explicatif que l'on mobilise pour *donner sens* à un modèle qui, sans cela, n'en prendrait pas. S'il y a une relative contingence de l'interprétation, c'est parce que la "bonne interprétation" réinscrit la logique représentée ici *dans une théorie préexistante*. En l'occurrence, il s'agit de la théorie de la différenciation cellulaire : tous les types cellulaires spécifiques seraient issus d'une même cellule souche indifférenciée (totipotente) par un processus séquentiel de spécialisation. Or, précisément, il s'agit d'une théorie : cela signifie que, pour comprendre le modèle dessiné, il faut le réinscrire dans un autre modèle explicatif – conceptuel et non plus graphique. Ainsi le modèle ne serait en aucun cas autosuffisant : on partirait toujours d'un modèle préexistant pour comprendre ce que signifie le modèle proposé, c'est-à-dire ce en quoi consiste sa nouveauté explicative par rapport au précédent.

C'est à partir de ce fonctionnement général du modèle que l'on peut (e) critiquer plus en détail les biais mobilisés *et en même temps* recouverts par l'utilisation d'un modèle. On s'intéresse donc ici à la manière dont un modèle fonctionnerait comme une « boîte noire », c'est-à-dire une certaine manière de présenter les choses qui éludent des questions problématiques sous l'apparente évidence des réponses qu'on leur propose. Ainsi, c'est – semble-t-il – dans son fonctionnement explicatif même que le modèle, mettant en évidence un élément de réponse, tend à le faire passer pour nécessaire et suffisant, alors qu'il est incapable d'assurer que cette seconde condition est remplie. De même, la flèche représentant avec évidence une corrélation causale semble nous dispenser d'interroger plus avant la nature réelle de cette relation : que se passe-t-il en fait entre ces deux éléments ainsi reliés ? Au cours de la discussion, on aborde ainsi différents biais structurels, tels l'effet de zoom (un modèle devant toujours être replacé dans un modèle plus large et précisé par un modèle plus précis), la relative confusion dans le statut des informations représentées (s'agit-il à chaque fois d'un fait attesté expérimentalement ? d'une hypothèse possible ? de la thèse que l'on s'efforce de montrer ?), etc. Plus généralement, on se rend compte que la construction et la

compréhension d'un modèle suppose de notre part que l'on s'insère dans un cadre de pensée tout constitué, pour s'en servir comme référentiel, si bien que l'on s'interdit par là même de le remettre en question : ainsi les prolongements ou corrections ponctuelles au modèle de différenciation cellulaire supposent toujours déjà d'avoir accepté le modèle, et ainsi reconnu sa légitimité – ce qui ne va pourtant pas de soi. Il semble donc que nous retrouvions dans le modèle la difficulté exposée dans la première partie de la discussion : nous faisons à nouveau l'expérience d'un conflit entre la portée objective et l'exigence critique attachée à l'utilisation de nos outils intellectuels. On notera tout de même que le problème se pose ici différemment, puisque le modèle synthétise une théorie complète là où le concept, plus restreint, constituait plutôt une idée fortement déterminée.

À partir de cette critique détaillée du fonctionnement d'un modèle dans l'explication d'un phénomène biologique, on est amené (*f*) à monter en généralité pour chercher à définir ce en quoi consiste un modèle du point de vue de ses fonctions et utilisations. On se concentre en fait surtout sur la dualité du modèle : à la fois représentation (image, schéma) et ensemble conceptuel, le modèle permet tout à la fois de décrire (en simplifiant pour rendre plus intelligible) et d'expliquer. Impliqué dans nos pratiques, il est utilisé à la fois avant et après l'expérimentation, comme schéma expérimental et comme schéma-bilan : le point commun entre ces deux utilisations reste, semble-t-il, la structure logique (causale) qu'il thématise – à partir de laquelle on peut comprendre et opérer. Le dernier temps de cette discussion (*g*) propose un retour réflexif sur l'expérience réalisée dans cette discussion, pour souligner le rôle de l'interdisciplinarité pour mettre au jour des biais dans lesquels sont pris nos outils intellectuels.

Cette séance s'ouvre finalement (*III*) sur la perspective d'une comparaison plus poussée de la nature et du fonctionnement de ces deux outils intellectuels que sont le concept et le modèle, envisagés à la fois comme le résultat d'une recherche et comme son moyen. On propose alors de réitérer l'expérience menée jusqu'alors en inversant les rôles respectifs des disciplines – les biologistes amenant les philosophes à présenter leur utilisation d'un concept, afin d'en laisser voir les partis pris nécessaires.

Détail de la discussion :

I. La notion de Fonction : une « boîte noire » ?

a) critique des présupposés d'une définition explicite de la notion

fonction [fɔ̃ks jɔ̃] **nom féminin**

I. ACTION, RÔLE CARACTÉRISTIQUE (D'UN ÉLÉMENT, D'UN ORGANE) DANS UN ENSEMBLE

2. (1680) Ensemble des propriétés actives concourant à un même but, chez l'être vivant.

Il y a un double biais de la définition proposée du concept de Fonction : elle postule une finalité (« concourir à un but ») et une activité quasi-anthropomorphique (« action »). Telle quelle, cette définition ne répond plus aux critères d'objectivité et donc de scientificité : on ne peut pas l'adopter comme instrument de travail.

b) cet impensé reste pourtant mobilisé dans nos pratiques

Et pourtant, prendre parti contre le finalisme ne nous libère pas des biais ! On a peut-être du mal à ne pas charger l'idée de fonction d'une finalité lorsqu'on l'utilise dans nos pratiques. En effet, alors que l'on rejette explicitement les implications de cette définition, nous avons – dans une certaine mesure – recours à la finalité :

- d'un point de vue heuristique (« à quoi ça peut bien servir ? Pourquoi donc ça se goupille comme ça ? »)
- d'un point de vue didactique ou pédagogique
- comme un raccourci pratique confortable – tout en faisant très attention dans la formulation
- dans une arrière-pensée inconsciente (« si ça a été sélectionné, c'est bien que ça sert à quelque chose... ») voire à cause d'une nécessité psychologique

c) or les questions spécifiques qu'on se pose en bio neutralisent ces biais finalistes

Mais ce recours implicite ne porte pas à conséquence, si bien qu'il ne pose pas concrètement problème dans la recherche en biologie : on travaille sans avoir à se poser la question du « pourquoi ». Cela a pour conséquences que la notion même de fonction perd son contenu finaliste : elle est assimilable à une cause (ex : si l'inactivation d'un gène produit un mutant sans bras, la fonction de ce gène est sans doute la production de cet organe, comme une cause entraîne une conséquence – la cause du phénotype apparent étant un gène)

Pourquoi n'a-t-on pas à se poser la question de la finalité ? (et donc : pourquoi notre usage, en biologie, du terme de fonction n'est-il pas problématique ?)

- le « pourquoi » et le « comment » d'un phénomène sont deux problèmes distincts et la biologie est une science dont le domaine n'est pas la question de la finalité. Ainsi faut-il distinguer les questions « pourquoi cette réaction du gène ? » et « pourquoi est apparu ce gène ? » ; on arrive toujours à répondre à une question « comment » (à laquelle se ramène la première question) jamais à la question « pourquoi ». C'est alors la délimitation de notre domaine qui écarte le problème du finalisme.
- toutes les questions peuvent être reformulées dans une question « comment » à laquelle on peut répondre ; mais cette reformulation oriente la question ! Ainsi à la seconde question « pourquoi est apparu ce gène », on peut répondre biologiquement, mais cela consistera à mettre au jour des mécanismes (pression de sélection, mécanismes de mutations, etc.). C'est alors notre mode d'intelligibilité et notre méthode qui écartent le problème du finalisme.
- si l'on se plaçait sur un plan plus fondamental, on pourrait tenter de répondre à des questions du type « pourquoi » formulée comme : « comment le foie a-t-il fait pour s'organiser et faire foie ? » ; mais plusieurs obstacles rendent ce genre de questions impertinentes : on dispose de beaucoup moins d'outils pour répondre au « pourquoi » ; la communauté scientifique évoluant dans le paradigme moléculaire, la question « comment » domine l'espace de travail dans la plupart des labos.
- surtout, dans nos pratiques, on se pose des questions proximales (« travailler à de la cuisine ») si bien qu'on évolue dans des échelles spatio-temporelles où la question du pourquoi n'est pas pertinente [soit à l'échelle cellulaire/moléculaire, soit à l'échelle de l'évolution – qui oblige à sortir du finalisme]. Ainsi, plutôt que de se demander « pourquoi le foie est-il là ? » on va étudier la fonction du point de vue des mécanismes de son fonctionnement – la question devenant alors : « comment assure-t-il sa fonction, à savoir réguler la glycémie ? ». Ici la fonction est le donné – ce sont les chaînes causales qu'on interroge.

d) intérêt de critiquer les concepts par ailleurs efficaces et féconds (objectifs)

Ce contexte problématique en biologie fait que les chercheurs évoluent dans un espace théorique commun : on se comprend lorsqu'on utilise entre nous le terme de Fonction. Le problème se pose avec l'interdisciplinarité et la vulgarisation : dès lors qu'on s'adresse aux autres, l'implicite ne fonctionne plus et il faut préciser qu'on n'implique pas de finalité par ce terme. On pense donc que la discussion avec des interlocuteurs d'autres disciplines agit comme un révélateur pour nos habits méthodologiques. Mais par ailleurs, il faut peut-être aller plus loin que notre réflexivité normale jusqu'à rentrer dans des subtilités analytiques autour du concept de Fonction pour plusieurs raisons :

- pour pouvoir éventuellement poser des questions plus fondamentales (sur le « pourquoi ») sans tomber dans un écueil grossièrement finaliste
- pour éviter les malentendus interdisciplinaires dus aux mots ambigus dont on use faute de mieux
- parce que certains de nos concepts peuvent peut-être fonctionner comme des « boîtes noires » : en les utilisant, on éluderait certaines questions en considérant comme acquise notre indépendance vis-à-vis d'une pensée finaliste, par exemple. C'est le cas de la notion de gène : si l'on ne sait pas vraiment ce que c'est qu'un gène – de même qu'on ne sait pas ce qu'est une force en physique – n'est-ce pas là une simple façon de parler – pour dire « cause de variation » dans le cas de la force comme dans celui du gène (bien qu'on ne sache pas dans ce dernier cas si l'on n'adopte pas un préjugé finaliste).

e) tentative pour clarifier celui de Fonction

Pour critiquer le concept de fonction, il faut distinguer l'usage courant (« multifonctions ») et l'usage technique. La fonction n'est ni un moyen subordonné à une fin, ni l'utilisation d'un dispositif vers un but : c'est là que le bât blesse, car s'il faut reconnaître que si le foie n'était pas là, sa fonction ne serait pas remplie, on ne peut pas dire objectivement que le foie existe « pour » remplir cette fonction. Deux problèmes se posent ici : la question du « sens » en biologie (cf. Canguilhem, « Machine et organisme ») et le problème de la viabilité (le tout doit assurer lui-même ses conditions d'existence). À propos du premier problème, il faut préciser que loin de caractériser la manière dont un élément s'intègre dans un système, le concept de Fonction semble au contraire relever du parti pris contraire – à savoir la prise en compte de l'individualité (en sciences sociales, mais aussi peut-être en biologie) irréductible à des processus.

Critiquer ce concept suppose aussi de distinguer : « fonction » et « rôle », puis « cause » et « fonction ». Le rôle d'un organe semble recouvrir un ensemble de fonctions : il y aurait une différence d'échelle. Si la fonction ne caractérise pas l'appartenance subordonnée à un système, elle fait pourtant référence à une inscription dans un tout : contrairement à la cause qui est segmentaire voire ponctuelle, la fonction semble appeler une causalité plus complexe que la causalité linéaire (rétroaction, faisceau de causes multiples, etc.). La fonction semble intrinsèquement historique : contrairement à la cause, elle appelle le paradigme évolutionniste (sélection, adaptation, exaptation, etc.) et implique une échelle de temporalité longue. La fonction peut en effet changer dans le temps (elle évolue, elle est détournée, etc. comme par exemple en histoire dans l'émergence d'une institution). Mais surtout, en biologie, c'est le statut de la cause et de la fonction qui diffèrent : une fonction, c'est d'abord un phénomène observé. La fonction relève d'un fait expérimentalement attesté : c'est le donné qu'on s'efforce d'expliquer par ses mécanismes. La cause est donc ce à quoi il faut remonter pour savoir comment on en est arrivé là : c'est une hypothèse explicative.

Une ambiguïté doit être levée dans le présumé finaliste du concept de fonction : une fois qu'on a récusé l'idée d'intentionnalité qu'impliquerait la fin consciente d'un but ou d'une utilisation,

ne reste-t-il pas, attachée à ce concept, une dimension formelle de la finalité ? La téléologie, finalité sans intentionnalité, prendrait la forme d'une direction ou d'un sens, dans la mesure où le mouvement *tend vers* quelque chose (un *telos*, c'est-à-dire un but). Faut-il encore épurer le concept de Fonction de ce présupposé ?

f) possibilité d'un usage spécifique du terme de Fonction (qui tend vers la neutralité)

En biologie, il y a une utilisation technique du concept de Fonction épurée du finalisme : ainsi l'œil remplit-il une fonction dès lors qu'il permet de voir, et c'est pour cette fonction que cet organe a été sélectionné. Même en étant très darwinien, on peut reconnaître que s'il y a sélection, c'est qu'il y a un organe qui remplit une fonction. C'est donc que la biologie doit se réapproprier ce terme contre les connotations trop bien connues dont notre usage courant le leste. L'habitude que l'on a pris, en science, de tenter de contourner ces implications en évitant le mot par des tournures alambiquées. Recadrer le contexte et thématiser les impensés des concepts que l'on utilise permet peut-être d'en désamorcer les biais ; or si nous avons souvent des facilités à réaliser ce travail sur les mots, n'en va-t-il pas de même avec les modèles scientifiques ?

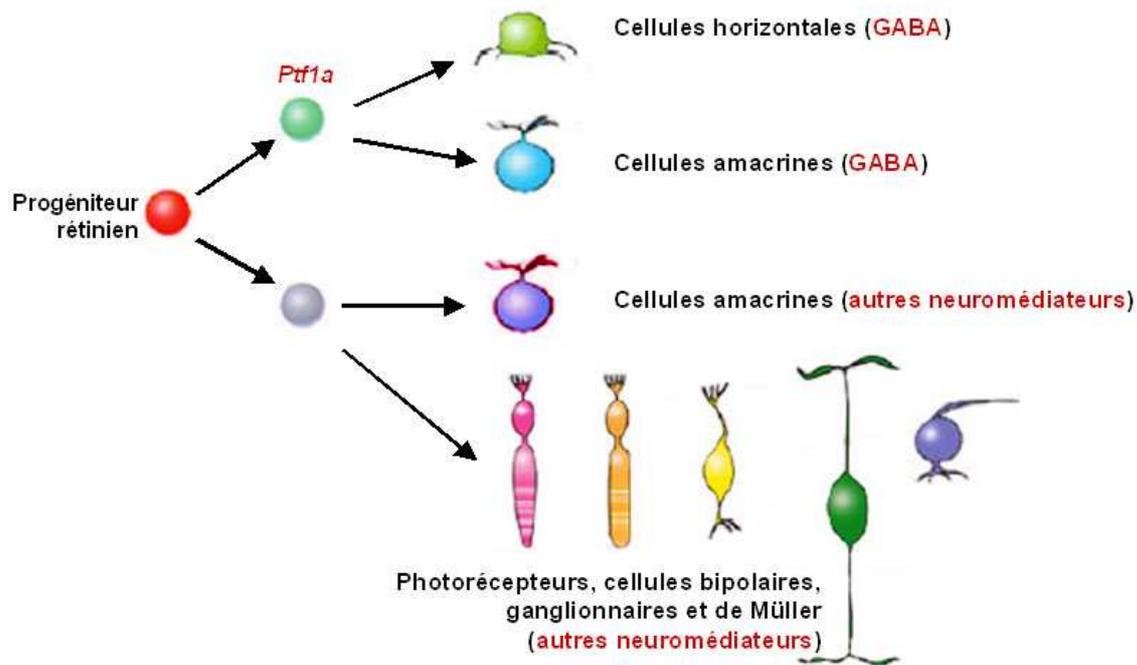
II. L'usage de modèles pose-t-il des problèmes comparables ?

a) démarche de la critique et intérêt de l'analogie

Au sein de nos disciplines, on n'a certes pas besoin de définir ce qu'on entend par des termes comme « fonction », « gène », etc. puisque tout le monde comprend ces mots d'usage courant. Mais si cette connivence permet une grande efficacité en laissant sous-entendu un non-dit qu'il serait inutile de thématiser, elle peut aussi parfois faire passer certains impensés pour faussement évidents et comme allant de soi – au point qu'on signifie peut-être plus (au autre chose) qu'on ne voulait dire en utilisant tel mot. Parfois, au contraire, on peut renoncer à utiliser un certain nombre de termes courants parce qu'ils sont trop connotés. Le langage est ainsi un médium qui n'est pas toujours assez rigoureux, et on peut préférer aux mots une autre façon de présenter l'information : faire un détour par le modèle schématisé.

Or les images n'ont-elles pas aussi leur impensé – implications qui biaisent parfois leur utilisation sans que l'on s'en rende vraiment compte ? La démarche critique pourrait donc consister à faire le chemin inverse : traduire dans les mots pour mettre en évidence ce que l'on sous-entend dans la lecture des images.

b) le non-dit de l'image : les significations sous-entendues constituent une norme de lecture



Modèle établi au cours d'un stage en 2006, dans l'équipe de M. Perron, CNRS-UMR 8080, Orsay
Légende délibérément supprimée dans le cadre de cette séance

Le modèle proposé est interprété comme figurant un processus : les flèches relierait en effet ce qui est interprété comme un point initial à ce qu'on suppose être un résultat. Ce processus, puisque un élément est relié à de multiples éléments, est interprété comme une genèse. La lecture du schéma se faisant de gauche à droite, on suppose que ce qui est à gauche « donne » ce qui est à droite. Mais une ambiguïté fait que tous ne sont pas d'accord sur le sens à donner à la flèche : soit elles signifient une relation « cause à effet » soit une relation « éléments à résultat ». Autre ambiguïté au sujet de l'embranchement : s'agit-il d'un « arbre généalogique » (une bifurcation lie deux conséquences qui coexistent) ou d'un « arbre des possibles » (une bifurcation oppose deux alternatives exclusives). C'est donc toute la logique du raisonnement qu'il faut inférer d'après les signes graphiques – ici, la mise en page représente spatialement la logique du raisonnement.

Une convention typographique nous permet, si on la connaît, d'identifier que le signe « *PTF1a* » dénote la présence d'un gène (italique et majuscule). Tout biologiste reconnaît cette référence – mais celle-ci suppose bien une formation et des connaissances dans le domaine. On interroge aussi la présence du « *PTF1a* » à l'origine d'une flèche : qu'est-ce que cela veut dire ? Spontanément, on a l'impression que cela signifie que l'agent PTF1a réalise une « action » (selon la définition de la fonction précédemment critiquée) qui enclenche des conséquences ou produit un résultat – à nouveau, il y a de la place pour l'interprétation dans la lecture des signes.

c) malgré sa rigueur, ce modèle peut – sans sa légende – être interprété différemment

Si les éléments graphiques sont aisément interprétés par référence aux concepts qu'ils représentent (une boule symbolise une cellule, lorsqu'elle change de couleur c'est que la cellule est différente), on interprète aussi l'ensemble en reliant ces éléments dans l'enchaînement global : ainsi voit-on qu'au cours du processus, la cellule a gagné des ramifications (elle est plus connectée aux autres) mais que ce changement est secondaire (ce n'est pas ce que le modèle veut montrer) puisqu'un changement plus important (*ie* plus évident graphiquement) le subordonne – les boules ont changé de formes et de couleur, donc les cellules ont changé de nature. Surtout, on reconnaît la logique de consécution : les différentes cellules résultantes sont d'une certaine manière « issues » de la première cellule – et c'est cette genèse du multiple à partir de l'un que le modèle thématise. Mais

une ambiguïté dans la lecture apparaît ici : deux interprétations, liées à deux cultures scientifiques différentes, divergent.

Soit le modèle représente une expérimentation : la complexification de la cellule initiale est provoquée par une intervention (l'activation du gène dont le nom est mentionné à l'origine de la première flèche vers le haut) ; dans cette hypothèse, on a agi sur la cellule, et la bifurcation confronte en fait deux expérimentations parallèles – l'une où l'on active le gène, l'autre (cellule « témoin ») où l'on n'intervient pas ; la conclusion de ce modèle ainsi interprété serait donc que l'on a prouvé expérimentalement que selon l'activation ou l'inactivation de ce gène identifié, une cellule produit ou non du GABA (péptide neuromédiateur) c'est-à-dire devient gabaérgique ou non.

Soit le modèle représente le processus de différenciation, dans l'œil, d'une cellule souche (ici un progéniteur rétinien) pour donner sept types cellulaires différents (photorécepteurs ou cellules amacrines) pourtant issus d'un même parent. Il s'agit donc de mettre en évidence un mécanisme de développement cellulaire : ici on le décrit, mais on précise en même temps qu'on a identifié le gène *PTF1a* comme responsable de l'orientation de cette différenciation vers les types cellulaires groupés en haut du schéma. Dans cette interprétation, on ne représente pas d'intervention : la succession des flèches marque la temporalité du processus où différents états s'enchaînent, où différents événements se produisent. La visée explicative du modèle consiste à identifier ce qui va guider la différenciation vers une route plutôt qu'une autre (ex : différenciation sexuelle chez le crocodile selon la température) ; ici, c'est le fait qu'un gène s'active ou non. Ce modèle est donc un arbre généalogique qui récapitule les différentes expériences nécessaires à l'identification de ce gène – mais il ne représente pas à proprement parler une expérience.

d) à partir de la 2^e interprétation, retour à ce que signifient les conventions graphiques

À partir de cette logique globale, on peut interpréter le détail de ce que les conventions graphiques impliquent. Parce qu'il y a plusieurs flèches et plusieurs embranchements qui se suivent, on conclut que le processus de différenciation décrit est séquentiel : à la deuxième flèche (étape) il est impossible de revenir en arrière, c'est-à-dire qu'à ce stade la cellule est déjà un peu différenciée, elle n'est plus totipotente, donc ses possibilités sont réduites aux alternatives liées à cet embranchement (impossible, à partir de là, de donner une cellule représentée en bas du schéma, au terme d'un autre embranchement). De cette simple mise en page, on peut conclure que la différenciation se fait par étapes si bien que c'est progressivement qu'une cellule est déterminée à devenir un certain type.

Ensuite, on lit que, corrélativement, on a établi le fait que les cellules dans cette situation exprimaient un certain gène. Mais si, dans le modèle, cela a été mis en évidence, c'est que les expérimentations que ce modèle récapitule ont établi que c'est là la cause identifiée de la différenciation à cette première étape. Ces expériences ont dû consister à inactiver le gène et constater l'indifférenciation, etc., de manière à justifier que cette corrélation est en fait une fonction dans le processus – un facteur de différenciation cellulaire.

e) biais et ambiguïtés que l'on retrouve dans l'interprétation du modèle

On retrouve pourtant une ambiguïté dans la lecture à partir des signes graphiques : *a priori* si on indique comme cela le gène « *PTF1a* », on doit comprendre qu'il s'agit de la condition nécessaire et suffisante de la différenciation en question. C'est-à-dire qu'il faut comprendre qu'on a fait toutes les expériences pour montrer que la présence ou l'absence de l'un est corrélée avec la présence ou l'absence de l'autre. Et pourtant, puisque le modèle simplifie, on a ici isolé les éléments qui nous intéressaient, et on a peut-être ainsi négligé certains facteurs tout aussi nécessaires. Donc, à proprement parler, notre modèle identifie un facteur nécessaire mais peut-être pas suffisant pour orienter la différenciation vers un destin de cellule gabaérgique.

Si la flèche est commune aux modèles, elle prend à chaque fois un sens particulier (comme ici) et les erreurs d'interprétations sont d'autant plus possibles que les flèches ne sont pas légendées. Mais la plupart des indices visuels facilitent la compréhension sans même que l'on se pose la question de leur sens : ainsi mettre en rouge une cellule par rapport aux autres restées noires ne signifient pas (comme ici) une différence de nature, mais cela attire simplement l'attention sur une cellule en particulier, ainsi mise en évidence. Il ne faut pas confondre les deux significations de la différence de couleur.

Le schéma a l'air d'être uniforme (cohérence visuelle) mais il ne faut pas oublier qu'il ne détaille pas chaque étape de la même manière. Ce qui donne l'impression d'être de même statut (les différentes étapes, qui semblent équivalentes) ne se ressemble peut-être pas ! En tout cas, tel quel, ce schéma n'identifie que le facteur du premier embranchement. Le reste est pour l'instant indéterminé. Aussi l'amélioration du schéma, outre l'éventuelle rectification d'une erreur (corrélation fautive, supposition infondée, etc.) peut consister soit à compléter les facteurs des autres étapes, soit à élargir le schéma pour réinsérer ce processus décrit dans un processus plus large, soit au contraire zoomer sur un étape en particulier pour détailler la manière dont le gène s'active, par exemple. On voit donc que, sans que l'on s'en aperçoive nécessairement à première vue, le modèle a une certaine échelle et qu'il faut le comprendre à partir de là pour éviter les contresens.

Tous les liens établis et représentés dans le modèle n'ont pas le même statut : l'état initial et l'état final sont des observations, les étapes intermédiaires sont des inférences au statut d'hypothèses à attester expérimentalement. Il n'y a pas vraiment d'indice visuel pour marquer cette asymétrie, mais le modèle lui-même doit porter une thèse (répondre à une question) si bien qu'il avance toujours une hypothèse explicative : on peut donc inférer que ce qui va constituer l'explication va être ce qui est d'ordre hypothétique confirmé par les expériences – le donné étant ce qui reste à expliquer.

Enfin la simplification de cette projection logique peut être biaisée : si l'on a dessiné une boule au départ, c'est que l'on suppose qu'il n'y a qu'un seul progéniteur rétinien et qu'ils sont tous équivalents – on suppose leur population homogène. Certes, des expérimentations ont donné du poids à cette hypothèse, mais sur les 30.000 gènes du génome humain, on n'a fondé cet apriori sur la correspondance de quelques gènes seulement. Il est donc possible que l'ensemble de la logique de l'arbre généalogique soit biaisée : si la population de progéniteurs n'était pas homogène, il pourrait alors y avoir 8 progéniteurs légèrement différents qui donneraient 8 types cellulaires respectifs, et le schéma prendrait alors la forme de 8 flèches linéaires et parallèles. Cela signifie donc que le biais (ou l'apriori) premier reste le schéma de pensée dans lequel on se met en supposant quel l'un donne du multiple par un processus que l'on va tenter de décrire et d'expliquer.

Ainsi se place-t-on immédiatement dans un certain paradigme (le modèle de différenciation) qui pose que d'une cellule œuf indifférenciée et totipotente sont issus tous les types cellulaires de l'organisme. On ne remet pas cela en question, on ne l'apprend pas non plus en lisant ce schéma-là (puisque cela fait partie des connaissances requises pour le comprendre) mais c'est un paradigme dans lequel la communauté scientifique évolue – c'est à partir de là que l'on interprète.

f) *qu'est-ce qu'un modèle ?*

Si le modèle n'était qu'un résumé d'expériences, il ne fonctionnerait pas comme modèle. Contrairement au schéma qui n'est que descriptif, l'essentiel du modèle est son utilité explicative. On construit un modèle pour répondre à une question de départ (ici : qu'est-ce qui contrôle la production des géniteurs rétiniens en cellule gabaérgique ? Et quel est le rôle du gène *PTF1a* ?). En fait, dès le schéma et *a fortiori* dans le modèle, il y a interprétation parce qu'on sélectionne l'information : ce sont les biais, les implications des choix de représentation qui orientent et axent notre compréhension. La seule différence, en l'occurrence, entre ce modèle-là et un schéma, c'est la mention du « *PTF1a* ».

Il faut sans doute distinguer l'exigence de décrire la réalité au plus près et celle d'expliquer, de donner une intelligibilité. Selon l'interlocuteur, on adapte l'exigence dans un sens plutôt que dans l'autre, mais de manière générale, le modèle est forcément faux, au sens où il ne décrit la réalité que trop schématiquement – il l'oriente par une interprétation. Le modèle ne se veut donc pas au plus proche de l'observation : il prétend donner de la cohérence à l'ensemble des expérimentations – seule manière que l'on a d'interroger le vivant. En ce sens, le meilleur modèle (le plus explicatif) est celui qui rend le mieux compte des résultats expérimentaux – critère spécifique aux sciences exactes et à leur mode d'objectivité, mais qui pose problème en sciences humaines. Deux exigences sont attendues du modèle : il doit expliquer mais aussi simplifier. Aussi est-ce cette simplification qui empêche le modèle de se prétendre fidèle à la réalité : il s'agit moins de reproduire la réalité dans sa totalité que de la rendre intelligible.

Il y a cependant deux utilisations du modèle : il peut être projectif (« schéma expérimental »), au sens où on construit grâce à lui une hypothèse expérimentale à vérifier (dans ce cas, le nom « *PTFla* » serait suivi d'un point d'interrogation) il guide donc l'expérimentation ; et puis il peut être récapitulatif, pour donner une cohérence aux résultats des expériences déjà faites. Ces deux aspects sont d'autant plus liés que l'on ne construit jamais un modèle tout seul : il y a déjà un modèle préexistant, pour tous les sujets, si bien que l'on part toujours d'un modèle à critiquer ou compléter (tiré de la bibliographie). C'est à partir d'un schéma bilan que l'on va aborder l'objet d'étude, pour rajouter nos propres expériences sur le socle de connaissances communes. Il y a donc une dialectique entre ces deux fonctions du modèle : on suppose qu'il y a toujours rivalité entre deux modèles préexistants, concurrents pour rendre compte d'un phénomène, et nos expériences visent à intégrer ce que voulaient dire les deux modèles dans un nouveau.

En fait, il semble que la dimension figurée ne soit pas l'essentiel du modèle. Bien que le dessin ait son importance en biologie, que beaucoup de choses passent (consciemment ou non) par lui, il reste que la notion de gène est en elle-même un modèle ! Aussi le schéma n'est-il pas l'essentiel du modèle, et il ne se suffit pas à lui-même (il faut par exemple une légende). Le modèle reste un ensemble conceptuel ! C'est une manière de projeter des relations logiques entre des concepts et même de présenter un raisonnement (la manière dont les données produisent le résultat sous des conditions déterminées).

g) les biais du modèle et leur critique par la mise en mot interdisciplinaire

Il semble qu'il puisse se glisser une marge d'involontaire entre ce que donne une expérience et ce qu'on en construit avec le modèle. Est-ce qu'il n'y a pas un autre façon de l'exprimer pour laisser ouvertes les questions ainsi closes ? Certes la schématisation et les conventions de lecture biaisent la compréhension, mais il semble que ce soit plus fondamental que le modèle. Cela tient, nous semble-t-il, à l'expérimentation elle-même : le modèle est bâti sur une expérimentation, et celle-ci suppose une simplification de la réalité pour pouvoir agir sur elle. Certes, le modèle a ensuite une fonction rhétorique – et pour convaincre, il doit aller dans le sens des préjugés, ou plus précisément mettre l'accent sur ce que l'on a trouvé et sur sa valeur explicative – quitte à relativiser les autres facteurs possibles ; mais plus fondamentalement, on calque la représentation simplifiée sur une manipulation qui suppose d'avoir déjà simplifié l'objet. De même qu'en physique on modélise les phénomènes, en biologie on se met dans un point de vue que l'on sait biaisé, mais il est nécessaire, efficace et fécond d'aller à fond dans cette direction – quitte à se mettre des œillères. C'est au fond le principe même de la modélisation : aller à fond dans un cadre pour lui donner toute son efficacité explicative, et éventuellement le dépasser. Ainsi, effectivement, le nom de gène semble expliquer tout le devenir des cellules, et bien qu'il y ait plein de choses cachées derrière ce petit mot, on simplifie pour pouvoir agir dessus.

Ces aprioris sont partagés au sein d'une sous-discipline, et ils semblent relatifs à elle. Mais les conditions pédagogiques font que l'on s'adapte à la personne à laquelle on explique. Certes, ces

aprioris sont des pré-requis (ce sont des connaissances qu'il faut avoir pour comprendre l'explication elle-même, comme par exemple la théorie de l'évolution, etc.) mais quand on explique un modèle à quelqu'un, on se rend compte de certaines fausses évidences que l'on a, si l'on a bien compris son sujet, déjà interrogé.

III. Proposition de prolongement : modèle (en bio) et concept (en philo) sont-ils des homologues ?

Concept et modèles sont deux types d'outils intellectuel : ils sont mobilisés dans la recherche, et en même temps ils sont constitués comme résultat de cette recherche. On peut dès lors se demander si leur différence tient à un langage différent, sachant que l'approche thématique est toujours inscrite dans une démarche opératoire. Cette interrogation passerait par une inversion des rôles – un concept philosophique, tel que celui de « norme », étant critiqué à partir de sa présentation à des spécialistes de biologie qui l'interprètent selon leurs enjeux et problématiques propres. Il s'agira d'écouter le regard que les philosophes portent sur leur propre pratique, à partir de des interrogations et des questionnements propres aux biologistes.