Le conte selon lequel les virus ont façonné le cerveau et la réponse à l’affirmation que « des résidus de virus ont été trouvés dans l’ADN »

Une étude publiée dans Science Advances en octobre 2026 tentait d’établir un lien entre les cerveaux humain et chimpanzé au moyen d’un récit sur les virus. Il était affirmé qu’une certaine séquence dans l’ADN du chimpanzé était un vestige de virus, puis, partant du fait que cette séquence n’existait pas dans l’ADN humain, il était prétendu que c’était pour cette raison que le cerveau du chimpanzé était resté petit. (1)

Quant aux titres dans les médias, ils constituaient une propagande évolutionniste allant encore plus loin. Tandis que le titre de ScienceAlert disait **“Une petite modification génétique pourrait avoir empêché les chimpanzés de développer des cerveaux comme les nôtres”**, celui de Science News disait : **“Pourquoi le cerveau humain a-t-il surpassé celui des chimpanzés ? Un petit ennemi pourrait contribuer à l’expliquer”** .(2) (3)

Examinons maintenant de près cette étude ainsi que l’affirmation, au cœur du débat, selon laquelle l’ADN contiendrait de prétendus vestiges de l’évolution.

Interprétation évolutionniste : une épidémie virale a différencié les cerveaux du chimpanzé et de l’homme

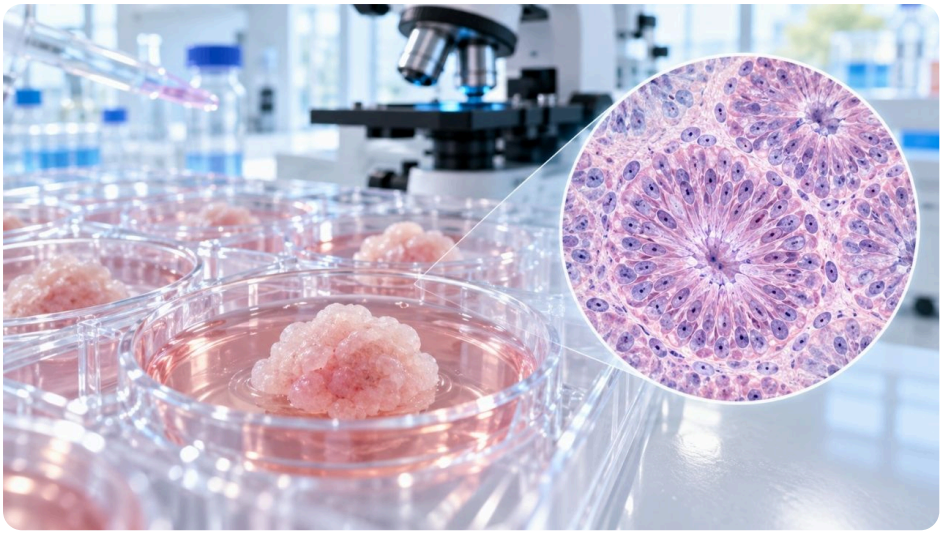
Les chercheurs ont identifié dans le génome du chimpanzé une séquence semblable à celle qui code l’enveloppe des rétrovirus. Cette séquence portait sur elle des marques de méthylation ; sa lecture avait été arrêtée, il s’agissait donc d’une région silencieuse ne codant pas de protéine. Elle a aussitôt été qualifiée d’**“ancienne insertion de rétrovirus”**. Puisque cette séquence ne se trouvait pas dans le génome humain mais dans celui du chimpanzé, elle a été présentée comme la cause de l’immense différence entre les cerveaux du chimpanzé et de l’homme, et il a été avancé qu’**“une épidémie virale a différencié les cerveaux humain et chimpanzé”** .

Tout d’abord, il nous faut immédiatement préciser que l’immense différence de volume et l’architecture morphologique qui séparent le cerveau du chimpanzé, dont le volume moyen est de 350 à 400 cm^3, du cerveau humain, qui atteint 1300 à 1400 cm^3, présentent des distinctions bien trop profondes pour pouvoir être comblées par une infection virale. Le cerveau humain est doté non seulement d’un volume trois à quatre fois supérieur, mais aussi de la conscience, de la pensée abstraite, de centres du langage développés, des circonvolutions uniques du cortex antérieur (cortex préfrontal) et de réseaux synaptiques complexes. Aussi nombreuses que soient les similitudes génétiques, cet immense fossé dans l’architecture cérébrale se présente à nous comme la preuve la plus claire et la plus concrète d’une création particulière. Aucun processus aléatoire ne peut engendrer la pensée et la raison, la compréhension de l’esthétique et de l’art, la parole et la conscience morale. Mais, comme on le voit, c’est uniquement pour nier que l’homme est un être doté d’une âme et créé par Dieu que LES SCÉNARIOS LES PLUS IRRÉELS SONT INVENTÉS AU MOYEN DES ABSURDITÉS LES PLUS IRRATIONNELLES.

Dans cette étude aussi, il nous faudra insister sur le caractère extrêmement controversé de la méthode utilisée et sur le caractère tout aussi fictif et imaginaire des interprétations évolutionnistes qui en sont tirées.

Un environnement expérimental incohérent : les organoïdes

Les chercheurs ont affirmé avoir créé des **“structures semblables à un cerveau”** en multipliant en laboratoire, pendant 15 jours, des cellules souches humaines et de chimpanzés. Pendant ce temps, ils ont retiré, par la méthode CRISPR, la séquence concernée des neurones de chimpanzés et observé le développement cérébral. En comparant ces cultures cellulaires formées en une période aussi courte que 15 jours, ils ont formulé des interprétations spéculatives sur les régions du cerveau adulte et même sur les fonctions cognitives.



“Les organoïdes de tissu nerveux développés à partir de cellules souches sont des modèles tridimensionnels de laboratoire utilisés pour étudier certaines caractéristiques du développement précoce du cerveau.” Illustration scientifique représentative réalisée à l’aide de l’intelligence artificielle

Or, la comparaison de telles cultures cellulaires, appelées organoïdes, avec l’architecture tridimensionnelle d’un véritable organe est très controversée, et celles-ci ne représentent pas les organes complets d’un adulte. En 2019, Pollen et ses collègues ont comparé des organoïdes humains et de chimpanzés et ont montré que, dans divers essais, même les proportions des cellules les unes par rapport aux autres ne demeuraient pas constantes mais variaient de manière incohérente, que le calendrier de maturation des cellules n’était pas non plus identique dans chaque échantillon et que les stress métaboliques et cellulaires du milieu expérimental différaient de ceux d’un véritable organisme vivant.(4)

C’est pourquoi les observations réalisées sur les organoïdes ne sont ni exactes ni réalistes pour étudier le développement du cerveau. La simplification de l’architecture tissulaire, la modification des proportions cellulaires et la variation du calendrier de développement d’un organoïde à l’autre SONT DES INDICATEURS CLAIRS MONTRANT QU’AUCUNE COMPARAISON NE PEUT ÊTRE FAITE ENTRE LE MODÈLE ET LE VÉRITABLE CERVEAU.

L’affirmation selon laquelle l’ADN contiendrait des vestiges de virus

L’approche évolutionniste est célèbre pour spéculer sur tout ce qui est inconnu. Lorsque le génome humain fut cartographié pour la première fois en 2003, toute séquence codante ne codant pas un gène fut qualifiée d’“ADN poubelle”, et il fut affirmé que ces vastes régions étaient

PRÉTENDUMENT de l'**“ADN résiduel”** laissé par notre évolution. À tel point que seuls 2 % du génome étaient qualifiés de gènes codant des protéines, tandis que les 98 % restants étaient considérés comme des déchets. Les régions qui constituent la majeure partie du génome et que l'on croyait dépourvues de fonction furent présentées comme des **"vestiges"** et même, à l'époque, comme une **“preuve”** de l'évolution.

Or, à mesure que la science progressait, IL FUT COMPRIS QUE CES SÉQUENCES ÉTAIENT LES RÉGIONS LES PLUS VITALES CONTRÔLANT LES GÈNES CODANT LES PROTÉINES. Selon ce mécanisme de contrôle aujourd'hui appelé ÉPIGÉNÉTIQUE, la manière dont une cellule fonctionnera en fonction de notre âge et de l'endroit où elle se trouve dans l'espace tridimensionnel du corps est contrôlée par ces longues séquences d'ADN.
Si vous imaginez l'ADN comme un texte intégral contenu dans une encyclopédie de 1000 volumes, l'épigénétique est un système régulateur de contrôle supérieur qui détermine quelles pages et quelles lignes de ces volumes seront LUES, à quel moment, en quel lieu et dans quelles conditions, et quelles pages et lignes seront marquées puis IGNORÉES.

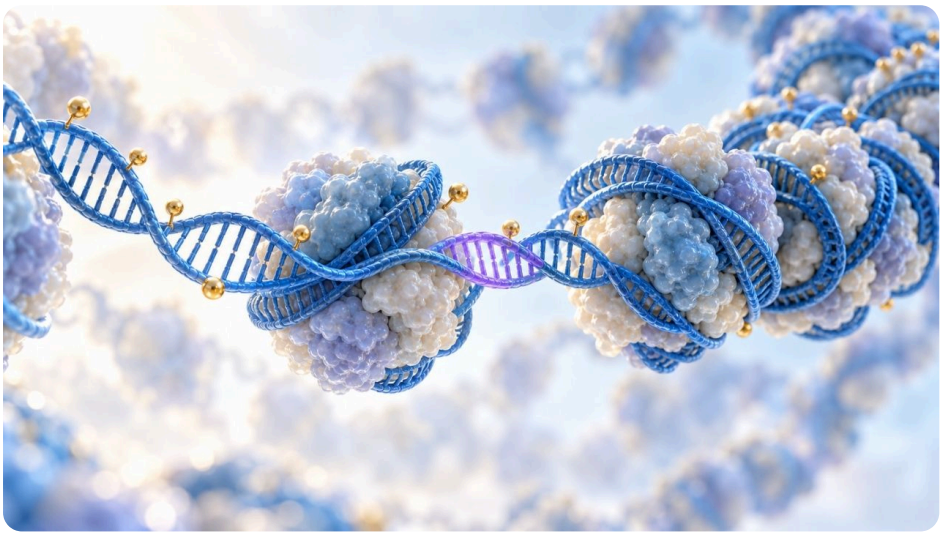
C'est pour cette raison que, bien que les quelque 10 000 milliards de cellules de notre corps possèdent toutes le même ADN, elles fonctionnent toutes comme des cellules différentes dans différents organes et tissus. C'est encore grâce à cette épigénétique que la puberté commence à un âge déterminé, que la menstruation a lieu selon un cycle de 28 jours avec l'augmentation et la diminution de certaines hormones, mais que ce n'est qu'après l'accouchement que la prolactine est sécrétée et que la production de lait commence chez la mère.

Comme on le voit, on comprend aujourd'hui combien LES RÉGIONS QUALIFIÉES DE DÉCHETS par ignorance sont importantes. Toutefois, les évolutionnistes continuent encore aujourd'hui à élaborer des scénarios évolutionnistes imaginaires à propos de ce qui est inconnu.

Cependant, ces immenses séquences ne codant pas de gènes sont encore utilisées par les évolutionnistes comme matière à spéculation. L'assimilation de certaines séquences de notre génome à des virus est un discours fréquemment rencontré aujourd'hui en biologie évolutionniste. Il est affirmé que ces régions se sont accumulées dans notre génome pendant des millions d'années à la suite d'infections virales. Cette affirmation repose uniquement sur une similitude superficielle de séquences codantes. Or, une telle similitude au niveau moléculaire est une preuve

évidente du langage commun de la création, le résultat naturel du fait d'avoir été conçus pour nous nourrir des mêmes aliments dans les mêmes conditions atmosphériques et d'avoir été façonnés avec les mêmes matériaux à base de carbone.

D'autre part, à mesure que les fonctions de ces séquences sont comprises, L'AFFIRMATION DES ÉVOLUTIONNISTES SE TRANSFORME ENTIÈREMENT EN DÉCHET.



Le compactage de l'ADN autour des protéines histones et les marques chimiques comme la méthylation jouent un rôle dans la régulation de l'activité des gènes. L'étude a examiné le lien entre la méthylation autour de la région PTERV1 et l'inactivation de LINC00662. Illustration scientifique représentative réalisée à l'aide de l'intelligence artificielle

Les régions qualifiées de virus se sont toujours révélées être les séquences les plus vitales

Syncytin-1 et le placenta :

L'un des exemples les plus frappants dont il fut autrefois prétendu qu'il s'agissait d'**"un vestige de virus"** est le gène Syncytin-1. Or, on sait aujourd'hui QU'IL JOUE LE RÔLE LE PLUS VITAL DANS LA FORMATION DU PLACENTA, INDISPENSABLE À LA CONTINUITÉ DE LA VIE CHEZ LES MAMMIFÈRES. Alors que ce gène demeure constamment fermé sous sa forme silencieuse pendant toute une vie, il devient actif lorsque la cellule zygote fécondée se multiplie dans l'utérus maternel et atteint un certain nombre de cellules, c'est-à-dire uniquement au stade du blastocèle,

uniquement dans un groupe de cellules et à un emplacement très spécifique. Avec la production de la protéine Syncytin-1 dans ces cellules, les parois de ces cellules (cytotrophoblastes) fondent et celles-ci fusionnent entre elles (fusion). À la suite de cette fusion, une couche fine, spéciale et continue, constituée d'une seule cellule, se forme entre la mère et le bébé. Grâce à cette protéine, les cellules s'unissent sous la forme d'une bande pour ne posséder qu'un seul cytoplasme, et le milieu d'échange placentaire entre la mère et le bébé est ainsi créé. Cette protéine extrêmement vitale, qui établit ce pont délicat de nutrition, de tolérance immunitaire et de protection entre la mère et le bébé, ne peut être expliquée ni par des coïncidences aveugles ni par un virus introduit au hasard depuis l'extérieur. Syncytin-1 a toujours été présent dès l'origine, de façon parfaite, chez chaque mammifère et doit être produit au moment précis où il est nécessaire lors de chaque grossesse. Ce gène commence à être lu, selon un calendrier miraculeux, uniquement dans les cellules qui formeront le placenta, un jour déterminé du stade du blastocèle, et n'est plus jamais lu après avoir accompli sa fonction. Ce fonctionnement précis, qui opère comme une horloge, n'est pas l'œuvre des coïncidences, mais la preuve de l'Intelligence infinie Qui connaît jusque dans leurs molécules les embryons dans les utérus, UNE TRACE ET UN SCEAU CERTAINS DE LA CRÉATION DE DIEU LE TOUT-PUISSANT.

Les autres exemples marquants réfutant l'affirmation du vestige viral sont les gènes PEG10 et RTL1 (PEG11) :

Le gène PEG10 :
Il avait également été affirmé que ce gène était un vestige de virus d'origine rétrotransposon. Cependant, des études expérimentales réalisées sur des souris (Ono et autres, Nature Genetics) ont montré que, lorsque le gène PEG10 était désactivé, les couches les plus importantes du placenta ne se développaient pas et les embryons mouraient à un stade précoce.

Le gène RTL1 (PEG11) :
La perte de ce gène, dont il était également affirmé qu'il constituait un vestige de rétrovirus, a entraîné une altération de la structure des capillaires fœtaux dans le placenta. Les recherches de Sekita et de ses collègues, publiées dans la revue Nature Genetics, ont révélé que la déficience ou la production excessive de ce gène pouvait avoir des conséquences mortelles à un stade avancé de la grossesse ou pendant l'accouchement. Il est impossible qu'une architecture aussi vitale que le placenta puisse exister sans ces gènes.

Si l’on y prête attention, ces trois gènes sont ceux que les évolutionnistes qualifient de “vestiges inutiles”, PARCE QU’ILS DEMEURENT FERMÉS TOUTE UNE VIE. Or, comme on le voit, CE SONT LES GÈNES LES PLUS VITAUX placés à cet endroit pour n’être activés que pendant la grossesse et uniquement dans les cellules du placenta.

Le niveau atteint aujourd’hui par la science montre que de nombreuses régions autrefois considérées comme des résidus de virus jouent un rôle clé dans de nombreux processus critiques, depuis l’immunité intracellulaire jusqu’à l’orientation du développement embryonnaire. Quant à la similitude avec les virus, elle ne concorde pas avec le récit de l’insertion virale.

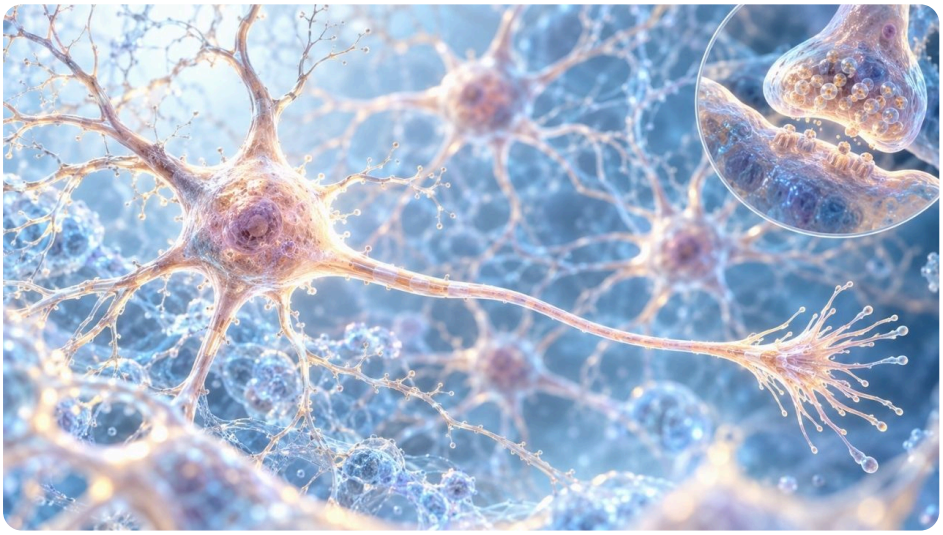
Une même séquence d’ADN ne code pas toujours la même protéine

De même qu’une séquence prise pour une séquence virale peut coder des protéines totalement différentes, chaque séquence ne code pas non plus toujours la même protéine. La conception simpliste selon laquelle un seul gène ne codait qu’une seule protéine a aujourd’hui cédé la place à une flexibilité étonnante. À partir d’une seule séquence d’ADN, la cellule produit, par des orientations épigénétiques, des codes totalement différents, et même des protéines totalement différentes remplissant des fonctions entièrement opposées.

Les exemples les plus frappants, chez les mammifères, de ce processus au cours duquel les mêmes séquences d’ADN sont transformées en résultats totalement différents selon les besoins cellulaires sont les suivants :

• **Le gène Bcl-x et l’ordre Vis-Meurs :** Cette séquence génique unique, qui régit cette fine ligne séparant la vie de la mort dans les cellules des mammifères, contient deux ordres opposés selon les signaux cellulaires et les orientations épigénétiques. Lorsque la même séquence codante est lue sous la forme Bcl-xL, elle se transforme en une protéine protectrice qui donne à la cellule l’ordre de **« vivre, se protéger et résister »** ; tandis que lorsqu’elle est lue sous la forme Bcl-xS par un mécanisme alternatif de coupure et d’assemblage, elle active le mécanisme de suicide qui donne à la cellule l’ordre suivant : **« tu as accompli ta mission, meurs de manière ordonnée »**. LE MÊME FRAGMENT D’ADN FONCTIONNE COMME UN MÉCANISME DE DÉCISION MIRACULEUX QUI CODE AUSSI BIEN LA VIE QUE LA MORT SELON LES CONDITIONS.

• **Les gènes Neurexin et diverses protéines :** Dans le tissu cérébral des mammifères, ces gènes, qui assurent la communication entre les neurones, produisent, grâce à des mécanismes d'épissage alternatif, des milliers de variantes protéiques différentes (isoformes), c'est-à-dire des protéines totalement différentes, à partir d'un seul code d'ADN. Des milliers de protéines Neurexin différentes agissent comme des cartes d'identité sur la membrane des neurones. Elles déterminent la structure de la synapse (le point de connexion) en établissant une compatibilité clé-serrure avec les protéines Neuroligin, leurs homologues situés de l'autre côté. Car les connexions internes du cerveau et les connexions entre les neurones moteurs qui contrôlent les muscles sont toutes différentes les unes des autres. Cette richesse de coupures et d'assemblages alternatifs dans les gènes Neurexin permet à chaque neurone d'établir une connexion avec la bonne cellule, avec la bonne intensité et par l'intermédiaire du bon type de protéines spécifiques.



« Vue représentative des prolongements des neurones en développement et de la communication synaptique entre les cellules. L'étude a examiné la relation entre LINC00662, la maturation neuronale et l'allongement des axones. Illustration scientifique représentative réalisée à l'aide de l'intelligence artificielle

• **c-MYC :** C'est une protéine qui régule la croissance et la division cellulaires ainsi que l'activité des gènes. Des formes longues et courtes de la protéine MYC peuvent être produites à partir du même ARNm en utilisant différents codons d'initiation. Ces formes peuvent influencer la régulation des gènes dans des directions différentes, voire opposées.

• **C/EBPβ :** C’est un facteur de transcription qui régule les gènes liés à l’immunité, à l’inflammation et à la différenciation des cellules. Un seul ARNm produit, à partir de différents sites d’initiation AUG, les formes protéiques connues sous le nom de LAP*, LAP et LIP. Les conditions cellulaires peuvent modifier la proportion de ces formes ; leurs effets sur la régulation des gènes sont également différents.

• **MAVS :** Elle transmet le signal provenant des systèmes qui détectent l’ARN d’origine virale à l’intérieur de la cellule et contribue au déclenchement de la réponse antivirale à l’interféron. Le même ARNm chargé de l’immunité antivirale peut produire la MAVS complète ainsi que la miniMAVS, plus courte. La miniMAVS limite l’effet de la MAVS complète en régulant la réponse à l’interféron.

• **Connexin 43 (GJA1/Cx43) :** C’est le principal composant des canaux de jonction qui permettent le passage de petites molécules et de signaux électriques entre les cellules voisines. Le même ARNm peut produire, outre la Cx43 complète qui intervient dans les connexions intercellulaires, la forme courte GJA1-20k qui facilite son transport à l’intérieur de la cellule.

• **POLG :** C’est la sous-unité catalytique de l’ADN polymérase qui copie l’ADN de la mitochondrie. Une structure en forme d’épingle à cheveux dans l’ARNm peut favoriser, outre la production de la POLG normale, celle d’une autre protéine commençant dans un cadre de lecture différent. Cet exemple montre que le repliement de l’ARN peut influencer le choix du site d’initiation.

Mais comment cela se produit-il ?

Les facteurs épigénétiques —les marques de méthylation sur l’ADN et la structure chimique des protéines histones— ne sont pas de simples interrupteurs qui activent et désactivent les gènes. Ils constituent un mécanisme directeur qui contrôle, à l’échelle de l’ångström, c’est-à-dire avec une précision d’un dix-millionième de millimètre, la progression sur les nucléotides des machines moléculaires qui lisent le code de l’ADN. Ce contrôle précis décide instantanément quelle région de l’ADN les ciseaux présents dans le noyau cellulaire couperont et élimineront ou assembleront. Bien entendu, l’intelligence à l’œuvre ici n’agit pas à l’intérieur de ce milieu moléculaire, mais au-dessus de lui, grâce à une intelligence supérieure qui sait tout.

En résumé, **LE FAIT QU'UNE SÉQUENCE CODANTE RESSEMBLE AUX CODES APPARTENANT À UNE ENVELOPPE VIRALE NE SIGNIFIE PAS QU'ELLE SOIT D'ORIGINE VIRALE, PAS PLUS QU'ELLE NE SIGNIFIE, EN PRATIQUE, UN ORDRE DE PRODUIRE UNE ENVELOPPE VIRALE.** Comme nous le voyons également dans les exemples ci-dessus, ce code peut se présenter chez un mammifère sous la forme de la production de protéines entièrement différentes possédant les fonctions les plus vitales.

Conclusion

Tout au long de l'histoire, le monde des évolutionnistes a toujours été rempli de spéculations fondées sur **« l'inconnu »**. Cependant, le temps a chaque fois réduit ces suppositions à néant et révélé que les codes que les évolutionnistes qualifiaient de **« résidus viraux inactifs et réduits au silence »** étaient les codes les plus vitaux, lus aux moments les plus délicats de la vie.

L'hypothèse des **« organes vestigiaux »**, autrefois présentée comme l'une des preuves les plus fortes de la littérature évolutionniste, n'était elle aussi qu'une spéculation fondée sur les inconnues de cette époque. La liste de ces prétendus **« organes résiduels »**, que l'anatomiste allemand Robert Wiedersheim avait portée à 180 en affirmant qu'ils n'avaient aucune fonction dans le corps humain, a aujourd'hui été réduite à zéro grâce aux progrès de la médecine et de la biologie moléculaire ; il a été démontré, une à une, que toutes les structures prétendument dépourvues de fonction, de l'appendice au thymus, de la thyroïde et des dents de sagesse aux amygdales, remplissent des fonctions vitales allant de l'immunité à l'équilibre métabolique. Ainsi, avec les progrès de la science, IL A ÉTÉ CONSTATÉ À MAINTES REPRISES QUE TOUT CE QUE LA THÉORIE DE L'ÉVOLUTION QUALIFIE DE **« VESTIGE SANS FONCTION »** PROVIENT DE L'IGNORANCE.

Comme on le voit, la situation est encore la même aujourd'hui.

Notre génome N'EST PAS UNE DÉCHARGE DE VIRUS, mais UN LIVRE DE CODES PARFAIT ET PRODIGIEUX dans lequel DIEU Tout-Puissant manifeste Sa science infinie. Il incombe à l'homme de science non pas de dissimuler ou de déformer ces vérités, mais d'apprécier la puissance infinie de notre Seigneur et de Le glorifier à mesure qu'il déchiffre ces codes.

Sources :

1. Patricia Gerdes et al. ,Les insertions rétrovirales ont contribué à la divergence des cerveaux humain et chimpanzé. Sci. Adv. 12, eaeg5791 (2026). DOI: 10.1126/sciadv.aeg5791. (https://www.science.org/doi/10.1126/sciadv.aeg5791)

2. https://www.sciencealert.com/tiny-genetic-tweak-from-an-ancient-virus-mightve-prevented-chimpanzees-from-developing-brains-like-ours

3. https://www.sciencenews.org/article/human-chimp-brains-different-virus-dna

4. Pollen AA, Bhaduri A, Andrews MG, et al. Établissement des organoïdes cérébraux comme modèles de l'évolution du cerveau propre à l'être humain. Cell. 2019;176(4):743-756.e17. doi:10.1016/j.cell.2019.01.017

---

https://www.harunyahya.info/fr/articles/le-conte-selon-lequel-les-virus-ont-faconne-le-cerveau-et-la-reponse-a-l-affirmation-que-des-residus