

إضافة على موضوعات أقل عدد جينات

لأبسط خلية

Holy_bible_1

28 June 2020

تكلت سابقا في موضوعات

التطور العضوي الجزء الثالث والعشرين وأقل عدد جينات لأبسط خلية

التطور العضوي الجزء الرابع والعشرين وكفاءة أقل عدد جينات لأبسط خلية

وباختصار شديد

.Minimum genes concept

تكلت عن موضوع أقل عدد جينات لأبسط كائن ليبدأ رحلة الحياة وينقسم ذاتيا.

درس العلماء عدد الجينات المتعلقة بأهم الوظائف الحيوية لأبسط خلية في مشروع دراسة اقل عدد من الجينات المطلوبة لاستمرار ايسط خلية نعرفها. وهذه الدراسة كانت أصلا لأثبات التطور عن طريق الاختزال ليصلوا لأبسط صورة تصلح لبداية الحياة ولكنها كالعادة اثبتت التصميم وخطأ التطور. لان الخلية بها آلاف الجينات المعبرة بإنتاج بروتينات بالإضافة الي الجينات الاخرى التي تتحكم في بعض الوظائف ولكنهم عرفوا ما هي الجينات الأساسية المعبرة وبدون اي جين منهم الكائن ميت مباشرة فهذه سميت الجينات الاساسية التي لا يمكن ان يفقد اي جين منهم (بل ولا كود من جين منهم) ولكن بقية الجينات لو فقدت او تلفت ممكن تفقد بسببها الخلية وظائف هامة ولكنها لن تموت مباشرة بل ستستمر وبخاصة لو وسط غذائي غنى وتنقسم ايضا.

الميكوبلازما *Mycoplasma* كأبسط كائن حي ينقسم ذاتيا به اقل عدد من الاكواد فيها دي ان ايه دائري عدد قواعده 580,000 قاعده بها الجينات معبرة 482 جين ينتج بروتين و 43 جين ينتج RNA. من 525 جين اكتشفوا ان الجينات الاساسية هي 382 جين بنقص اي منهم لا يعيش الكائن اي يموت مباشرة اي بمعنى اخر لا يستطيع ان يبدأ بجينات اقل من هذا ليتطور. بمعنى اخر أن ايسط صورة لأبسط كائن وحيد الخلية ينقسم ذاتيا لابد من بدايته في اول لحظة يكون حي فيها ان يكون به 382 جين وبدون اي منهم لا يمكن ان يبدأ ويكون حي. منهم 100 جين لا يعرفوا وظيفتهم لكن يعرفوا بالتجربة أنه لو فقد اي منهم يموت الخلية مباشرة.

Science 10 December 1999: Vol. 286 no. 5447 pp. 2165–2169 DOI:

10.1126/science.286.5447.2165

من 525 جين معبر منهم 382 جين أساسي بدون أي من هذه 382 جين لا تنجو

Kowalski, Heather. "First Self-Replicating Synthetic Bacterial Cell". Press

Release. Retrieved 17 December 2012.

ولكن اقل عدد من الجينات في كائنات بسيطة اخرى هي أكثر من هذا بل اكتشفوا شيء يثبت خطأ التطور

أكثر ويثبت التصميم لان هذه الجينات الأساسية في الكائنات البسيطة الأخرى تختلف عنها في جينات متفردة

يميز بها كل جنس والجينات المتفردة هذه سموها الجينات اليتيمة لأنه لا تشبه جينات أي كائن اخر

كيف تفسر هذه الجينات اليتيمة بفرضية التطور التدريجي؟ هذه مدمرة للتطور لأنهم لو من جد مشترك كان

يجب ولا بد ان يتطابقوا في الجينات الأساسية ولكن ثبت العكس مما يناسب التصميم فقط ولكن هذا ليس

موضوعنا. المهم كائنات أخرى بسيطة يختلف فيها عدد الجينات الأساسية مثل

الاشيريشيا كولاي E. Coli التي من 4288 جين معبر منهم 1617 جين معبر أساسي لو نقصوا جين لا

تعيش. يوجد بها جينات أساسية تختلف من الميكوبلازما في 1448 جين يتيم وتشارك في قلة تقريبا 169

فقط أي الاشيريشيا كولاي من الكائنات البسيطة بها 1617 جين أساسي أي لا بد ان تكون بدأت بهم ولا

يوجد تدريج وأيضا بها 1448 جين يتيم تكون من البداية فيها أي مصممين لها من البداية

الذي فهمناه حتى الان نقطتين خطيرتين

النقطة الأساسية الأولى كل كائن بسيط يوجد به جينات أساسية تختلف من جنس لآخر وتشارك في قلة

وتختلف في أكثر من ألف جين في بعض الاجناس وهذا يوضح انهم لم يتطوروا من بعض والا وجدنا ان

الجينات الأساسية ثابتة ويبنى عليها لان أي منها لا يصلح ان يفقد ولكن هذا يعني بوضوح علميا ان كل

جنس تم تصميمه من قبل مصمم ذكي يعرف ما يحتاجه كل جنس من جينات أساسية وحتى لو اشتركت
قله منهم ولكن كل منها له جينات مميزة هذا يشهد على المصمم المشترك

النقطة الثانية كيف بداية الحياة بالتطور العضوي وابطس كائن هي تحتاج أن تبدأ ب 382 جين اساسي؟

فالميكوبلازما *Mycoplasma* وتعتبر من ابطس كائن ينقسم ذاتيا وبها 525 جين معبر معروف حتى

الان بالإضافة الي الجينات التنظيمية وهذا به كروموزوم دائري يساوي 580,070 زوج من القواعد نو

تكلما عنه ليكون 382 جين أساسي لا يستطيع ان يعيش الا بوجودهم بالاحتمالات لوصلنا لأرقام

خرافية. هذا نقطة الصفر أي لا بد ان يبدأ بها وليس يبدأ ب RNA او DNA بسيط بقله من الأكواد

يضاف عليه. هذا لا يوجد فيه علميا مكان للتدرج.

لان لو ادعاء التطور العضوي هو الصحيح وليس الخلق هذا يعني اننا كنا يجب ان نجد ابطس كائن به

جين او اثنين فقط أساسيين ومشاركين في الكائنات البسيطة ولكن هذا ثبت خطؤه

ولكن هذا اثبت الخلق لان:

ان الخطوة الاولى لتكوين ابطس حياه نعرفها يجب ان تكون ليست كونت فقط جين او اثنين دقيقين

بالاختيار الطبيعية او RNA بسيط ولكن يجب ان تبدأ من البداية مباشرة 382 جين معبر مصمم كل منهم

غاية في التعقيد ولا يتكون أي واحد منهم بالصدف. هذه نقطه الصفر لبداية الحياة.

إذا مبدا فرضية التطور التي تفترض انه حدث شيء وكون مكونات عضويه في الطبيعة وايضا كونت

مكونات بسيطة جدا مثل شريط نووي به جين او اثنين وبدأت تنمو وتتطور الحياة بخطوات بسيطة جدا

متابعة إضافة جينات جديدة هو فرضيه اثبت العلم خطأها تماما لان البداية ليست بسيطة ولكن يجب ان تكون البداية هو نظام مخلق متكامل بدون نقص اي جزء فيه والا لا توجد حياه.

هذا يؤكد علميا الخلق أي ان العلم اثبت بالفعل أن البداية هي خلق وليس التطور التدريجي. فالحقيقة الايمان بالخلق هو الذي يتفق مع العلم الحقيقي الملاحظ والمختبر والايمان بالتطور والاحاد هو يخالف العلم المثبت. ولهذا من يقول إنه لا يعرف ولكن العلم قد يثبت في المستقبل إمكانية ذلك هو يخدع نفسه والآخرين لان العلم اثبت بالفعل عدم إمكانية ذلك مرارا وتكرارا واثبت التصميم فهل نؤمن بما أثبتته العلم من خلق ام نؤمن بما نفاه العلم ولكن فقط خيال التطور؟

ملحوظة أصغر كائن وهو الميكوبلازما جنيتاليا هي في أصلها كائن بسيط جدا لن تعيش الا في داخل الانسان ليكون حولها غذاء كافي ولا تنجو في الخارج لأنها لا يوجد بها جينات تكفي للتنقل وغيره بل جينات أساسية لتغذية والانقسام والعمليات الأساسية فقط ورغم هذا هي تقوم بوظائف كثيرة رغم انها ابسط صورة للحياة تنقسم ذاتيا.

فالبروتينات داخلها تقوم بوظائف كثيرة لا نعرفها كلها ولكن منها تكوين جدار الخلية وإنتاج الطاقة التي تحتاج اليها وترجمة الادي ان ايه والتعبير عنه وخطوات تكوين البروتينات وتضاعف الادي ان ايه ونقل وتكوين هذه المكونات وعمليات تنظيمية لهذا

Mycoplasma genitalium genes by functional classes



وكل وظيفة تحتاج بروتينات كثيرة وكل بروتين يحتاج بروتينات تشكله لشكله ثلاثي الابعاد بعد ان يخرج

البروتين من الريبوزوم فلهذا هي التي تعتبر ابسط كائن ينقسم بها هذا التعقيد فقط لتنجو في وسط

غذائي غني بهذه الجينات

The minimal gene complement ("parts list") of *Mycoplasma genitalium* (Fraser *et al.*, 1995)



The table is a multi-column list of genes and their functions. It is organized into several sections, including:

- DNA metabolism:** Genes involved in DNA replication, repair, and recombination.
- Protein synthesis:** Genes for ribosomal proteins, transfer RNAs, and other factors.
- Cell wall synthesis:** Genes for the synthesis of the cell wall.
- Other functions:** Genes for various other cellular processes.

The table is a detailed list of genes and their functions, organized into columns. It is a comprehensive list of the minimal gene complement of *Mycoplasma genitalium*.

ملحوظة هذا ما نعرفه ولكن الكثير لا نعرفه حتى الان

أيضا هي مصممة مع بقية الكائنات لأنه لن يوجد لوحده لان الميكوبلازما لن يعيش لوحده بدون عائل

فهذا يؤكد ان ليس الخلق فقط بل خلقوا معنا كمنظومة متعايشة

والدراسة التي تمت سنة 1999 لدراسة اقل عدد جينات تنجوا بها الميكوبلازما أي إزالة جينات ويراوا هل

تستمر ام لا

Global Transposon Mutagenesis and a Minimal Mycoplasma Genome

Clyde A. Hutchison III,^{1,2*} Scott N. Peterson,^{1**} Steven R. Gill,¹
Robin T. Cline,¹ Owen White,¹ Claire M. Fraser,¹
Hamilton O. Smith,^{1,3} J. Craig Venter^{1,4}

Mycoplasma genitalium with 517 genes has the smallest gene complement of any independently replicating cell so far identified. Global transposon mutagenesis was used to identify nonessential genes in an effort to learn whether the naturally occurring gene complement is a true minimal genome under laboratory growth conditions. The positions of 2209 transposon insertions in the completely sequenced genomes of *M. genitalium* and its close relative *M. pneumoniae* were determined by sequencing across the junction of the transposon and the genomic DNA. These junctions defined 1354 distinct sites of insertion that were not lethal. The analysis suggests that 265 to 350 of the 480 protein-coding genes of *M. genitalium* are essential under laboratory growth conditions, including about 100 genes of unknown function.

One important question posed by the availability of complete genomic sequences (*1-3*) is how many genes are essential for cellular life. We are now in a position to approach this problem by reframing the question "What is life?" in genomic terms: "What is a minimal set of essential cellular genes?"

Interest in the minimal cellular genome predates genome sequencing [for a review, see (*4*)]. The smallest known cellular genome (*5*) is that of *Mycoplasma genitalium*, which is only 580 kb. This genome has been completely sequenced, and analysis of the se-

quence revealed 480 protein-coding genes plus 37 genes for RNA species (*6*).

The fraction of nonminimal genomes that is essential for cell growth and division has been experimentally measured in yeast (12%) and in the bacterium *Bacillus subtilis* (9%) (*8*). The indispensable portion of the *B. subtilis* genome was estimated to be 562 kb, close to the size of the *M. genitalium* genome. Theoretical approaches to defining a minimal gene set have also been attempted. With the availability of the first two complete genome sequences (*Haemophilus influenzae* and *M. genitalium*) and the assumption that genes conserved across large phylogenetic distances are likely to be essential, a minimal gene set of 256 genes was proposed (*7*).

Mycoplasma pneumoniae is the closest known relative of *M. genitalium*, with a genome size of 816 kb, 236 kb larger than that of *M. genitalium* (*5*). Comparison of the two genomes indicates that *M. pneumoniae* is-

¹The Institute for Genomic Research, 9712 Medical Center Drive, Rockville, MD 20850, USA. ²Department of Microbiology and Immunology, University of North Carolina at Chapel Hill, Chapel Hill, NC 27599, USA.

*These authors contributed equally to this report. To whom reprint requests should be addressed. Present address: Celera Genomics, 45 West Gate Drive, Rockville, MD 20850, USA.

§To whom correspondence should be addressed.

Global Transposon Mutagenesis and a Minimal Mycoplasma Genome

Clyde A. Hutchison *et al.*,
Science 286

(10 December 1999):
pp. 2165-2169

وأیضا أخرى مشابهة في 2006

Essential genes of a minimal bacterium

John I. Glass, Naqya Assad-Garcia, Nina Rajewski, Shihy Koozmov, Matthew R. Lewis, Malin Marul, Clyde R. Nishizawa, Randolph D. Smith*, and J. Craig Venter

bioRxiv preprint doi: <https://doi.org/10.1101/000000>; this version posted November 10, 2005. The copyright holder for this preprint (which was not certified by peer review) is the author/funder, who has granted bioRxiv a license to display the preprint in perpetuity. It is made available under aCC-BY-NC-ND 4.0 International license.

Essential Genes of a Minimal Bacterium

John I. Glass *et al.*, *Proceedings of the National Academy of Sciences* 103 (10 January 2006): pp. 425-430.

Abstract

One consequence of progress in the new field of synthetic biology is an emerging view of cells as assemblies of parts that can be put together to produce an organism with a desired phenotype (1). This perspective begs the question: "How few parts would it take to construct a cell?" In an organism that is free from stress and provides all necessary nutrients, what would constitute the minimal set of genes required? This question has been approached theoretically and experimentally by our laboratory and others (2).

In a comparison of the first two bacterial genomes sequenced, *Mycobacterium* and *Bacterium* (3) proposed that the 234 orthologous genes shared by the Gram-negative *Mycobacterium* cell envelope and the Gram-positive *Bacterium* genome (4) a core representation of a minimal gene set for bacterial life. More recently (5) *et al.* (5) proposed a 306 protein-coding gene set of a minimal gene set based on analysis of minimal cell-free living and endosymbiotic bacterial genomes.

In 1998 we reported the use of global transposon mutagenesis to experimentally determine the genes and essential for laboratory growth of *M. genitalium* (6). Since then, others have been using similar experimental approaches to determine essential genes sets using a top approach and other methods such as site-directed gene inactivation and antisense RNA (7-12). Most of these studies analyzed human pathogens, often with the aim of identifying essential genes that might be used as antibiotic targets. Almost all of these organisms contain relatively large genomes that include many paralogous gene families. Disruption of a subset of such genes shows that they are nonessential but does not determine whether their products perform essential biological functions. It is only through gene essentiality studies of bacteria that have very small genomes that are being sequenced that the importance of the composition of hypothetical essential gene sets.

We believe that the *Mycobacterium* genetically based as the *Mycobacterium* are the best experimental platform for experimentally defining a minimal gene set. These organisms have been studied from their commercial production to the *Mycobacterium* system by a diverse of genome reduction, identification, and functional studies that lead to relatively unambiguous results regarding their adaptive capability. *M. genitalium*, a human

Mycobacterium genitalium has the smallest genome of any organism that can be grown in pure culture. It has a minimal metabolism and the genome is relatively compact. Consequently, its genome is expected to be a close representation to the minimal set of genes needed to sustain bacterial life. Using global transposon mutagenesis, we isolated and characterized gene disruption mutants for 160 different transposon insertion sites. None of the 160 DNA-reading genes were disrupted. Next, we identify 382 of the 482 *M. genitalium* protein-coding genes as essential for the cell's growth. We then used a top approach to identify 149 genes that provide essential functions, such as phosphate transport, genes encoding proteins of unknown function constitute 28% of the essential protein-coding genes set. Disruption of some genes disrupted *M. genitalium* growth.

Introduction

Mycobacterium genitalium has the smallest genome of any organism that can be grown in pure culture. It has a minimal metabolism and the genome is relatively compact. Consequently, its genome is expected to be a close representation to the minimal set of genes needed to sustain bacterial life. Using global transposon mutagenesis, we isolated and characterized gene disruption mutants for 160 different transposon insertion sites. None of the 160 DNA-reading genes were disrupted. Next, we identify 382 of the 482 *M. genitalium* protein-coding genes as essential for the cell's growth. We then used a top approach to identify 149 genes that provide essential functions, such as phosphate transport, genes encoding proteins of unknown function constitute 28% of the essential protein-coding genes set. Disruption of some genes disrupted *M. genitalium* growth.

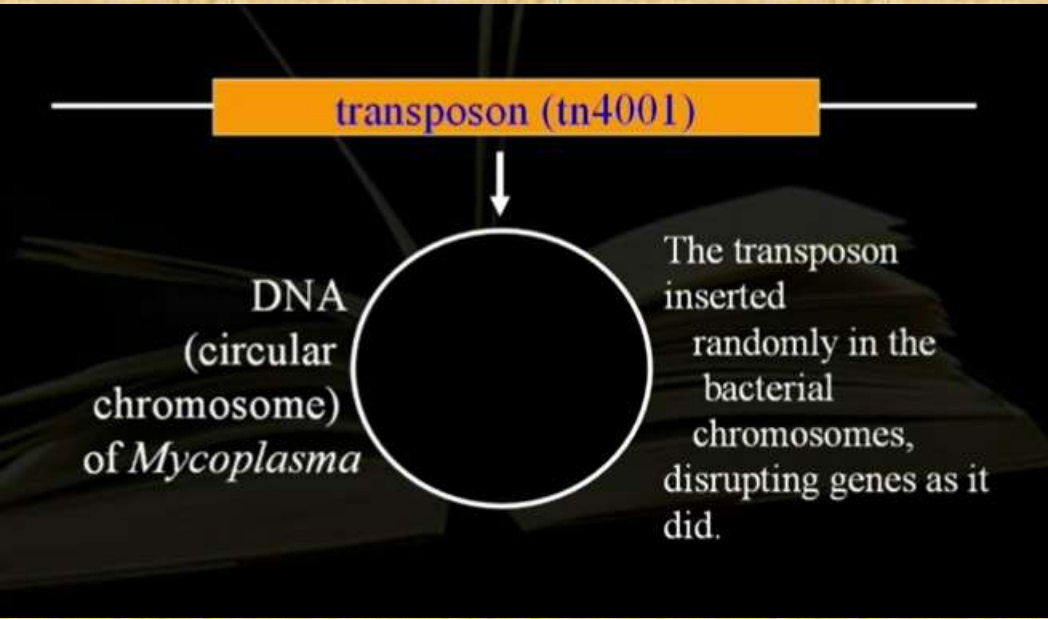
Results

We sequenced within the transposon-genome junctions of mutants using a greater specificity for *M. genitalium*. Presence of a transposon in a gene indicated that that gene was disrupted and therefore nonessential. Because some genes might provide essential functions in mutants and we did not consider the absence of the gene products, the disruptions are individually verified mutants. To exclude the possibility that gene disruption was the result of a transposon insertion to one copy of a duplicated

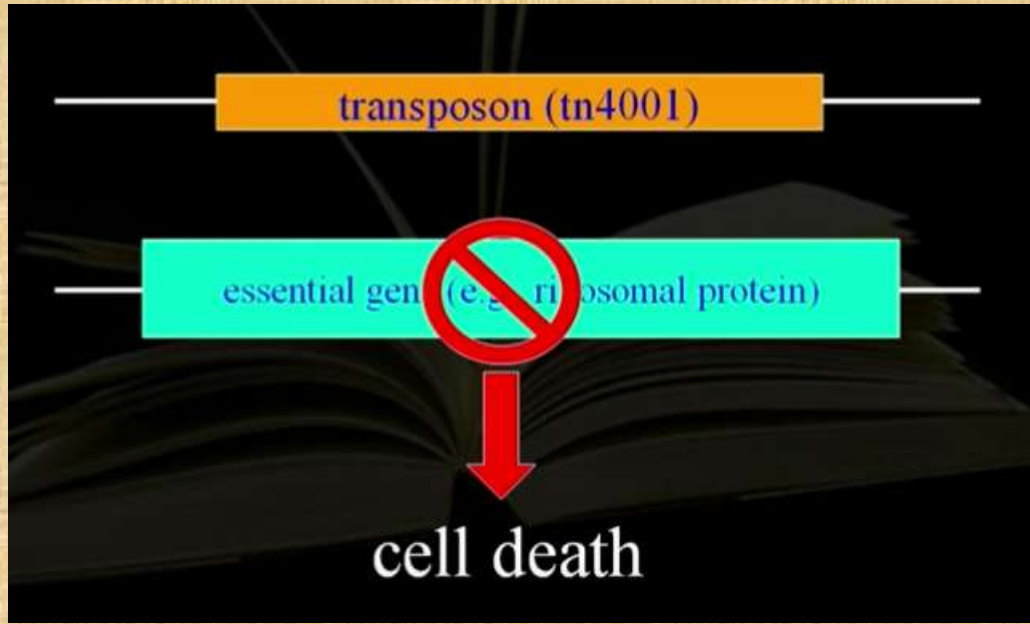
Discussion

We sequenced within the transposon-genome junctions of mutants using a greater specificity for *M. genitalium*. Presence of a transposon in a gene indicated that that gene was disrupted and therefore nonessential. Because some genes might provide essential functions in mutants and we did not consider the absence of the gene products, the disruptions are individually verified mutants. To exclude the possibility that gene disruption was the result of a transposon insertion to one copy of a duplicated

لمعرفة هذه الجينات الأساسية هو استخدام ترانسبوزون الذي يدخل في الادي ان ايه ليفسد بعض الجينات



وفي كل مرة لو أفسد جين أساسي سيكون النتيجة موت الخلية



لمعرفة أي جينات لن تقتل الخلية وتستمر

مثلا تبدأ تزيل أشياء من سيارتك فتزيل كابل وتجد ان السيارة لا تدور لأنه لكهرباء الموتور فهذا أساسي

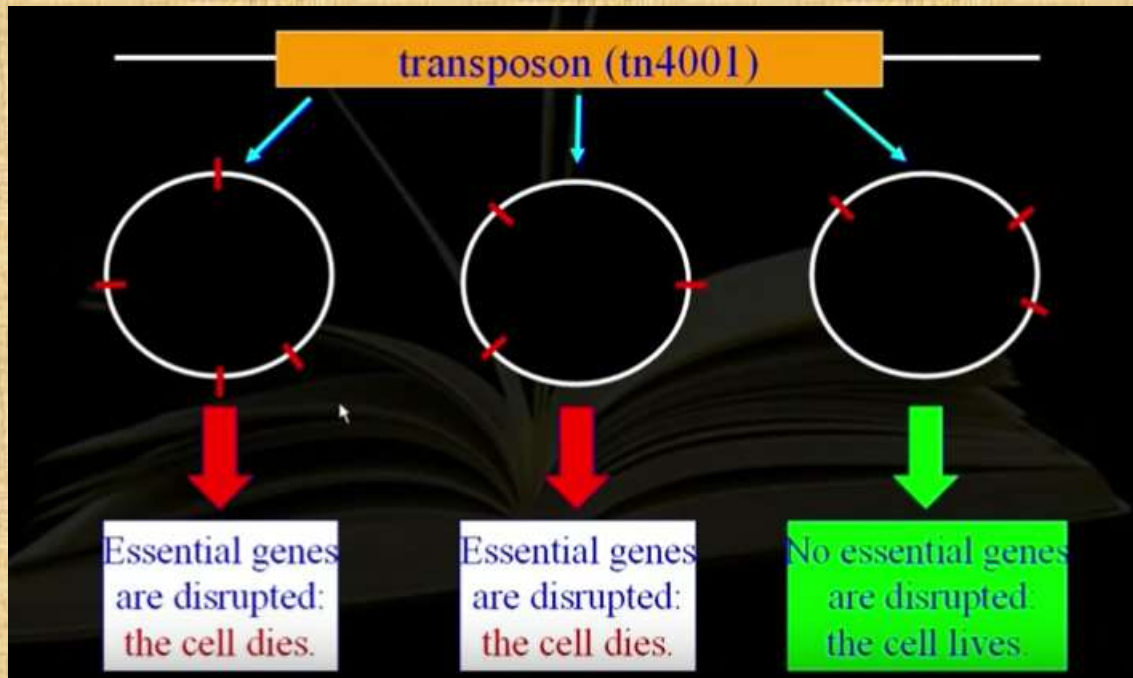
فتجرب إزالة كبل اخر فتستمر تعمل لأنه كان غير أساسي مثل لعمل المساحات التي تقدر تقود السيارة

بدونهم فالمساحات لا تحتاجهم في الظروف الممتازة للقيادة ولكن تحتاجهم في الظروف السيئة

مثلهم الجينات الغير أساسية هي لا تحتاجهم في الظروف الممتازة من وسط تضع فيه كل شيء لنمو

الميكوبلازما ولكن هي ستحتاجهم لو كان هناك ظروف غير ملائمة لتنجو

وبتكرار التجربة تعرف أي جين أساسي واي جين غير أساسي



فوجدوا ان 382 جينات انتاج بروتينات من 482 جينات انتاج بروتينات أساسيين في ظروف مناسبة
 تماما لنمو الميكوبلازما (أي عندها كل ما تحتاجه يكون في الوسط الذي تنميه فيها)

What did Hutchison and his colleagues find in this experiment?

Their analysis suggests that 382 of the 482 protein-coding genes of *M. genitalium* are essential under laboratory growth conditions, including 110 genes of unknown function.

(2006, pp. 425, 429)

ملحوظة اكرر من 382 جين أساسيين منهم 110 لم يعرفوا وظيفتهم ولكن أي لخبطة في أي منهم قاتل للخلية. هذا أيضا وضح ان ادعاء ان هناك دي ان ايه نفايات هو ادعاء خطأ فما كانوا يدعوا انه نفايات هو فقط لم يكونوا يعرفوا وظيفته. فكل كود وجين له وظيفة سواء أساسي او غير أساسي ولكن له وظيفة. وهذا أيضا يشهد على التصميم

أيضا قالوا

ان وجود هذا الكم من جينات لا نعرف وظيفتها في ابسط كائن يوضح لنا ان الميكانيزم الذي خلف حياة الخلية لا نعرفه حتى الان

What did Hutchison and his colleagues find in this experiment?

“The presence of so many genes of unknown function among the essential genes of the simplest known cell suggests that all the basic molecular mechanisms underlying cellular life may not yet have been described.”
(1999, p. 2168)

أي لا يعرفوا لماذا الخلية حية او ما هي طاقة الحياة. بمعنى لو عندك كل مكونات الميكوبلازما لن تحصل على خلية حية الا لو كانت حية من الأساس اي حتى الخلايا التي ماتت لو ارجعت اليها الجين الذي فقد

فماتت فلن تصبح حية. أي هذا كشف ان هناك قوة حياة وليس مجموعة جينات فيصبح كائن حي. فكيف بدأت الحياة بدون الحي الذي يهب قوة الحياة؟ لان عندنا جينات وكل مكونات الخلية ولكن لا نستطيع ان نحولها من غير حية الى حية؟

أيضا في سنة 2011 دراسة مشابهة على كولوباكتيريا للمياه العذبة وإزالة بعض الجينات وهو أيضا من الكائنات الأولية البسيطة جدا. وجدوا ان هناك 1012 جين أساسي بما فيهم 130 لا ينتج بروتين و402 تنظيمي

Molecular Systems Biology 7, Article number 528, doi:10.1038/msb.2011.58
Citation: Molecular Systems Biology 7,528
© 2011 (M)O and Wolters Kluwer Publishers Limited. All rights reserved 1744-4292/11
www.molecular-systems-biology.com

The essential genome of a bacterium

Beat Christen^{1,5}, Eduardo Abeluk^{1,2,5}, John M Collier³, Virginia S Katogeraki¹, Ben Passarelli^{2,4}, John A Collier³, Michael J Ferro¹, Harley H McAdams¹ and Lucy Shapiro^{1,4*}

¹ Department of Developmental Biology, Stanford University, Stanford, CA, USA, ² Department of Electrical Engineering, Stanford University, Stanford, CA, USA, ³ Functional Genomics Facility, Stanford University, Stanford, CA, USA and ⁴ Stem Cell Institute Genome Center, Stanford University, Stanford, CA, USA.
⁵ These authors contributed equally to this work.
* Corresponding author: Department of Developmental Biology, Stanford University, 8000 Beckman Center, Stanford, CA 94305, USA. Tel: + 1 650 725 7678; Fax: + 1 650 725 7729; E-mail: shapiro@stanford.edu

Received 1.6.11; accepted 13.7.11

“*Caulobacter crescentus* is a model organism for the integrated circuitry that runs a bacterial cell. Full discovery of its essential genome, including non-coding, regulatory and coding elements, is a prerequisite for understanding the complete regulatory network of a bacterial cell...[W]e determined...1012 essential genome features: 480 ORFs, 402 regulatory sequences and 130 non-coding elements, *including 90 segments of unknown function.*”

(2011, 528, emphasis added)

فقالته دكتورة لوسي شابيرو من جامعة ستانفورد التي أشرفت على البحث

ان مفاجئات كثيرة في التحليل منها 90 مقطع أساسي في الذي ان ايه لا نعرف ماذا يفعل

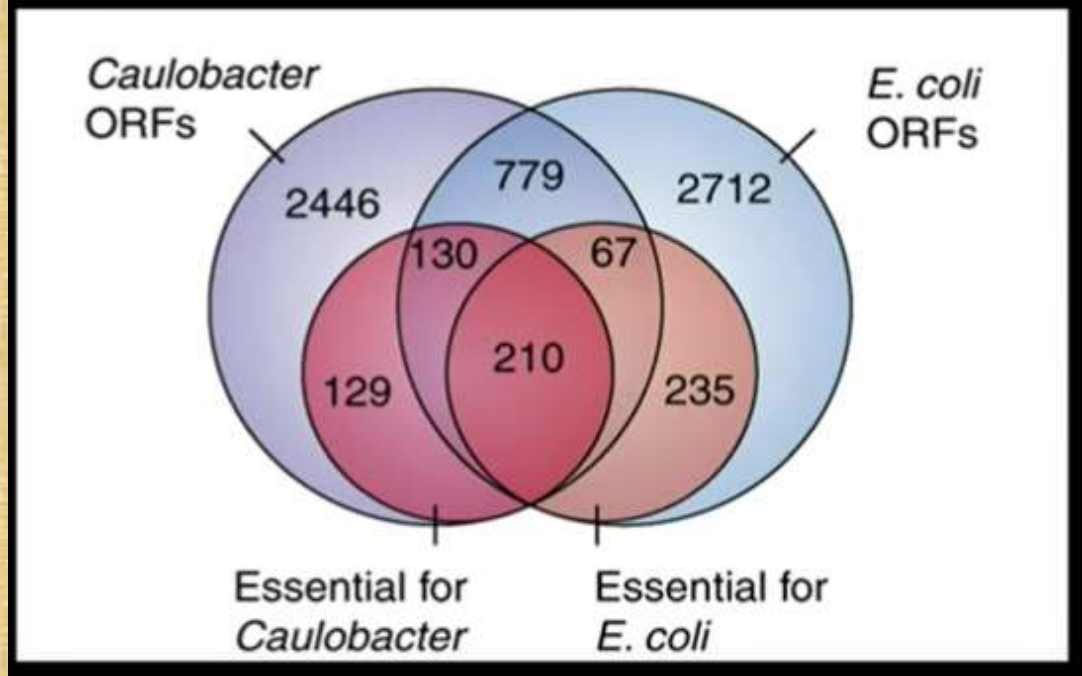


Lucy Shapiro,
Stanford University

"There were many surprises in the analysis of the essential regions of *Caulobacter's* genome... For instance, we found 90 essential DNA segments where we have no idea what they do. These may provide clues to lead us to new and completely unknown bacterial functions."

Science Daily, 30 August 2011

ما هو أكثر من هذا ويؤكد التصميم والخلق بطريقة قاطعة وليس التطور وهو ان أقرب أقرباء الكولوباكتر هو الايشيريشيا كولاي والتي بناء على التطور يفترضوا أحدهم تطور من الاخر او الاثنين من جد مشترك وقريبين جدا ولكن وجدوا هناك جينات أساسية كثيرة في كل منهم لا توجد في الاخر اي الكثير جدا منهم جينات يتيمة أي المميزة للكولوباكتيريا تختلف عن المميزة للايشيريشيا كولاي المفترض انها قريبتها من نفس الجد مما يؤكد التصميم



الايشيريشيا كولاي 4133 منهم 512 أساسي

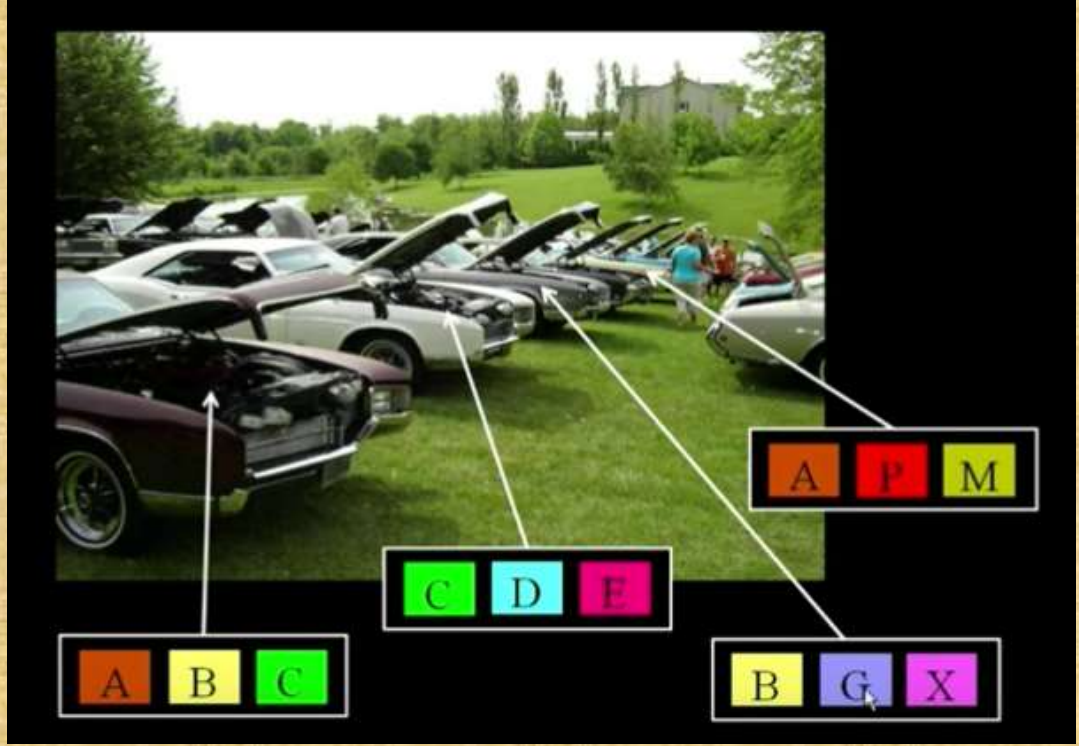
الكولوباكتر 3761 منهم 536 أساسي

المشترك في الأساسي ما بين 512 و 536 هم فقط 210. كيف؟ و 67 جين أساسي في الكولاي هو غير أساسي في الباكتر و 130 أساسي في الباكتر هم غير أساسي في الكولاي و 235 أساسي للكولاي لوجودها لا يوجد أي شيء يشبهه في الباكتر و 129 أساسي في الباكتر لا يوجد أي ما يشبهه في الكولاي هذه ينفي التطور ويدمره تماما لان كيف نجوا وهم من جد مشترك مع ان هناك في أحدهما 235 والثاني 129 جين يتيم أساسي مصمم بدقة ليس لهم أصل ولا بد ان يكونوا من لحظة وجودهم (أي خلقهم) مصممين؟

هذا لو وجدته في أي شيء سيؤكد التصميم

أيضا في الانسان يوجد به 1177 جين معبر يتيم لا يتشابه مع أي كائن اخر يؤكد التصميم

مثل السيارات فقد تجد قطعة في سيارة تشبه وتصلح لسيارة أخرى ولكن ستجد قطع أخرى لا تشبه أي سيارة أخرى ولا تعمل بدونها وهذا يؤكد تصميمها



فلهذا ادعاء ان مواد غير عضوية في ظروف معينة لا نعرفها (خيالية وغير علمية) كونت RNA وهذا له القدرة ان ينقسم ذاتيا وهذه بدأت تتكون حوله أعضاء وغلاف فأصبح خلية حية تنقسم ذاتيا هذا خرافة فقط والعلم الحقيقي ضده وشهد بالفعل على التصميم.

“Bottom-up” origin of life scenario



self-replicating RNA molecules within a cell membrane



self-replicating RNA molecule



non-living chemicals

فهذا الرسم الذي يصف التطور من عالم RNA هذا خرافة وليس علم والعلم يثبت التصميم

لأنه ليثبت هذا يجب ان في تجارب الاختزال كنت تستطيع ان تصل الى RNA يستطيع ان ينقسم ذاتيا

وهذا اثبت العلم بالتجربة خطأه واثبت بوضوح التعقيد الذي لا يمكن اختزاله

Do “bottom-up” processes, and “top-down”
functional requirements, intersect?

minimal complexity analysis



No: *a vast complexity gulf
separates the two regions.*



the interaction of non-living chemicals

فالتجارب نفت هذا ووضحت أكثر الجينات اليتيمة او بمعنى اخر مصممة لكل كائن حتى ابسط كائن لما يميزه من تصميم. وأيضا الجينات الأساسية تؤكد ان الحياة لم تبدأ من مركب وتطور وهذا اعترف به كثير من العلماء كما قدم في الأجزاء السابقة واضيف مثال اخر من كثير

Hypothesis

Open Access

The cosmological model of eternal inflation and the transition from chance to biological evolution in the history of life

Eugene V Koonin*



Eugene Koonin,
NCBI / NIH

“Hence the first paradox...to obtain the minimal complexity required of a biological system to start on the path of biological evolution, a system of a far greater complexity, i.e., a highly evolved one, appears to be required. How such a system could evolve, is a puzzle that defeats conventional evolutionary thinking.”

فالعالم تأكد أنه لم يوجد على الاطلاق RNA لوحده في الطبيعة بدون خلية قادر على الانقسام ذاتيا ولكن

وجد الجينات الأساسية في كل كائن التي لا يمكن اختزالها والتي تشهد على الصميم والخلق

فأكرر من يصر على ان يؤمن بالتطور ويرفض الخلق فليؤمن بما يشاء ولكن لا يقول انه يؤمن بهذا

بسبب العلم لان العلم الحقيقي الملاحظ المختبر ضده ويشهد على التصميم والخلق ووجود إله خالق.

والمجد لله دائما