

LA PROBABILITÉ DE LA MACROÉVOLUTION

Évaluation:

Description: Après les impressionnantes avancées faites dans le domaine de la génétique au cours du troisième millénaire, nous pouvons plus facilement évaluer les probabilités qu'une macroévolution se soit produite au cours de l'histoire de l'univers.

Catégorie: [Articles](#) [Preuves que l'islam est la vérité](#) [L'existence de Dieu](#)

Catégorie: [Articles](#) [Preuves que l'islam est la vérité](#) [Preuves logiques](#)

par: Ibrahim Abuharb (© 2017 I. A. Abuharb)

Publié le: 25 Sep 2017

Dernière mise à jour le: 10 Aug 2025

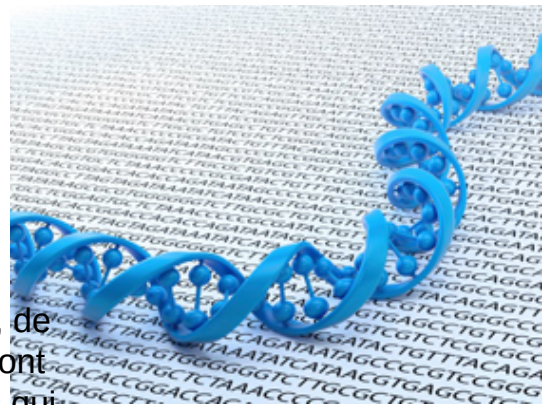
Introduction

La science a accompli d'énormes progrès en génétique depuis le début du 21^e siècle. Des scientifiques ont déterminé la séquence et établi la cartographie des génomes de plus de 2800 organismes, incluant l'être humain, et leur travail se poursuit sans relâche.^[1]

La macroévolution nous apprend que les humains, de même que d'autres formes de vie multicellulaires, ont évolué à partir d'organismes primitifs unicellulaires qui entrent dans la catégorie des procaryotes et rejoignent même des organismes encore plus primitifs.^[2] Les procaryotes sont des organismes unicellulaires qui ne comportent pas de noyau, car leur génome n'est pas contenu à l'intérieur d'une membrane ni distinct du reste de la cellule. Ce sont les formes de vie les plus primitives retrouvées sur terre.^[3] Y a-t-il une chance que cette évolution ait eu lieu à partir d'une simple et unique cellule pour plus tard former un être humain durant l'âge de l'univers?

Le génome humain ^[4] contient environ 3 milliards de paires de nucléotides de base (A, C, T et G).^[5] Environ 34 millions de nucléotides de base du génome humain sont impliqués dans la production de protéines vitales aux processus de vie.^[6] Ces 34 millions de nucléotides sont appelés des gènes. Les protéines sont faites d'acides aminés. Chaque acide aminé est encodé par un codon et chaque codon est composé de 3 nucléotides.

La séquence de ces nucléotides, au sein des gènes, est ce qui définit les caractéristiques et les fonctions d'un organisme vivant, de même que sa nature; sera-t-il



une bactérie, une plante, une mouche, un poisson ou un humain? La séquence de ce codage dans les gènes humains comme dans ceux d'autres organismes, est si sophistiquée, précise et parfaitement organisée qu'elle est comparable à la séquence des alphabets dans un poème de Shakespeare, un roman, une thèse, un programme informatique ou une encyclopédie de 2 millions de mots.

Selon la macroévolution, cette séquence précise, cet encodage sont apparus par des mutations aléatoires[7] et une sélection naturelle.

Mutations maximales possibles durant l'âge de l'univers

Nous tenterons de découvrir le nombre maximal de mutations qui ont pu se produire au cours de l'âge de l'univers sur la base de suppositions en faveur de l'évolution.

Le nombre maximal de mutations que peut subir un génome humain, durant son évolution à partir d'une cellule unique jusqu'à un être humain complet, est 3 milliards de mutations par génération, car c'est la plus grande taille que le génome des mammifères ait atteint. Il s'agit d'une hypothèse extrême en faveur de l'évolution. En réalité, le taux de mutations se situe entre 0.003 et 350 mutations par génome, par génération.[8]

La génération la plus courte rapportée jusqu'à maintenant est celle de la *Pseudomonas natriegens*, une bactérie marine dont la durée de génération ne dépasse pas 9.8 minutes[9]. Néanmoins, même si nous allons vers cet extrême en faveur de l'évolution, cela nous donne une nouvelle génération toutes les secondes. Par conséquent, durant l'âge de l'univers [10] (nous parlons, ici, d'environ 15 milliards d'années)[11], le nombre maximal de générations atteignable est :

Âge de l'univers en années × jours par année × secondes par jour
15 milliards × 365 × 86400
ce qui équivaut à moins de 10^{18} générations (1, suivi de 18 zéros).

La dernière information dont nous avons besoin pour calculer le nombre maximal de mutations est la population de ces organismes unicellulaires. Supposons un nombre très grand, qui ne laisse aucune place à un nombre supplémentaire : le nombre d'atomes dans l'univers observable, qui est d'environ 10^{82} . [12]

Ainsi, sur la base de résultats précédents et d'hypothèses généreuses, le nombre maximal de mutations qui peuvent se produire dans l'univers tout entier au cours de son âge est :

Mutations par génération × Générations durant l'âge de l'univers × Population
3 milliards × 10^{18} × 10^{82}
ce qui équivaut à moins de **10^{110} mutations** (1, suivi de 110 zéros).

Nombre de mutations aléatoires requises pour une évolution menant à un être humain

Les gènes du génome humain sont composés d'environ 34 millions de nucléotides.[\[13\]](#)

Le plus grand génome, chez les organismes unicellulaires (procaryotes) est composé d'environ 13 millions de nucléotides.[\[14\]](#)

Il y a donc une différence d'au moins 21 millions de nucléotides entre les organismes procaryotes et l'humain. Et pour qu'une simple cellule évolue en être humain, le processus évolutionnaire doit muter – ce qui peut inclure l'insertion – au moins 21 millions de nucléotides avec la bonne base de nucléotides et dans la bonne séquence.

Dans les gènes, chaque acide aminé – la composante de base de protéines vitales à tous les processus de vie – est encodé par 3 nucléotides, ce qu'on appelle un codon. 21 millions de nucléotides équivalent à 7 millions de codons.

Les mutations aléatoires ont l'un de ces trois effets : neutre, délétère ou bénéfique. Seules les mutations bénéfiques peuvent contribuer au processus évolutionnaire.

Dans les organismes vivants, il y a 20 différents acides aminés et un codon-stop[\[15\]](#); le total est donc de 21.[\[16\]](#) Toute mutation mène à l'un de ces 20 acides aminés ou au codon-stop.[\[17\]](#)

Ainsi, chaque mutation qui tombe dans des gènes, la région de code du génome[\[18\]](#), a une chance d'environ 1/21 de ne pas altérer l'acide aminé (i.e. l'encodage pour le même acide aminé) et d'être, par conséquent, une mutation neutre, et une chance d'environ 20/21 d'altérer l'acide aminé.[\[19\]](#) 70% de ces 20/21 mutations sont délétères (néfastes).[\[20\]](#) Néanmoins, de façon purement hypothétique, dans le cadre de cette discussion sur l'évolution, nous supposerons que toutes les mutations qui altèrent des acides aminés sont bénéfiques. Ainsi, chaque mutation a une chance d'environ 20/21 d'être bénéfique.[\[21\]](#)

Donc, la probabilité que 7 millions de codons fassent, de façon aléatoire, des mutations bénéfiques est de :

Chance que les mutations soient bénéfiques *élevé à la puissance du* nombre de codons
20/21 *élevé à la puissance de* 7 millions
qui équivaut à **1 jusqu'à plus de 10^{100,000}** (1, suivi de 100 000 zéros).[\[22\]](#)

La sélection naturelle aurait-elle pu augmenter les chances de mutations dans notre scénario? Jamais, car ce que fait, essentiellement, la sélection naturelle, c'est qu'elle maintient des lignées à l'aide de mutations bénéfiques ou neutres et élimine des lignées

à l'aide de mutations néfastes. Elle n'empêche, en aucun cas, des mutations bénéfiques de passer à travers de nouvelles mutations. De plus, dans notre scénario, nous avons déjà supposé que toutes les mutations sont soit neutres ou bénéfiques et avons exclu les mutations néfastes. Par conséquent, la sélection naturelle ne peut faire mieux dans un tel scénario.

Conclusion

Nous avons donc besoin que plus de $10^{100,000}$ (1, suivi de 100 000 zéros) mutations aléatoires se produisent pour qu'un simple organisme unicellulaire puisse évoluer en être humain, tandis que seulement 10^{110} (1, suivi de 110 zéros) mutations se sont produites au cours de l'âge de l'univers, même si l'univers tout entier est un milieu propice à ce genre de processus évolutionnaire.

Tous ces calculs sont basés sur les gènes humains – qui constituent moins de 2% du génome – sans prendre en considération les zones non-codantes qui consomment environ 98% du génome humain. Le ENCODE Project Consortium a été en mesure de désigner des fonctions biochimiques pour 80% du génome humain et a découvert qu'environ 20% régulent les gènes. Les résultats de ce projet de cinq ans ont été publiés en 2012 dans les revues Nature, Science, Genome Biology et Genome Research.^[23] Les 442 chercheurs du consortium ENCODE, provenant de 32 instituts de par le monde, ont utilisé 300 ans de temps informatique et cinq ans de laboratoire pour obtenir ces résultats.

Nous espérons que cette étude a réussi à apporter un éclairage nouveau sur ce sujet crucial.

[Les commentaires, critiques et réfutations sur cet article sont bienvenus. Vous pouvez les envoyer à l'auteur à l'adresse suivante : comments@i-g.org].

Note de bas de page:

[1] <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/browse/>

[2] <http://jmicro.oxfordjournals.org/content/early/2012/09/28/jmicro.dfs062.full>
http://www.bbc.co.uk/nature/history_of_the_earth
<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK9841/>
<http://www.sciencemag.org/content/323/5911/198.full?sid=d1229251-19db-4c22-ad69-f77105acb632>
<http://www.nature.com/scitable/content/the-origin-of-mitochondria-and-chloroplasts-14747702>
http://evolution.berkeley.edu/evolibrary/article/_0/endosymbiosis_03

[3] <http://www.nature.com/scitable/definition/prokaryote-procariote-18>
<http://www.nature.com/scitable/content/the-origin-of-mitochondria-and-chloroplasts-14747702>
<http://biology.about.com/od/cellanatomy/ss/prokaryotes.htm>

[4] Un génome est l'ensemble complet d'AND ou d'ARN d'un organisme, incluant tous ses gènes. Chaque génome contient toute l'information héréditaire nécessaire pour construire et maintenir cet organisme.

[5] <http://www.genome.gov/18016863>

[6] <http://www.nature.com/nature/journal/v431/n7011/full/nature03001.html>

[7] Les types de mutations incluent : la substitution, l'insertion, la suppression et autres types. (<http://evolution.berkeley.edu/evosite/evo101/IIC3aTypes.shtml>).

[8] <http://www.genetics.org/content/148/4/1667.full>
<http://www.genetics.org/content/156/1/297.full>
<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2910838/> [Table 1]
<http://sandwalk.blogspot.com/2007/07/mutation-rates.html>

[9] <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC279347/>

[10] Et pourquoi pas durant l'âge de la terre? Pour éliminer toute supposition voulant que les codes du génome furent transférés de l'espace à la terre.

[11] <http://imagine.gsfc.nasa.gov/docs/features/exhibit/tenyear/age.html>

[12] <http://www.universetoday.com/36302/atoms-in-the-universe/>
<http://plato.stanford.edu/entries/computability/>

[13] <http://www.nature.com/nature/journal/v431/n7011/full/nature03001.html>

[14] <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3236041/>

[15] Il y a 64 codons. En moyenne, chaque acide aminé et le codon-stop peuvent être encodés par un codon sur trois (voir références dans la note #17).

[16] <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK21950/> [Figure 10-27]
<http://www.nature.com/scitable/definition/genetic-code-13>
<http://hyperphysics.phy-astr.gsu.edu/hbase/organic/genencode.html>

[17] <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK22358/> [Table 5.4]
http://en.wikipedia.org/wiki/DNA_codon_table
<http://www.nature.com/scitable/topicpage/nucleic-acids-to-amino-acids-dna-specifies-935>

[18] Si des mutations se produisent en dehors des gènes, elles sont donc neutres par rapports aux gènes. Il est à noter qu pour la plupart des organismes multicellulaires dont le génome dépasse les 100 millions de nucléotides, leurs gènes consomment moins de la moitié du génome.

[http://www.n
cbi.nl](http://www.ncbi.nl) (et http://www.tcm.phy.cam.ac.uk/~tmf20/PUBLICATIONS/jtb_07.pdf).

[19] Pour être plus précis, les chances d'altérer les acides aminés se situent entre 20/21 et 20.318/21, mais ne peuvent excéder ces nombres. Ce n'est pas exactement 20/21, car un codon ne peut muter en lui-même. La limite maximale de chances a été obtenue par l'équation : $(63 - ((64/21) - 1)) / (64 - 1) = 20.318/21$. Dans tous les cas, le résultat de probabilité final atteint dans cette étude est le même.

[20] <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC1871816/>

[21] Cette chance de 20/21 d'être bénéfique peut aussi être appliquée au rare cas d'insertion de codons complets parce qu toutes les études ont confirmé que seule une petite portion de mutations aléatoires est bénéfique, tandis que la majorité sont soit délétères (néfastes) ou neutres. Cela va de soi puisqu'elles sont aléatoires. Lui accorder une chance de 20/21 d'être bénéfique est donc une hypothèse très généreuse.

[http://www.n
ature.c
om/sci
table/t
opicpa](http://www.nature.com/scitable/topicpage) (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC1871816/>, <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC1617134/>, <http://global.britannica.com/EBchecked/topic/399695/mutation>, <http://www.nature.com/hdy/journal/v84/n4/abs/6887250a.html>, <http://www.genetics.org/content/148/4/1667.full.pdf>, et <http://www.sciencemag.org/site/feature/data/pharmacia/1999/Cascalho.xhtml>).

[22] Pour calculer des nombres importants, vous aurez peut-être besoin d'une calculatrice comme celle-ci:
http://www.ttmath.org/online_calculator.

441

[23] <http://www.nature.com/nature/journal/v489/n7414/full/nature11247.html>
<http://www.guardian.co.uk/science/2012/sep/05/genes-genome-junk-dna-encode>
<http://www.sciencemag.org/content/337/6099/1159.summary>

L'adresse web de cet article:

<https://webcache001.islamreligion.com/fr/articles/10330/la-probabilite-de-la-macroevolution>

Copyright © 2006 - 2026 IslamReligion.com. Tous droits réservés.