

A probabilidade da macroevolução

Descrição: Depois de enormes avanços e realizações durante o terceiro milênio no ramo da genética, estamos agora em melhor posição para avaliar as chances de a macroevolução da teoria da evolução ter ocorrido durante a história do universo.

Por Ibrahim Abuharb (© 2016 I. A. Abuharb)

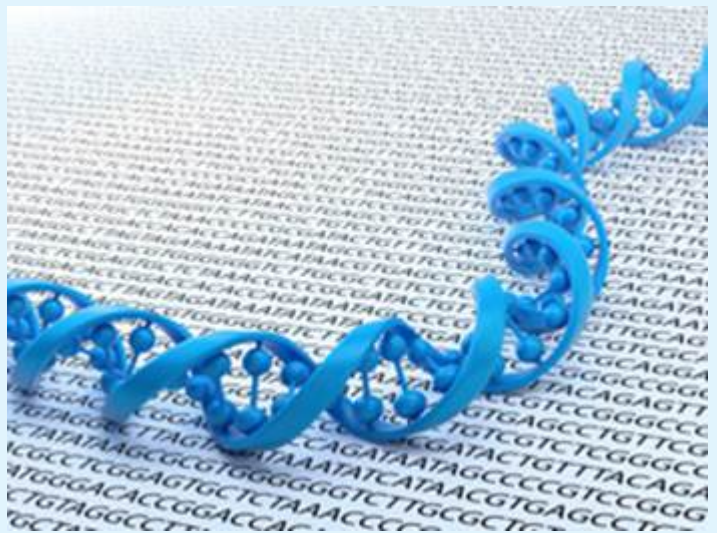
Publicado em 14 Mar 2016 - Última modificação em 01 Jun 2020

Categoria:[Artigos](#) > [Evidência de que o Islã é a Verdade](#) > [A Existência de Deus](#)

Categoria:[Artigos](#) > [Evidência de que o Islã é a Verdade](#) > [Provas Lógicas](#)

Introdução

A ciência realizou progressos e realizações enormes na genética desde a virada do século 21.



Os cientistas sequenciaram e mapearam os genomas completos de mais de 2.800 organismos/espécies, inclusive humanos, e a contagem continua.[1]

A macroevolução da evolução da teoria nos conta que os humanos, assim como outras formas de vida multicelulares, evoluíram de organismos unicelulares primitivos do reino dos procariontes ou até mais primitivos.[2] Os procariontes são organismos unicelulares que não têm núcleo real, já que seu genoma não está contido em uma membrana e nem se distingue do resto da célula. São as primeiras e mais primitivas formas de vida encontradas na terra.[3] Há alguma chance dessa evolução ter ocorrido a partir de uma célula simples e única até chegar a um ser humano durante a idade do universo?

O genoma humano[4] contém aproximadamente 3 bilhões de pares de base (A, C, T e G).[5] Aproximadamente 34 milhões de pares de base de nucleotídeos do genoma humano codificam a produção de proteínas que são vitais para todos os processos de vida.[6] Esses 34 milhões de nucleotídeos são chamados de genes. As proteínas são feitas de aminoácidos. Cada aminoácido é codificado por um códon e cada códon é composto de 3 nucleotídeos.

Você pode pensar nos nucleotídeos como alfabetos formados por conjuntos de 4 letras e códons como palavras de 3 letras.

A sequência desses nucleotídeos dentro dos genes é o que define as características e funções de um organismo vivo e sua natureza, se será uma bactéria, uma planta, uma mosca, um peixe ou um humano. A sequência dessa codificação nos genes humanos e também outros organismos é tão sofisticada, precisa e bem organizada que é comparável à sequência de alfabetos em um poema de Shakespeare, um romance, uma tese, um programa de computador ou uma enciclopédia de 2 milhões de palavras (ou 2 volumes)..

De acordo com a macroevolução, essa sequência precisa e codificação, passou a existir por meio de mutações aleatórias[7] e seleção natural.

Mutações máximas possíveis durante a idade do universo

Tentaremos descobrir aqui o número máximo de mutações que podem ocorrer durante a idade do universo, com base em suposições que favorecem a evolução.

O número máximo de mutações que um genoma humano pode sofrer durante seu curso de evolução de uma única célula a um humano é 3 bilhões de mutações por geração, uma vez que esse é o maior tamanho que o genoma de mamíferos alcançou. Essa é uma suposição extrema a favor da evolução. Na realidade a taxa de mutação varia de entre aproximadamente 0,03 e 350 mutações por genoma por geração.[8]

O tempo de geração mais curto relatado até hoje é a geração de *Pseudomonas natriegens*, uma bactéria marinha com uma geração de 9,8 minutos.[9] Entretanto, indo mais uma vez ao máximo a favor da evolução, podemos supor que estamos obtendo uma nova geração a cada segundo. Assim, durante a idade do universo,[10] que é de em torno de 15 bilhões de anos^{uu}, o número máximo de gerações que podem ser alcançadas é:

Idade do universo em anos x dias por ano x segundos por dia

$$15 \text{ bilhões} \times 365 \times 86400$$

que se iguala a menos que 10^{18} gerações (1 com 18 zeros).

A última peça de informação necessária para calcular o número máximo de mutações possíveis é a população desses organismos unicelulares. Por isso, assumiremos um número muito grande que não deixa espaço para mais; o número de átomos no universo observável que é em torno de 10^{82} . [12]

Assim, com base em resultados prévios e suposições generosas, o número máximo de mutações que podem ocorrer no universo inteiro e durante sua idade é:

Mutações por geração x gerações durante a idade do universo x população

$$3 \text{ bilhões} \times 10^{18} \times 10^{82}$$

que é menor que **10^{110} mutações** (1 com 110 zeros).

Número de mutações aleatórias requeridas para a evolução em um humano

Os genes do genoma humano consistem de aproximadamente 34 milhões de

nucleotídeos.[13]

O maior genoma em organismos simples e unicelulares, os procariontes, tem em torno de 13 milhões de nucleotídeos.[14]

Assim, há uma diferença de pelo menos 21 milhões de nucleotídeos entre organismos procariontes e humanos. E para uma única célula evoluir em um humano o processo evolucionário precisa mutar - que pode incluir inserção - pelo menos 21 milhões de nucleotídeos com a base correta e na sequência correta.

Em genes, cada aminoácido - o bloco de construção de proteínas que são vitais a todos os processos vivos - é codificado por 3 nucleotídeos, chamado códon. 21 milhões de nucleotídeos significam 7 milhões de códons.

Mutações aleatórias têm um de três efeitos: neutro, deletério (prejudicial) ou benéfico. Somente mutações benéficas podem contribuir para o processo evolucionário.

Em organismos vivos existem 20 aminoácidos diferentes e um códon de parada,[15] assim, o total é 21.[16] Qualquer mutação levará a um desses 20 aminoácidos ou ao códon de parada.[17]

Portanto, cada mutação ocorrendo dentro de genes, a região de codificação do genoma,[18] tem uma chance de aproximadamente 1/21 de não alterar o aminoácido (ou seja, codificação para o mesmo aminoácido) e, assim, sendo uma mutação neutra, e uma chance de aproximadamente 20/21 de alterar o aminoácido.[19] 70% dessas mutações 20/21 são deletérias (prejudiciais).[20]

Entretanto, em nome da evolução, suporemos que todas as mutações que estão alterando aminoácidos são mutações benéficas. Assim, cada mutação tem uma chance de aproximadamente 20/21 de ser benéfica.[21]

Portanto, a probabilidade de 7 milhões de códons mutarem aleatoriamente com mutações benéficas é:

Chance de mutação ser benéfica *elevada à potência de* Número de códons

20/21 elevada à potência de 7 milhões

que é igual a **1 a mais de $10^{100.000}$** (1 com 100.000 zeros).[22]

A seleção natural pode ter aperfeiçoado as chances de mutações em nosso cenário? Nunca, uma vez que a seleção natural basicamente sustenta linhagens com mutações benéficas ou neutras e elimina linhagens com mutações prejudiciais. A seleção natural não previne mutações benéficas de sofrerem mutações novamente. Além disso, em nosso cenário, já supomos que todas as mutações são neutras ou benéficas e excluimos as mutações prejudiciais. Assim, a seleção natural não pode fazer melhor nesse cenário.

Conclusão

Portanto, precisamos que mais de $10^{100.000}$ (1 com 100.000 zeros) mutações aleatórias ocorram para que organismos simples e unicelulares possam evoluir em um humano,

enquanto que podemos obter menos que 10^{110} (1 com 110 zeros) mutações durante a idade do universo, mesmo quando o universo inteiro é um estágio para esse processo evolucionário.

Todos esses cálculos são baseados nos genes humanos - que constituem menos de 2% do genoma - sem levar em consideração a região conhecida como "junk" que consome aproximadamente 98% do genoma humano, que deixa então de ser "junk". O ENCODE Project Consortium conseguiu atribuir funções bioquímicas para 80% do genoma humano e constatou que aproximadamente 20% disso regula os genes. Os resultados do projeto ENCODE de cinco anos foram publicados em 2012 nos jornais Nature, Science, Genome Biology e Genome Research.[23] Os 442 pesquisadores do consórcio ENCODE, situados em 32 institutos ao redor do mundo, usaram 300 anos de tempo de computador e cinco anos no laboratório para obter seus resultados.

Espero que este estudo seja benéfico no esclarecimento desse tópico crucial.

[Comentários, refutações e críticas sobre esse artigo são bem-vindos. Você pode enviá-los para o autor em comments@i-g.org].

Notas de rodapé:

[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] Um genoma é um conjunto completo de DNA ou RNA do organismo, incluindo todos os seus genes. Cada genoma contém toda a informação hereditária necessária para construir e manter aquele organismo.

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

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

[7] Os tipos de mutação incluem: substituição, inserção, deleção, frameshift e também outros tipos (<http://evolution.berkeley.edu/evosite/evo101/IIIC3aTypes.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/> [Tabela 1]
<http://sandwalk.blogspot.com/2007/07/mutation-rates.html>

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

[10] Por que não somente durante a idade da terra? Simplesmente, para eliminar qualquer suposição que códigos de genoma foram passados para a terra do espaço interplanetário.

[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] Existem 64 códons. Em média cada aminoácido e o códon de parada podem ser codificados por um de três códons [ver referências na nota de rodapé # 17].

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

[17] <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK22358/> [Tabela 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] Se a mutação ficar fora dos genes, então, obviamente é neutra para os genes. É digno de nota que para a maioria dos organismos multicelulares com um tamanho de genoma maior que 100 milhões de nucleotídeos, seus genes consomem apenas menos da metade do genoma (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/18384817> and http://www.tcm.phy.cam.ac.uk/~tmf20/PUBLICATIONS/jtb_07.pdf).

[19] Para ser mais preciso, a chance de alterar o aminoácido é entre 20/21 e 20,318/21, mas não pode exceder essa faixa. Não é exatamente 20/21 porque um códon não muta para si mesmo. O limite superior de chance foi obtido pela equação: $(63 - ((64/21) - 1)) / (64 - 1) = 20,318/21$. Em todos os casos o resultado final de probabilidade alcançado nesse estudo é o mesmo.

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

[21] Essa chance de 20/21 de ser benéfica também pode ser aplicada no caso raro de inserir códons completos ou codificação de grande escala. Porque todos os estudos confirmaram que apenas uma porção pequena de mutações aleatórias (em todos os seus tipos) são benéficas, enquanto que a maioria delas são prejudiciais ou neutras. Isso é óbvio já que todas são aleatórias. Assim, dar uma chance de 20/21 de ser benéfica é uma suposição muito generosa(
<http://www.nature.com/scitable/topicpage/genetic-mutation-441>,
<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> e
<http://www.sciencemag.org/site/feature/data/pharmacia/1999/Cascalho.xhtml>).

[22] Para cálculo de dígitos maiores, pode ser necessário uma calculadora especial como essa em http://www.ttmath.org/online_calculator.

[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>

O endereço web deste artigo:

<http://www.islamreligion.com/pt/articles/10330>

Copyright © 2006-2015 www.IslamReligion.com. Todos os direitos reservados.