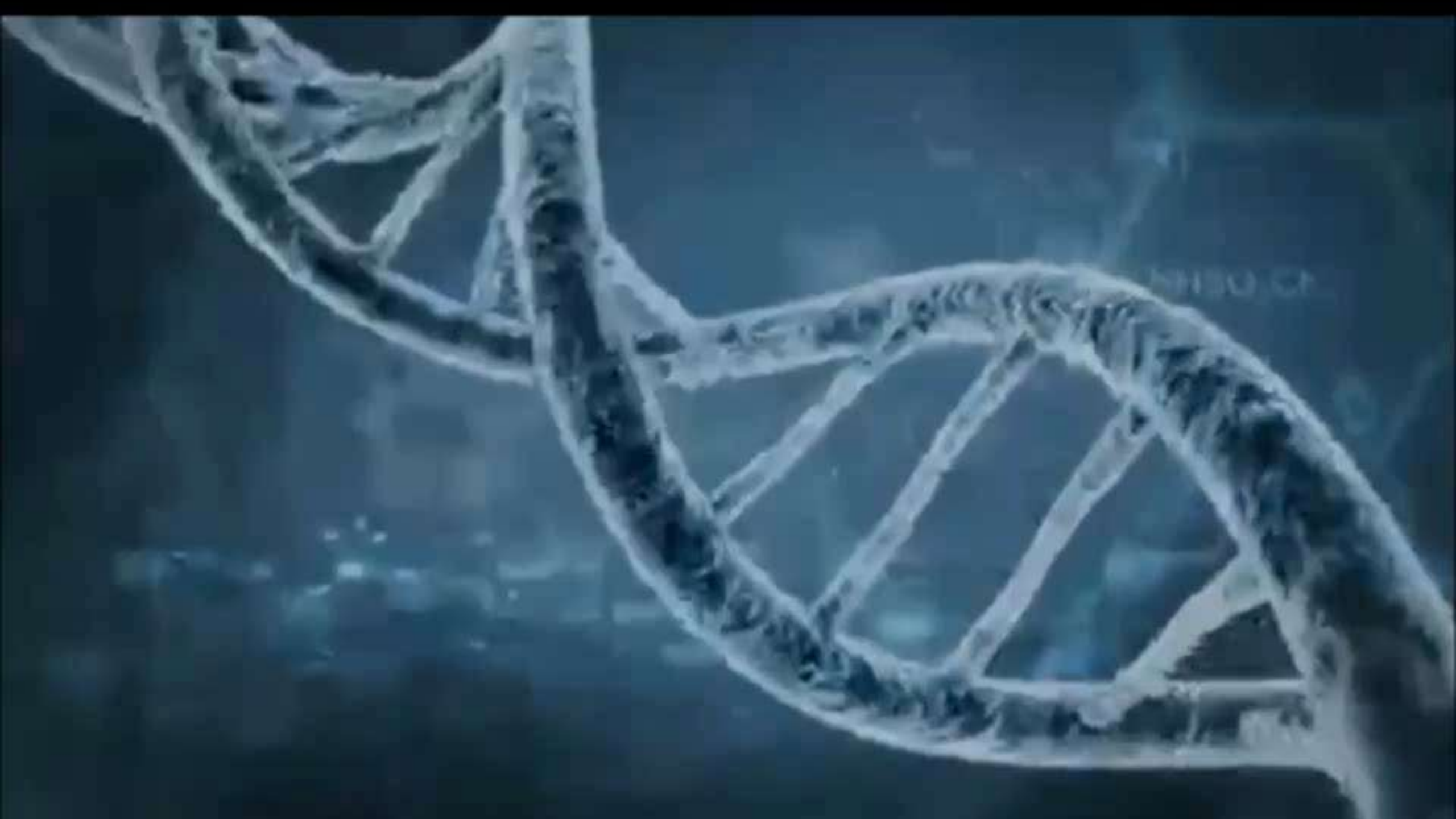


خرافة التطور

بين

معدل تدهور الجينات البشرية

وقصر عمر الإنسان..

متوسط عدد الأكواد

3.054 بليون زوج،

أو 3.1 بليون زوج كود

في خلايا الجسم البشري.

وضحت الدراسات أن ما نحن فيه حالياً
من متوسط معدل أخطاء الأكواد
وما أصابنا من أمراض وراثية:
هو نتيجة تجمع متوسط 200 جيل.
ولن ينجو أكثر من 300 جيل.

National Academy of Sciences

هذه دراسة جيمس كرو بتدعيم من ودراسة لنش وجابريل

Proc. Natl. Acad. Sci. USA
Vol. 94, pp. 8380–8386, August 1997

Review

The high spontaneous mutation rate: Is it a health risk?*

James F. Crow
Genetics Laboratory, University of Wisconsin, Madison, WI 53706

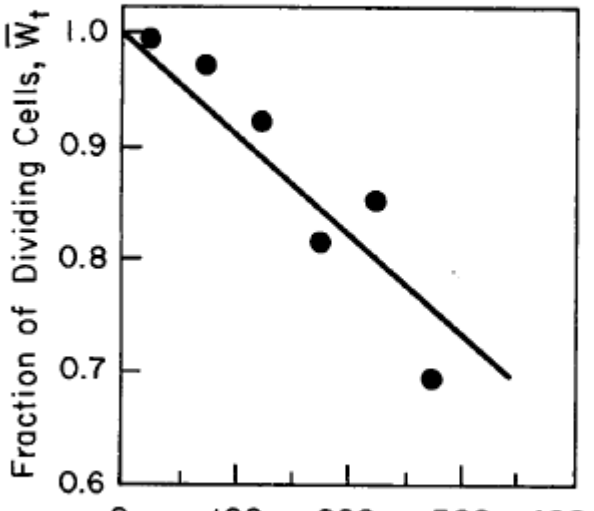
ABSTRACT The human mutation rate for base substitutions is much higher in males than in females and increases with paternal age. This effect is mainly, if not entirely, due to the large number of cell divisions in the male germ line. The mutation-rate increase is considerably greater than expected if the mutation rate were simply proportional to the number of cell divisions. In contrast, those mutations that are small deletions or rearrangements do not show the paternal age effect. The observed increase with the age of the father in the incidence of children with different dominant mutations is variable, presumably the result of different mixtures of base substitutions and deletions. In *Drosophila*, the rate of mutations causing minor deleterious effects is estimated to be about one new mutation per zygote. Because of a larger number of genes and a much larger amount of DNA, the human rate is presumably higher. Recently, the *Drosophila* data have been reanalyzed and the mutation-rate estimate questioned, but I believe that the totality of evidence supports the original conclusion. The most reasonable way in which a species can cope with a high mutation rate is by quasi-truncation selection, whereby a number of mutant genes are eliminated by one "genetic death."

surely have extended his crusade to environmental chemicals. Curiously, although Muller emphasized the high rate of spontaneous mutation, he did not include it in his crusade, mainly, I think, because he saw no feasible way to reduce it (3).

The Nature of Mutations

It is convenient to divide mutations into three main groups: (*i*) gain or loss of one or more chromosomes; (*ii*) rearrangement, gain, or loss of parts of chromosomes as a result of chromosome breakage; (*iii*) changes in individual genes or small regions of DNA. The first two are customarily called chromosome mutations, the third, gene mutations. Of course the categories overlap, and there are other kinds of changes that I have omitted. My concern today is with the third group, gene mutation. The mutational change can be, and often is, an individual nucleotide substitution. It may also be the gain, loss, or rearrangement of a group of nucleotides within or close to a gene. Classical genetics could not distinguish among these, but molecular techniques can, and, as I shall show later, the distinction is important.

The most important properties of gene mutations, for the



tion to keep t
Starting at fis
were isolated
each of these
as three subli
with nondivi
members of
sible. With s
will be ineffe
eterious muta
division pote
proximated b
to $\bar{W}_t \simeq 1 - \mu$
load (μs) can
sion of the fr
number of c
straint that th
least-squares

James F. Crow, 1997 study published in Proceedings of the National Academy of Sciences (PNAS) by this graph illustrates the theoretical decline of fitness over generations.

MICHAEL LYNCH, WILFRIED GABRIEL, MUTATION LOAD AND THE SURVIVAL OF SMALL POPULATIONSE, volution, 44(7), 1990, pp. 1725–1737

بناء على دراسة معدل الأخطاء الجينية

التي تنتقل من جيل الي جيل والكم الإجمالي،

مستحيل أن يكون عمر البشر الطبيعيين هو:

250,000 الى 350,000 سنة أو بالملايين.

ولكن فقط في حدود 6000 سنة لأن لو افترضنا متوسط

عمر الجيل 30 الى 35 سنة فيكون 200 جيلاً فقط

وهي الأجيال التي حسبها العلماء في معدل التغيرات،

والتي تعطي زمناً قدره حوالي 6000 -7000 سنة.

ولو أخذنا بأقل عمر تطوري افترضه التطوريون:

هوموسيبيان 250000 سنة.

فالمفروض يكون قد عبر على الانسان بمتوسط 8500 جيلاً، أي أن الإنسان قد فَنِيَ عدة مرات،

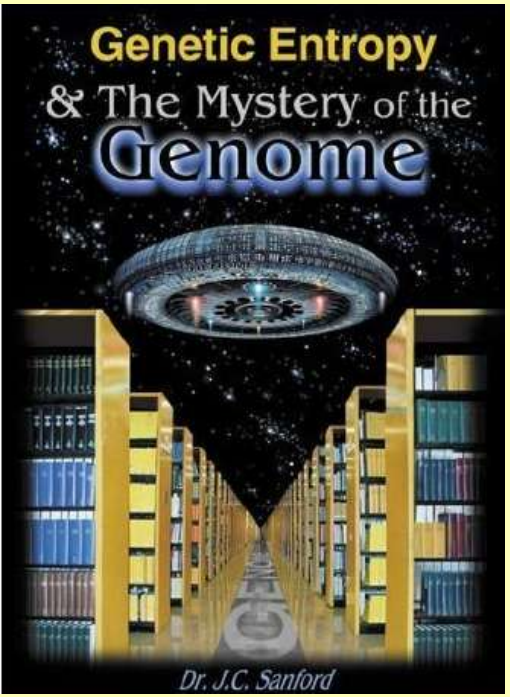
وذلك بسبب عدد الأجيال والأزمنة التي قيل أن الإنسان

يجب أن يكون قد عاشها.

إذاً الأبحاث العلمية أثبتت بوضوح من معدل تدهور جينات الإنسان أنه لم يتطور ولا يتطور

بل يتدهور وبمعدل يؤكد أنه صمم من تقريبا 200 جيلاً فقط.

أى تقريبا 6000 -7000 سنة.



العَالِم الشهير البروفيسور

جوناثان سانفورد Jonathan Sanford

الذي اخترع أسلوب تسليم أكواد الذي يعرف باسم

"gene gun" "المسدس الجيني"

والذي نشر أكثر من 100 بحثاً جينياً

في المجلات العلمية الشهيرة.

وهو الذي تكلم عن هذا الموضوع

في كتابه تدهور الجينات فيقول:

التدهور في الجينوم البشري بسبب تضاعف البسيط الي الطفرات الضارة من جيل الي جيل هذا يتفق مع ان أصل الانسان هو منذ بضعة الاف من السنين

Sanford, J., Genetic entropy and the mystery of the genome, Ivan Press, 2005;

أن الجينوم البشري
عمره صغير بمعدل
آلاف من السنين فقط
من معدل التهور من 200 جيل.

Sanford, J., Baumgardner, J., Brewer, W., Gibson, P. and Remine, W., Mendel's Accountant: A biologically realistic forward-time population genetics program, SCPE 8(2):147–165, 2007.

الدراسة للعالم لنش التي نشرت في سنة 2010م بتدعيم من ناشونال أكاديمي،

تؤكد أن الإنسان يتدهور جينيا بمعدل 3-4% في الجيل.

ولكن ما يؤثر من هذه النسبة على قدرة الانسان هي:

(أقل من هذا فما بين 0.1 – 1.5% ومتوسط 1% تقريبا).

intervention. Given the relatively high human mutation rate and the fact that a relaxation of natural selection typically leads to 0.1% to 1.5% decline in fitness per generation in

will almost certainly sum to several additional events per gamete (9), so it is likely that an average newborn acquires a total of 50 to 100 new mutations at the diploid level, a small

fitness effects averaging approximately 4% or less according to these results. Thus, with a complete relaxation of natural selection, the expected decline in fitness associated with mutations in coding DNA alone appears to be on the order of 1% to 3% per generation.

Michael lynch, Rate, molecular spectrum, and consequences of human mutation, Proceedings of the National Academy of Sciences 107(3):961–968, 2010.

فالإنسان يتدهور جينياً وهذا ضد التطور أصلاً. بل من وقت قصير.

مجلة Science عام 2010م

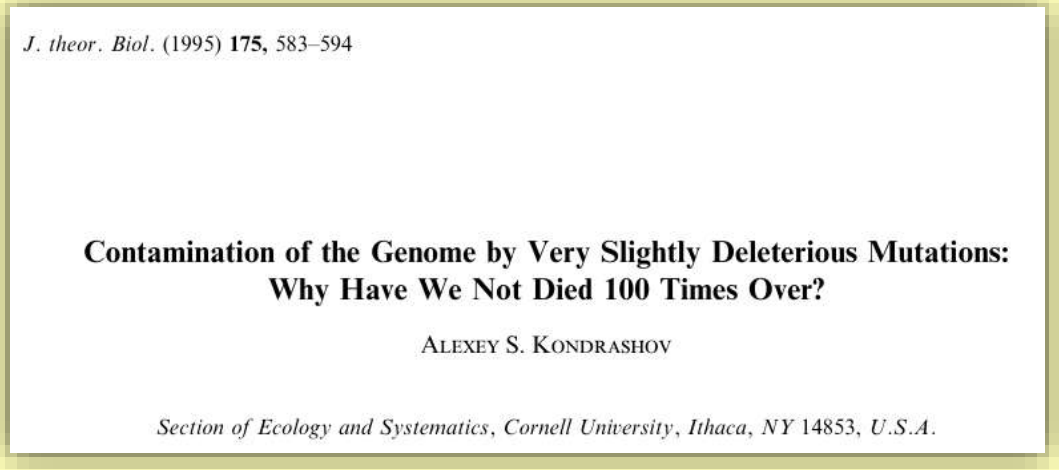
إجراء قياس مباشر لمعدل الطفرة من خلال مقارنة تسلسل الجينوم الكامل لنسلين وآبائهم. وأعطت نفس النتائج:

وجدوا أن كل نسل لديه بمتوسط 70 طفرة جديدة فقط بمعدل طفرة إجمالي يبلغ حوالي 1.1 × 10^−8 لكل موقع لكل جيل

curacy), and identify very rare single-nucleotide polymorphisms. We also directly estimated a human intergeneration mutation rate of ~1.1×10^{-8} per position per haploid genome. Both offspring in this family have two recessive disorders: Miller syn-

Roach JC, Glusman G, Smit AF, Huff CD, Hubley R, Shannon PT, et al. (April 2010). "Analysis of genetic inheritance in a family quartet by whole-genome sequencing". Science. 328 (5978): 636–639.

التلوث في الجينوم بمعدل تدهور بطيء من الطفرات فلماذا لم نموت 100 مرة عبر الزمان؟

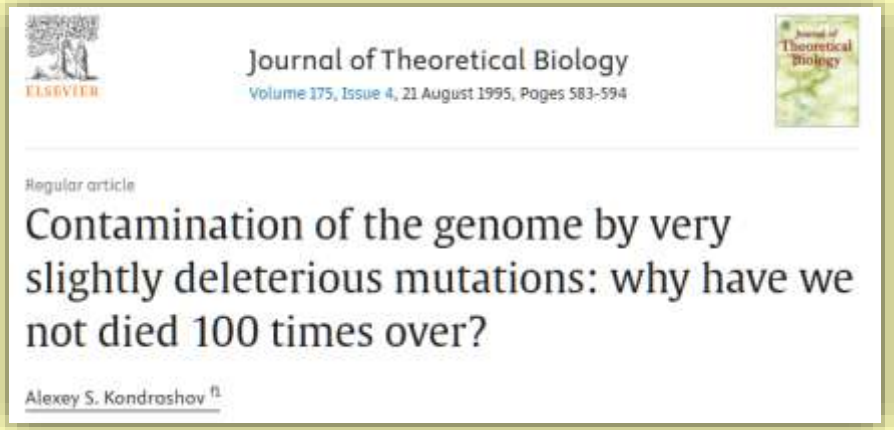


J. theor. Biol. (1995) **175,** 583–594

Contamination of the Genome by Very Slightly Deleterious Mutations: Why Have We Not Died 100 Times Over?

ALEXEY S. KONDRASHOV

Section of Ecology and Systematics, Cornell University, Ithaca, NY 14853, *U.S.A.*



Journal of Theoretical Biology

Volume 175, Issue 4, 21 August 1995, Pages 583-594

Regular article

Contamination of the genome by very slightly deleterious mutations: why have we not died 100 times over?

Alexey S. Kondrashov

Kondrashov, A., Contamination of the genome by very slightly deleterious mutations: why have we not died 100 times over? Journal of Theoretical Biology 175(4):583–594.

درس أيضا العلماء هذه الحقيقة في سنة 2013م من زاوية أخرى،
فركزوا فيها على مناطق تعبيرية محددة لتكوين بروتين:
single-nucleotide variation in the protein-coding regions.
ووجدوا أيضا أن بها معدل تدهور جيني يطابق السابق،
فأضافوا فرضية وهي تأثير الانتخاب الطبيعي،
فأطالوه للضعف إلى ما بين 200-400 جيل.

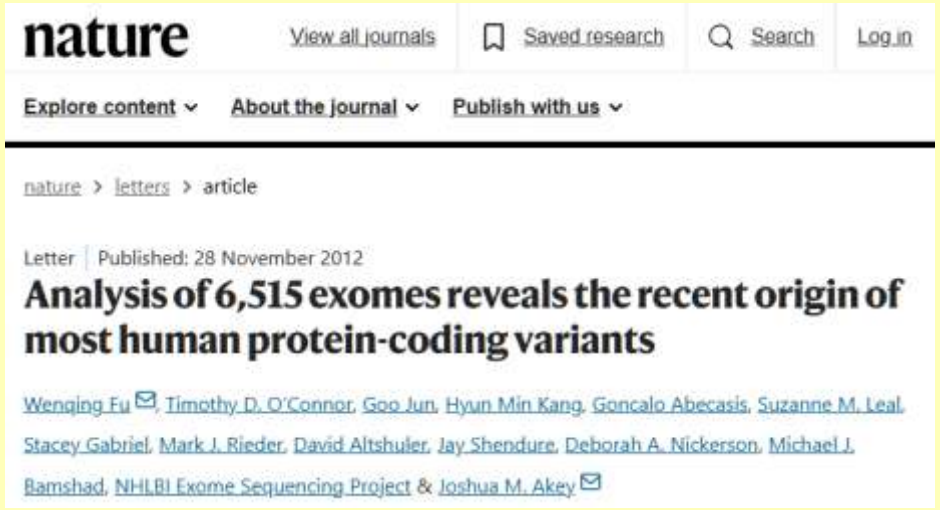
In summary, the spectrum of protein-coding variation is considerably different today compared to what existed even as recently as 200 – 400 generations ago. 86.4% of

Fu, W. et al. 2013. Analysis of 6,515 exomes reveals the recent origin of most human protein-coding variants. Nature. 493 (7431): 216-220.

مجلة نيتشر تحليل لمقدار 6515 اكسوم أشخاص في

most human protein-coding variants.

ووجدوا أيضا أن بها أغلب الطفرات تؤكد أنه بدأ من 10,000-5,000 سنة مضت.



nature View all journals Saved research Search Log in

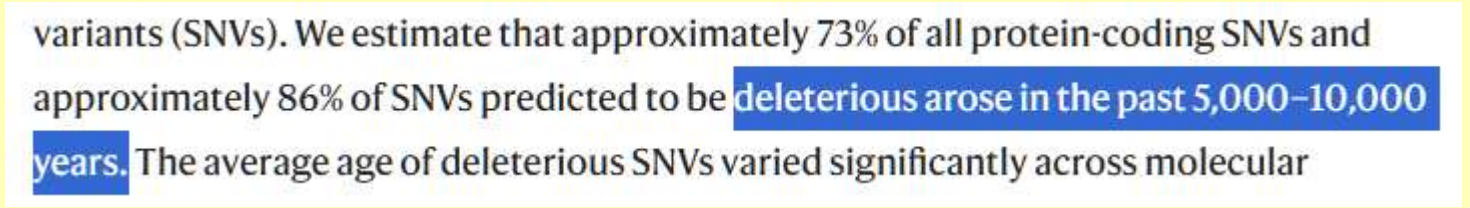
Explore content About the journal Publish with us

nature > letters > article

Letter | Published: 28 November 2012

Analysis of 6,515 exomes reveals the recent origin of most human protein-coding variants

Wenqing Fu, Timothy D. O'Connor, Goo Jun, Hyun Min Kang, Goncalo Abecasis, Suzanne M. Leal, Stacey Gabriel, Mark J. Rieder, David Altshuler, Jay Shendure, Deborah A. Nickerson, Michael J. Bamshad, NHLBI Exome Sequencing Project & Joshua M. Akey



variants (SNVs). We estimate that approximately 73% of all protein-coding SNVs and approximately 86% of SNVs predicted to be deleterious arose in the past 5,000–10,000 years. The average age of deleterious SNVs varied significantly across molecular

Wenqing Fu, Timothy D. O'Connor, Goo Jun, Hyun Min Kang, Goncalo Abecasis, Suzanne M. Leal, Stacey Gabriel, Mark J. Rieder, David Altshuler, Jay Shendure, Deborah A. Nickerson, Michael J. Bamshad, NHLBI Exome Sequencing Project & Joshua M. Akey, Analysis of 6,515 exomes reveals the recent origin of most human protein-coding variants Nature, 28 November 2012.

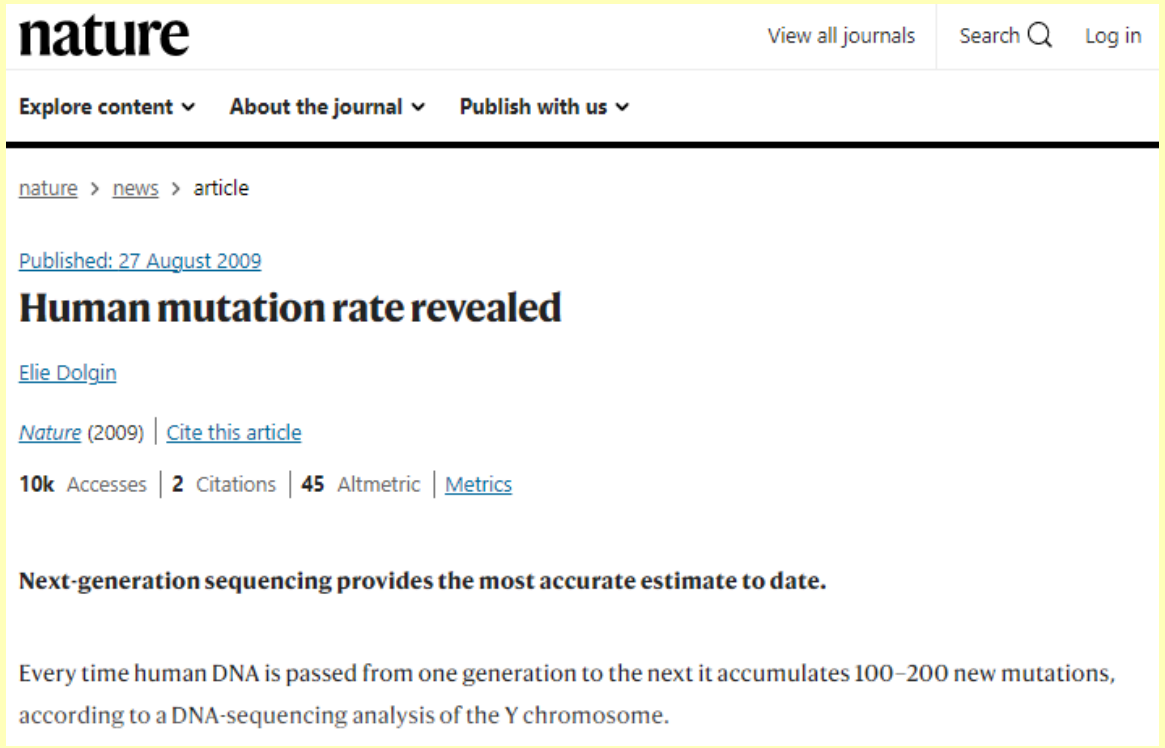
وأيضا علماء مسيحيين متخصصين درسوا وأكدوا نفس الامر موضحين ان نتائج هذه الدراسات تطابق الاعمار الكتابية.

Tomkins, J. Genetics Research Confirms Biblical Timeline. Creation News Update. Posted on icr.org January 9, 2013, accessed July 25, 2014.

وهذا يشير فعلا وبهذا المعدل الذي تم قياسه، لِقصر عمر جينوم الإنسان.

في إحصاء أخر اتضح أن الإنسان يترك ما بين 100 الى 200 خطأ في الجيل.
وهذا المقياس نشر في مجلة "Nature نيتشر" نفسها بعنوان:

الكشف عن معدل طفرات الإنسان



nature

View all journals Search Log in

Explore content About the journal Publish with us

nature › news › article

Published: 27 August 2009

Human mutation rate revealed

Elie Dolgin

Nature (2009) | Cite this article

10k Accesses | **2** Citations | **45** Altmetric | Metrics

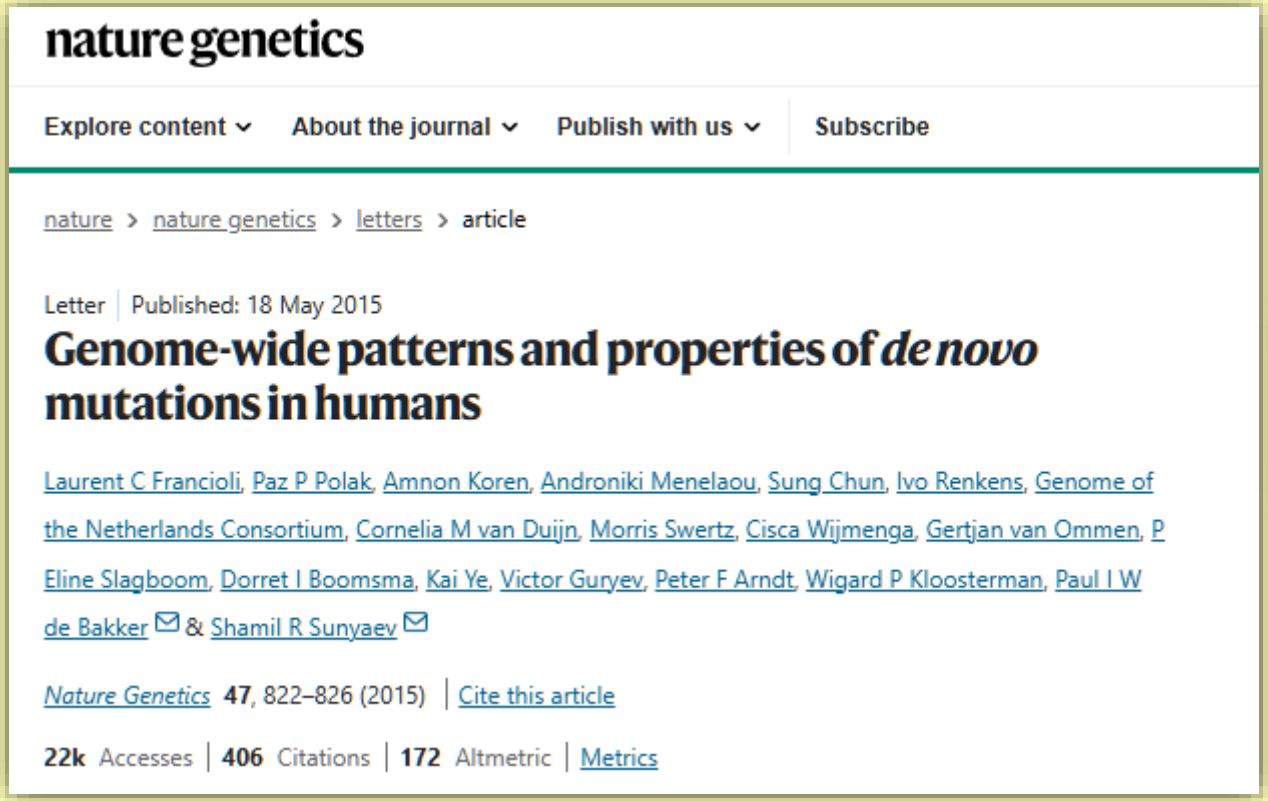
Next-generation sequencing provides the most accurate estimate to date.

Every time human DNA is passed from one generation to the next it accumulates 100–200 new mutations, according to a DNA-sequencing analysis of the Y chromosome.

ففي كل مرة يعبر فيها
"DNA دي إن اي" الإنسان
من جيل الى التالي فانه
يترك ما بين 100–200
طفرة جديدة

https://www.nature.com/news/2009/090827/full/news.2009.864.html

ودراسة أخرى أحدث، نُشِرت في مجلة نيتشر أيضًا، ونتيجتها:
أن المعدل الذي تم قياسه للطفرات في أربع أجيال، كان أعلى من المتوقع: أي 98–206 في الجيل



nature genetics

Explore content ⌄ About the journal ⌄ Publish with us ⌄ Subscribe

nature › nature genetics › letters › article

Letter | Published: 18 May 2015

Genome-wide patterns and properties of *de novo* mutations in humans

Laurent C Francioli, Paz P Polak, Amnon Koren, Androniki Menelaou, Sung Chun, Ivo Renkens, Genome of the Netherlands Consortium, Cornelia M van Duijn, Morris Swertz, Cisca Wijmenga, Gertjan van Ommen, P Eline Slagboom, Dorret I Boomsma, Kai Ye, Victor Guryev, Peter F Arndt, Wigard P Kloosterman, Paul I W de Bakker ✉ & Shamil R Sunyaev ✉

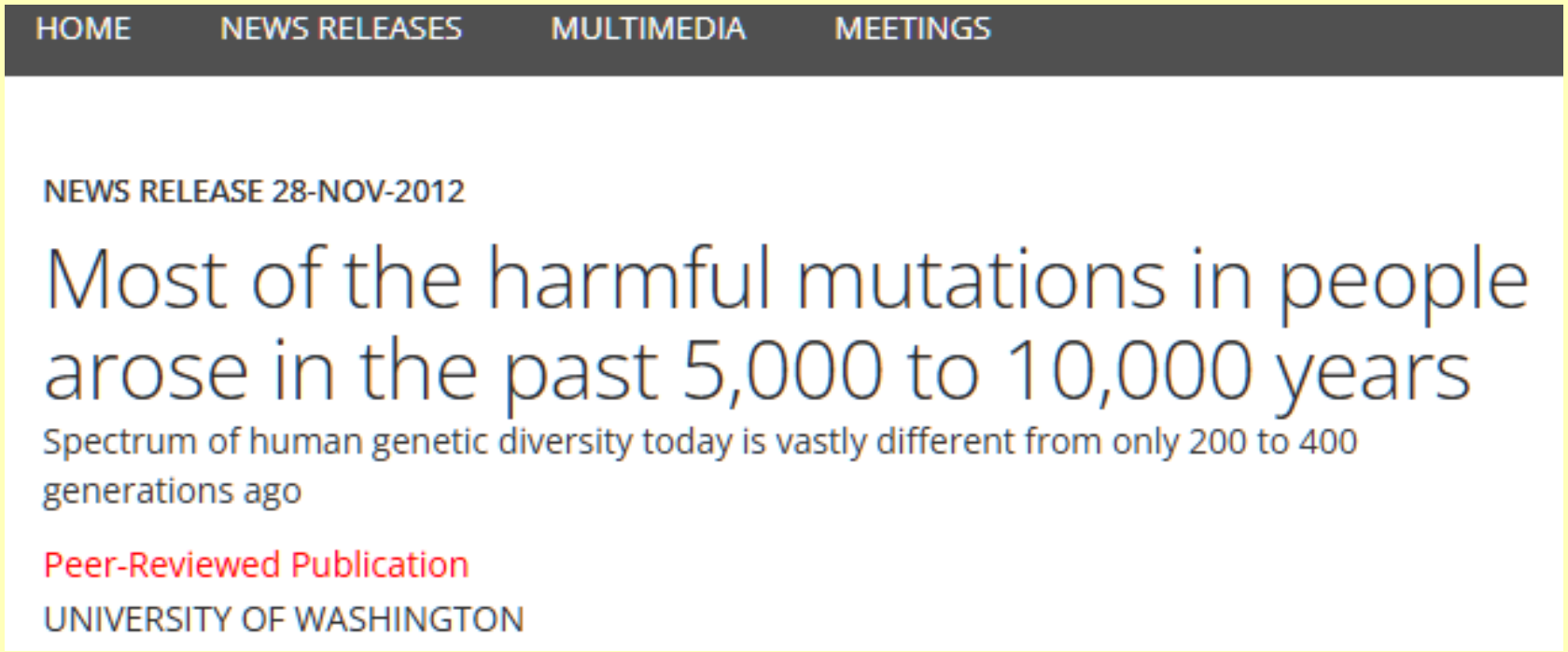
Nature Genetics **47**, 822–826 (2015) | Cite this article

22k Accesses | **406** Citations | **172** Altmetric | Metrics

Here we analyze 11,020 *de novo* mutations from the whole genomes of 250 families. We show that *de novo* mutations in the offspring of older fathers are not only more numerous[11,12,13] but also occur more frequently in early-replicating, genic regions. Functional regions exhibit

https://www.nature.com/articles/ng.3292?utm_source=chatgpt.com

وفي دراسة أخرى أجريت في جامعة واشنطن وضحت أن الطفرات المضرة بدأت في الإنسان من ما بين 5000 إلى 10,000 سنة فقط. وعبر عليه من 200 إلى 400 جيل فقط.


HOME NEWS RELEASES MULTIMEDIA MEETINGS

NEWS RELEASE 28-NOV-2012

Most of the harmful mutations in people arose in the past 5,000 to 10,000 years

Spectrum of human genetic diversity today is vastly different from only 200 to 400 generations ago

Peer-Reviewed Publication

UNIVERSITY OF WASHINGTON

"If our genome was 80 percent functional – the figure batted around when the ENCODE project results first came out – then **we should be extinct."**

http://phenomena.nationalgeographic.com/2014/05/09/the-case-for-junk-dna/

أننا بدأنا بتصميم رائع ليس فيه أي خطأ (وليس تطور من قرد) وبدانا في التدهور وليس التطور.

ويعتبر هذا الإنجاز العلمي:

أولاً: دليل علمياً قاطعاً بخطأ التطور.

ثانياً: دليلاً علمياً تم قياسه وأثبت أن عمر الانسان 6000 الى 7000 سنة أي بمتوسط 200 جيلاً وأقل من 300 جيلاً.

أول محاولة للرد: أن أغلب الطفرات كانت في جينات النفايات.

وهذه ثبت فشلها بمشروع ENCODE

ادعوا أن معظم طفرات الانسان حدثت فقط في آخر 200 جيل

ما معناه: أن الإنسان استمر 8300 جيلاً، وهو معصوم من الخطأ الجيني، وفجأة من 200 جيل بدأت الأخطاء والتدهور. وهذا ليس رد علمي ليقبله عقل؟

هذا يوضح أن الزمن من آدم وحتى الآن من 6000 الى 7000 سنة فقط،
أي تقريبا 200 جيل (6000 /30=200) وهذا تأكدوا منه بطريقة مقاسة جينياً
ولهذا يفترضون تزايد الإنسان منذ 6000 سنة وهذه مقارنة

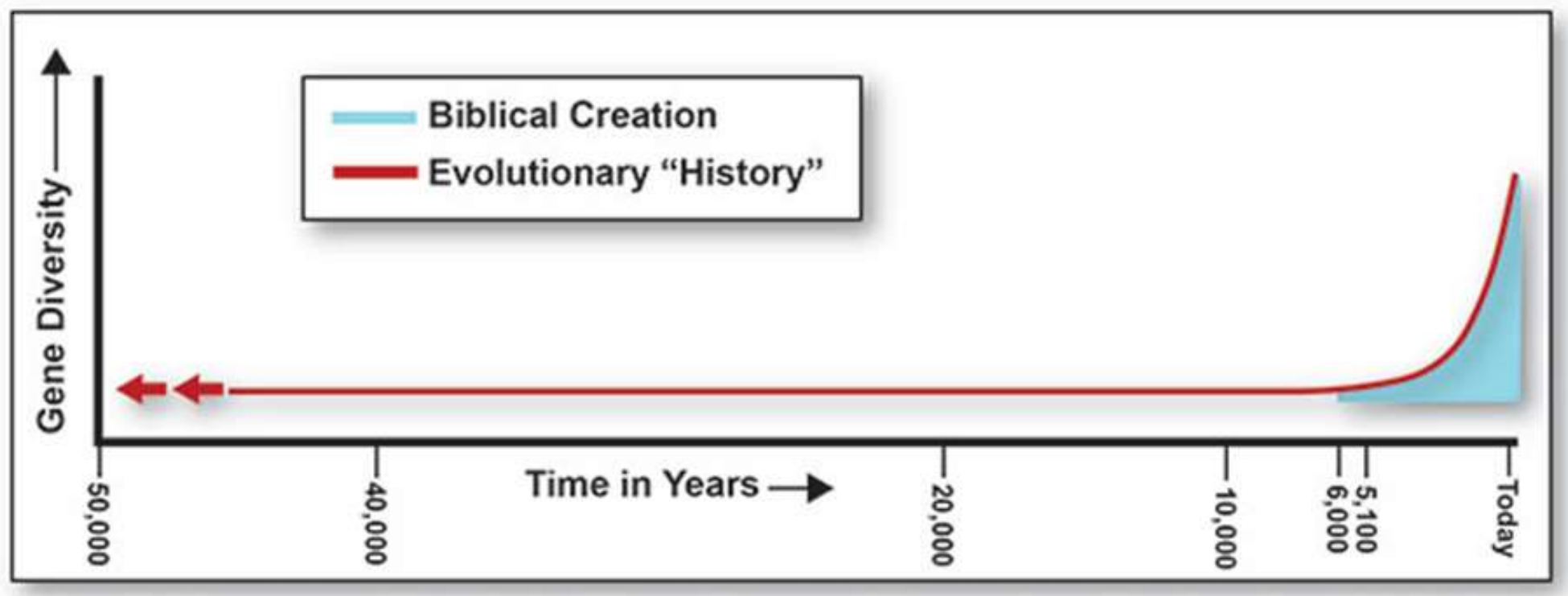


Figure 1. Human genetic population data confirm recent human diversification, shown in blue. The same data confront human evolution's imagined history, shown in red.