
Ciencia de los Orígenes

Primavera 2007

Una publicación del Geoscience Research Institute
Loma Linda, California

Número 73

¿SON LOS CHIMPANCÉS Y LOS HUMANOS IDÉNTICOS EN UN 99,4%?

Dr. Timothy G. Standish, Geoscience Research Institute

Resumen

Existen muchas estadísticas que indican con aparente precisión la semejanza entre los genomas del ser humano y del chimpancé. Mientras que un examen precipitado de los chimpancés y los seres humanos conduce razonablemente a la expectativa de que sus ADN deberían tener cierta semejanza y de que sería más similares unos otros de lo podrían ser con otros organismos, frecuentemente estas semejanzas se exageran y carecen de la precisión que comúnmente se asume. En parte esto es una consecuencia de las técnicas utilizadas para comparar las secuencias, las cuales proporcionan cifras exactas que no necesariamente aportan la diferencia o la semejanza exacta entre las secuencias. Otro factor es la manera en que se pueden arreglar los datos antes del análisis o como parte del proceso del análisis. En última instancia, las semejanzas del ADN se asemejan filosóficamente a semejanzas morfológicas y su interpretación depende en gran manera del cristal filosófico a través de la cual se ven.

Hace poco los autobuses de mi vecindario aparecieron con un nuevo aviso a colores en sus costados. En letras imprenta proclamaban que los seres humanos y los chimpancés son idénticos en un 98%,¹ y agregaban: “Venga a conocer a sus parientes”. No estoy seguro cuán eficaces fueron estos anuncios como método de atraer visitantes a la nueva exposición de monos, pero a mi hija de séptimo grado la impresionaron. Cuando estadísticas como estas, que suenan tan precisas, llegan a las campañas publicitarias, es probable que queden grabadas en las mentes tanto de niños como adultos. ¿Pero de dónde surgen estas cifras? ¿Y qué significan en realidad?

MUCHOS NÚMEROS, POCA PRECISIÓN

Aun un examen superficial de los porcentajes de similitud entre el genoma del chimpancé y el ser humano revela rápidamente que toda percepción de precisión es ilusoria. Es común que aparezca la cifra del 98%,² como así otras cifras diversas. Por ejemplo, el 99,4% es otra cifra publicada que suena más precisa y hace incrementar la cercanía entre los humanos y el chimpancé.³ Cuando se comparan porciones de los genomas humanos y del chimpancé, un trabajo sugirió que son idénticos en un 98,77%.⁴ Por otro lado, algunas comparaciones tempranas

publicadas de porciones de los genomas humanos y del chimpancé bajaron la estimación al 95%.⁵

Cuando se publicó en 2005 una copia más o menos completa del genoma del chimpancé,⁶ la conclusión fue que los genomas del ser humano y del chimpancé eran similares en un 96%. A pesar de que esta estimación es significativamente más baja que la mayoría de las anteriores, esta nueva cifra impulsó a Frans de Waal, experto en primates de Emory University, a proclamar: “Darwin no fue sólo provocador al decir que descendemos de los simios, sino que no fue lo suficientemente lejos....Somos simios en todos los aspectos, desde nuestros brazos extensos y cuerpos sin cola hasta nuestros hábitos y temperamento”.⁷

Por supuesto, Darwin sí fue lo suficientemente lejos sin la ayuda de la tecnología moderna de secuenciado de ADN. No es verdad la cantinela que se proclama a menudo de que Darwin jamás afirmó que los humanos descendían de los simios.⁸ En *El origen del Hombre*, Darwin dedica todo el capítulo 6 titulado “Acerca de las afinidades y genealogía del hombre”, a desarrollar el argumento de que los humanos son simios y, por lo tanto, al igual que los demás simios, descendieron del ancestro común de todos los simios, que era en sí mismo un simio.⁹ Uno de los grandes partidarios de Darwin, Thomas Henry Huxley, hizo que este argumento saliera impreso a más tardar en 1863,¹⁰ sólo cuatro años después de la publicación de *El origen de las Especies* de Darwin y bastante antes de que éste último publicara *El origen del Hombre*.

“HOMOLOGÍA”, DARWINISMO Y CREACIÓN

Dentro de los confines del pensamiento darwiniano, las similitudes entre los organismos, que a menudo se denominan homologías, son tratadas como evidencias de ancestros en común. De esta manera, se piensa que dos organismos que poseen más cosas en común que algún tercer organismo cuentan con un antepasado común más reciente que en relación con esa tercera criatura. Por ejemplo, tanto las ranas como las vacas poseen ojos tipo cámara, cuatro patas y muchas otras características en común, pero las lombrices carecen de estas características, de manera que de acuerdo con el pensamiento darwiniano, las ranas y las vacas poseen un antepasado común más reciente que cualquiera de los dos en relación con las lombrices. Al referirse al secuenci-

Figura 1

Diversas Mutaciones del ADN

Micromutaciones o Mutaciones Puntuales:

Cambios en uno o muy pocos nucleótidos:

Substitución - Reemplazamiento de un nucleótido por otro

Estas mutaciones comúnmente tienen el menor impacto.

Secuencia ADN: AGTTCAG-TAC-TGA-*ACA*-CCA-TCA . . .
Secuencia de la Proteína: Met-Thr-*Cys*-Gly-Ser

Cuando la C en cursiva en el primer ADN se cambia por una A, el codón ACA para la Cys cambia a codón AAA para la Leu.

Secuencia ADN: AGTTCAG-TAC-TGA-**AAA**-CCA-TCA . . .
Secuencia de la Proteína: Met-Thr-*Phe*-Gly-Ser

Desplazamiento por pérdida o inserción - Pérdida o inserción de uno o más nucleótidos:

Puede tener un gran impacto, destruyendo la función de una proteína o causando otros problemas

Secuencia ADN: AGTTCAG-TAC-TGA-*ACA*-CCA-TCA . . .
Secuencia de la Proteína: Met-Thr-*Cys*-Gly-Ser

En este ejemplo se quita la C en cursiva en la primera secuencia de ADN; cambiando de codón Cys a codón Leu. El significado de los codones subsiguientes también cambia.

Secuencia ADN: AGTTCAG-TAC-TGA-**AC-CAT-CAA** . . .
Secuencia de la Proteína: Met-Thr-*Leu-Val-Val*

Macromutaciones:

Grandes cambios, a veces visibles en los cromosomas usando un microcopio óptico.

Delección - Pérdida de secciones de un cromosoma

A B C D E F G H I J K L *Cromosoma original*

A B C D E F G K L

H I J *Segmento de cromosoma borrado*

Duplicación - Duplicación de secciones de cromosomas

A B C D E F G H I J K L *Cromosoma original*

A B C D E F G H I J H I J K L

Duplicated segment

Inversión - Cambio de orientación de secciones de cromosomas

A B C D E F G H I J K L *Cromosoma original*

A B C D E F G J I H K L

Segmento invertido

Translocación - Traspaso de una parte de un cromosoma a otra parte

A B C D E F G H I J K L *Cromosoma original*

A B C D H I J E F G K L

Segmento translocado

ado de ADN, se aplica la misma lógica: cuando se ve que los chimpancés y los humanos poseen más ADN en común que cualquiera de los dos en relación con otros organismos, esto es visto como una fuerte confirmación de las ideas de Darwin. Pero el ADN posee un plus adicional, ya que es el material genético mismo el que se transmite de padres a hijos.

Desde una perspectiva creacionista, la similitud del ADN de los humanos y los chimpancés no resulta sorprendente. De todos los animales, los chimpancés y los gorilas son claramente los que más se parecen a los humanos. Sería alarmante descubrir que el Creador regresó a la tabla de diseño para crear un código completamente diferente para los chimpancés. Esto sería ilógico, algo así como notar que los autos Toyota Camry y Corolla son parecidos y entonces predecir que los planes de ingeniería de estos automóviles deben ser completamente diferentes. Los simios se parecen más a los humanos que las vacas porque, entre otras cosas, su ADN es más similar al de los humanos. Es decir que, si bien las similitudes de las secuencias de ADN parecen ser exactamente lo que los creacionistas y evolucionistas esperan, algunos darwinistas actúan como si esto confirmara de alguna forma el pensamiento darwiniano y refutara de algún modo el creacionismo.

EXPLICANDO LAS DIFERENCIAS

Una pregunta aún más interesante que la creación explica bastante bien y el darwinismo afirma explicar, es de qué manera surgieron estas diferencias entre el genoma de los humanos y el del chimpancé. La explicación a esto requiere conocer las diversas clases de diferencias que podrían existir entre los dos genomas. La Figura 1 resume algunas de estas diferencias. Si bien las analogías con el lenguaje no son perfectas, existen suficientes similitudes entre la manera en que el ADN codifica la información y la forma en que las letras codifican la información en español de manera que es posible presentar — utilizando ejemplos del español — una ilustración general de los

problemas inherentes a decidir cuán similares son dos secuencias de ADN.

Recordemos que el ADN es explicado en “letras” moleculares denominadas bases. A diferencia del español, existen sólo 4 letras en el “idioma” del ADN y están se abrevian como A, T, G y C. Ahora, imaginemos dos secuencias de ADN:

- 1 GAATGC
- 2 TAATGA

Hay un total de seis letras en cada secuencia, y la secuencia 1 y la secuencia 2 sólo difieren en dos bases, la primera y la última de cada secuencia. Si sólo se comparara el número de letras comunes, entonces estas secuencias serían $\frac{2}{3}$ o 67% idénticas. Un ejemplo similar en español estaría dado por las palabras “tío” y “mío”, donde son 67% idénticas si miramos las letras, aunque sus significados son completamente diferentes. En el ejemplo anterior del ADN, si estas dos secuencias fueran parte de un gen codificador de proteína, tendrían significados completamente diferentes.

Al momento de codificación para producir una proteína, el ADN utiliza palabras denominadas codones que abarcan las tres bases. Cada codón codifica un aminoácido, y las proteínas son simplemente secuencias específicas de aminoácidos que han sido agrupadas. En este caso particular, las letras GAA de la secuencia 1 se refieren al aminoácido de ácido glutámico (glutamato) y las TGC¹¹ se refieren a un aminoácido muy diferente llamado cisteína. Los codones de la segunda secuencia, TAA y TGA, si bien difieren en una base de cada uno de los codones de ADN de la secuencia 1, tienen significados totalmente diferentes. De hecho, ninguno codifica un aminoácido en absoluto. Estos codones son llamados codones de finalización ya que actúan como puntos al fin de una oración en el lenguaje del ADN, es decir, señalan donde culmina la codificación del ADN de una proteína.

PEQUEÑOS CAMBIOS Y GRANDES DIFERENCIAS

La lección para recordar de todo esto es que cambios relativamente pequeños

en el ADN pueden marcar una gran diferencia. Esta es la característica común tanto de las secuencias de ADN como de las palabras en español. A veces, el sólo mover una letra a una posición diferente dentro de una palabra puede marcar una gran diferencia. En el ADN, los codones GGU y UGG codifican aminoácidos, pero el primero codifica el aminoácido más simple, la glicina, mientras que el segundo codifica el triptófano que está entre los aminoácidos más grandes y complejos. Un ejemplo en español sería simplemente mover la c de “creación” y crear una palabra completamente diferente como “reacción”.

Observemos un ejemplo de dos secuencias de ADN que difieren en menos del 1% pero producen resultados muy diferentes:

SECUENCIA 1: BETAGLOBINA HUMANA A (HB A)

ATGGTGCATC	TGACTCCTGA
GGAGAAGTCT	GCCGTTACTG
CCCTGTGGGG	CAAGGTGAAC
GTGGATGAAG	TTGGTGGTGA
GGCCCTGGGG	AGGCTGCTGG
TGGTCTACCC	TTGGACCCAG
AGGTTCTTTG	AGTCCTTTGG
GGATCTGTCC	ACTCCTGATG
CTGTTATGGG	CAACCCTAAG
GTGAAGGCTC	ATGGCAAGAA
AGTGCTCGGT	GCCTTTAGTG
ATGGCCTGGC	TCACCTGGAC
AACCTCAAGG	GCACCTTTGC
CACACTGAGT	GAGCTGCACT
GTGACAAGCT	GCACGTGGAT
CCTGAGAACT	TCAGGCCTCT
GGGCAACGTG	CTGGTCTGTG
TGCTGGCCCA	TCACCTTTGGC
AAAGAATTCA	CCCCACCAGT
GCAGGCTGCC	TATCAGAAAG
TGGTGGCTGG	TGTGGCTAAT
GCCCTGGCCC	ACAAGTATCA
	CTAA

SECUENCIA 2: BETAGLOBINA HUMANA S (HB S)

ATGGTGCATC	TGACTCCTGT
GGAGAAGTCT	GCCGTTACTG
CCCTGTGGGG	CAAGGTGAAC
GTGGATGAAG	TTGGTGGTGA
GGCCCTGGGG	AGGCTGCTGG
TGGTCTACCC	TTGGACCCAG
AGGTTCTTTG	AGTCCTTTGG
GGATCTGTCC	ACTCCTGATG
CTGTTATGGG	CAACCCTAAG
GTGAAGGCTC	ATGGCAAGAA
AGTGCTCGGT	GCCTTTAGTG

ATGGCCTGGC	TCACCTGGAC
AACCTCAAGG	GCACCTTTGC
CACACTGAGT	GAGCTGCACT
GTGACAAGCT	GCACGTGGAT
CCTGAGAACT	TCAGGCTCCT
GGGCAACGTG	CTGGTCTGTG
TGCTGGCCCA	TCACCTTTGGC
AAAGAATTCA	CCCCACCAAGT
GCAGGCTGCC	TATCAGAAAG
TGGTGGCTGG	TGTGGCTAAT
GCCCTGGCCC	ACAAGTATCA
	CTAA

Hay 444 bases en cada una de estas secuencias y difieren en sólo una base, la vigésima, línea uno, de la secuencia (resaltada en negrita).¹² Es así que la diferencia secuencial entre estas secuencias es de 0,225%; son 99,775% idénticas, y sin embargo la primera secuencia codifica una de las proteínas de la hemoglobina normal mientras que la segunda secuencia codifica una proteína anormal que causa la anemia falciforme, una enfermedad genética devastadora.¹³ La diferencia de 0,225% en la secuencia de ADN se traduce en una diferencia en la secuencia de proteína de 0,676%, y esta mínima diferencia causa una seria enfermedad. No todos los cambios de esta magnitud tienen un impacto tan grande, pero esta ilustración sirve para mostrar que pequeñas diferencias en las secuencias de ADN pueden (y de hecho lo hacen) producir diferencias sumamente grandes en los organismos.

CUANTIFICANDO SIMILARIDAD Y DIFERENCIA

¿Cómo determina uno realmente si dos secuencias son esencialmente las mismas o totalmente diferentes? Obviamente, mirando simplemente las letras individuales no será suficiente para determinar si dos documentos son diferentes o similares. Las mismas letras exactas del alfabeto son utilizadas para codificar la información de la versión Reina Valera de la Biblia y de *El origen de las especies*. En el ADN, se utilizan exactamente las mismas bases para codificar la información de los humanos y la pequeña bacteria *E. coli* que vive en nuestros intestinos. Al comparar libros, puede que muchas e inclusive todas las palabras utilizadas sean las mismas

aunque los libros sean claramente diferentes. Al comparar los organismos, los codones utilizados para codificar las proteínas pueden ser los mismos, pero los organismos son diferentes. Resulta claro que un factor importante a tener en cuenta al comparar las secuencias de ADN es la extensión de las secuencias comparadas. Esto se ilustra en el ejercicio dado al fin de este artículo.

Otro factor importante a considerar al comparar las secuencias de ADN es que la manera en que la información que codifica la forma en que el ADN es expresado como proteína muestra ser muy diferente de la forma en que expresamos las cosas en español. Si bien es común pensar en el ADN como codificador mayormente de proteínas, este no es el caso: sólo alrededor del 3% del ADN humano en realidad codifica proteínas. En el pasado, se pensaba que el 97% restante eran simplemente desperdicios del proceso evolucionista y constituía esencialmente “ADN basura”. Con el tiempo, se ha tornado evidente que una parte considerable de este ADN no codificado regula la producción de proteínas de las regiones codificadoras de proteína mientras que otras partes participan en actividades vitales adicionales.¹⁴

En los genomas humano y del chimpancé gran parte de este ADN no codificado se halla en la forma de secuencias repetidas. Es difícil calibrar la importancia de estas secuencias repetidas, o aun evaluarlas, ya que presentan desafíos únicos a las técnicas modernas de secuenciado de ADN. Es por eso que, si bien hablamos de la secuencia del genoma humano como algo completo, no está realmente 100% completo. Como se ha asumido que las secuencias repetidas carecen de importancia, éstas han sido ignoradas en algunas comparaciones de secuencias. Por ejemplo, en los estudios sobre los que se basa la cifra del 98% de similitud del ADN del ser humano y el chimpancé, el ADN repetido fue eliminado antes de realizar la comparación.¹⁵ Esto es vagamente análogo a la comparación de las palabras utilizadas en dos libros después de remover las palabras

más comunes en un idioma,¹⁶ algo que claramente podría desviar el resultado de cualquier comparación estadística.

Un factor adicional que complica la observación de comparaciones entre los genomas de diversos organismos es que las diferencias parecen estar concentradas en áreas específicas de sus genomas, y no distribuidas de manera aleatoria. Por ejemplo, los genomas humano y del chimpancé presentan tal variación respecto de la cantidad de diferencias existentes entre segmentos análogos que se ha sugerido que en el pasado ambos organismos evolucionaron hasta llegar a ser especies separadas, entonces se separaron durante varios millones de años antes de volver a unirse alrededor de 6,3 millones de años atrás,¹⁷ para entonces separarse otra vez.¹⁸ Esta variación de la cantidad de diferencias evidentes en las secuencias no se encuentra solamente a nivel del ADN, sino también en genes específicos que codifican proteínas específicas. Por ejemplo, cierto número de genes que se sabe juegan un papel en el desarrollo del sistema nervioso posee — y no resulta sorprendente — mayores diferencias que las diferencias promedio entre los genes humanos y el chimpancé. Los darwinistas atribuyen esto a la “selección positiva” de esos genes,¹⁹ pero no resulta obvio determinar por qué esa selección habría operado en esos genes relacionados con la inteligencia de los antepasados humanos y no en los del chimpancé. Es difícil imaginar que la inteligencia se adapta solamente a los humanos y sus antepasados. Pero estas variaciones en el grado de diferencias entre los diversos segmentos de ADN no están restringidas a genes individuales o a partes de cromosomas. Hay diferencias llamativamente pequeñas entre los cromosomas X del chimpancé y de los humanos en comparación con las diferencias entre los otros cromosomas. No resulta inmediatamente obvio de qué manera la selección natural podría haber hecho esto, y parece ser que se requiere algún tipo de relato retorcido para hacer que los datos encajen con las pre-suposiciones darwinianas.

DIFERENTES COSAS A PARTIR DE PARTES SIMILARES

Hay aún otra profunda diferencia entre las formas en que funcionan los genomas humano y del chimpancé, y puede que ésta sea la de mayor impacto sobre el hecho que esos genomas no producen organismos esencialmente idénticos. El comprender esto requiere de una forma levemente diferente de ver el papel que juegan las proteínas en los seres vivos. El ADN codifica las proteínas de manera muy similar a la que una lista de especificaciones puede definir qué tipo de tornillos u otras partes se utilizan en una máquina. Se pueden combinar muchas partes de formas diversas para desarrollar diversos tipos de máquinas. Por ejemplo, si se perdiera el tornillo de paleta que mantiene unidas un par de tijeras sería posible reemplazarlo con un tornillo de cabeza hueca. A la inversa, podría ser posible tomar las mismas partes, o partes muy similares a las halladas en una máquina y combinarlas para producir un mecanismo muy diferente. Por ejemplo, se podría combinar un muelle de suspensión, algunos tornillos, cables y algunas otras partes de auto para fabricar una excelente ballesta.

¿Cuál es la relación de todo esto con los genomas humano y del chimpancé? Si bien resulta tentador pensar que las diferencias entre los humanos y los

chimpancés son el resultado de las diferencias entre sus respectivas proteínas, en realidad las diferencias son probablemente el resultado de la forma en que las partes de la proteína se agrupan antes que las diferencias entre las proteínas mismas. Esto parece ser exactamente lo que se ve cuando se producen proteínas individuales a partir de la información hallada en los genomas humano y del chimpancé respectivamente. Resulta ser que los genes se expresan de maneras sumamente diferentes en los diversos primates incluyendo a los humanos y a los chimpancés. Estas diferencias en la expresión del gen parecen ser el resultado de las diferencias de un subgrupo de proteínas llamadas “factores de transcripción”.²⁰ No debería resultar sorprendente descubrir que los darwinistas también atribuyen estas diferencias a la “selección positiva”.

No es simplemente que las proteínas mismas se combinan de diversas formas para conformar distintos tipos de criaturas; en lo que respecta a los chimpancés y los

humanos, los genomas mismos se agrupan en interesantes maneras distintas. Por ejemplo, durante la reproducción sexual, el ADN de ambos padres es barajado al igual que un mazo de cartas para crear los cromosomas únicos que estarán en la espermia y los huevos y en últimos término en la descendencia de una pareja. Cuando sucede esto, el ADN tiene que ser quebrado físicamente y entonces agrupado otra vez. Este proceso es complejo y no se produce en lugares al azar. Los lugares donde se producen estos cortes y nuevas combinaciones (recombinaciones) son diferentes en los cromosomas del chimpancé que en los cromosomas humanos.²¹

RESUMEN Y PRECAUCIÓN

Entonces, ¿son idénticos los humanos y los simios? La respuesta a la que uno llegue dependerá en gran medida de las presuposiciones filosóficas que uno incorpore a los datos. En este trabajo he tratado de mostrar que las cifras dadas por

CÓMO RECIBIR CIENCIA DE LOS ORÍGENES

En *Ciencia de los Orígenes* recibimos frecuentemente cartas preguntando cómo se puede obtener una suscripción a la revista u obtener los números atrasados.

Existen tres maneras de obtener la revista:

Subscripción personal. El coste de la suscripción personal (2 números al año) es de \$5 para USA, y \$3 para el resto de los países. Los suscriptores en España deben enviar 3 euros. El pago se puede efectuar enviando el dinero en un sobre juntamente con la dirección postal en la cual se va a recibir la revista.

Suscripción académica. La mayoría de las bibliotecas de las instituciones adventistas superiores de Latinoamérica y España reciben gratuitamente la revista. Además algunas instituciones, uniones y divisiones subvencionan el pago de ejemplares extras que son repartidos gratuitamente entre los estudiantes de teología, educación, profesorado y maestría en algunas instituciones participantes.

Internet. La forma más económica y rápida de obtener *Ciencia de los Orígenes* es descargándola de nuestra página de internet www.grisda.org. Allí se puede también obtener los números atrasados, todos ellos en formato PDF.

Animamos a los lectores interesados que no tengan acceso a una suscripción que vean la revista directamente en internet, lo cual reduce costes de envío y producción.

Geoscience Research Institute
Ciencia de los Orígenes
 11060 Campus St, Loma Linda, California 92350, USA

CIENCIA DE LOS ORÍGENES es una publicación del Geoscience Research Institute, en Loma Linda, California.

Esta publicación va dirigida a profesores y estudiantes de centros medios y superiores. Las Divisiones de Interamérica y Sudamérica proveen el franqueo para que llegue gratuitamente a las bibliotecas, profesores y alumnos interesados en los centros universitarios adventistas. Si estás interesado en recibirla contacta con el representante local o regional del Departamento de Educación. Las personas interesadas en recibir la publicación de manera individual deben enviar el cupón de suscripción en la última página acompañado del pago correspondiente.

GEOSCIENCE RESEARCH INSTITUTE

Director Editor
 James Gibson Raúl Esperante

Consejo editorial
 Roberto Biaggi, Ben Clausen, James Gibson,
 Ronald Nalin, Timothy Standish

Diseño y Maquetación Secretaria
 Katherine Ching Carol J. Olmo

<http://www.grisda.org>
 email: ciencia@grisda.org

los porcentajes de diferencia entre los genomas humanos y los del chimpancé carecen de la precisión que se implica en su uso. Asimismo, el lugar donde se observen los respectivos genomas marcará una muy grande diferencia en las conclusiones a extraer. En último término, la manera en que se traslada la información del ADN codificado a las proteínas y finalmente a las criaturas vivientes es difiere profundamente entre los humanos y los simios. Si uno así lo quiere, se podría enfatizar con fuerza las abundantes diferencias entre el ADN del ser humano y el del chimpancé. Asimismo, es digno de destacar que a medida que se publica más información que compara los genomas, las diferencias parecen ser más profundas que lo que se pensaba unos pocos años atrás. Pero sería ridículo sugerir que los chimpancés no son más similares a los humanos que las ranas, los peces, las moscas o las aves. En cualquier grupo de objetos o criaturas algunos se parecen más a otros. La gran pregunta es a qué conclusión debería llegarse a partir de de estas similitudes y diferencias.

Hay aún algo más que debería servir de precaución a los que desean llegar a conclusiones generales, y es la manera preocupante en que los propulsores tanto del darwinismo como del creacionismo han utilizado los datos en el pasado en defensa de sus diversas posturas. En nuestra propia iglesia, existen un número de declaraciones publicadas que en su momento no fueron probablemente de ayuda y que hoy parecen inquietantes. Por

ejemplo, Urías Smith sostuvo en la primera página de la *Review and Herald* que “los naturalistas afirman que la línea de demarcación entre los humanos y los animales se ha perdido en la confusión. Es imposible, ya que ellos afirman decir exactamente donde termina el ser humano y comienza el animal”.²² Esta línea de pensamiento también puede ser hallada en declaraciones posteriores como la de Dores Robinson, secretaria de Elena G. de White, que escribió: “Cualquiera que observe el chimpancé, el gorila o el orangután, no hallará difícil creer que tienen algún antepasado común con la raza humana....Es mucho más razonable creer que los simios descendieron del hombre...”²³ Por otro lado, al menos un darwinista, basado en su comprensión de la similitud del 98% entre los genomas humano y del chimpancé ha defendido la aterradora perspectiva de crear quimeras humano-simias, “ya que en estos oscuros días de antievolutionismo ignorante, donde hay fundamentalistas religiosos en la Casa Blanca que controlan el Congreso e intentan distorsionar la enseñanza de la ciencia en nuestras instituciones educativas, una dosis poderosa de realidad biológica sería realmente saludable. Y este es precisamente el mensaje que podrían transmitir los clones de quimeras, híbridos o especies mixtas”.²⁴

La Biblia es explícita respecto del lugar especial del ser humano en la creación: “Y creó Dios al hombre a su imagen, a imagen de Dios lo creó; varón y hembra lo creó”.²⁵ Debido a su misma naturaleza y al hecho que ahora vemos “por espejo, oscuramente”,²⁶ la ciencia no puede brindar respuestas definitivas acerca de la naturaleza de la humanidad; sus conclusiones son invariablemente tentativas y están sujetas al filtro filosófico a través del cual se analizan los datos. Aun con esas limitaciones, resulta interesante notar que existe una clara tendencia, una que es evidente en algunas otras áreas de vanguardia de la ciencia, y es que a medida que aumenta la comprensión y se acumulan los datos, las aseveraciones temerarias del pasado que parecían ser inconsistentes con las perspectivas bíblicas tradicionales son puestas en duda mientras que las

perspectivas consistentes con las afirmaciones bíblicas parecen tornarse más sostenibles.

ENDNOTES

1. Esta estadística se repite en muchos lugares incluyendo el sitio web del Zoológico de San Diego: <http://www.sandiegozoo.org/animalbytes/t-chimpanzee.html>.
2. Por otro ejemplo: Marks J. 2002. *What It Means to Be 98% Chimpanzee: Apes, People, and Their Genes*. University of California Press, Berkeley. 325 páginas.
3. Wildman DE, Uddin M, Liu G, Grossman LI, Goodman M. 2003. Implications of natural selection in shaping 99.4% nonsynonymous DNA identity between humans and chimpanzees: Enlarging genus Homo. *Proceedings of the National Academy of Sciences (USA)* 100:7181-7188.
4. Fujiyama A, Watanabe A, Toyoda A, Taylor TD, Itoh T, Tsai S-F, Park H-S, Yaspo M-L, Lehrach H, Chen Z, Fu G, Saitou N, Osoegawa K, de Jong PJ, Suto Y, Hattori M, Sakaki Y. 2000. Construction and Analysis of a Human-Chimpanzee Comparative Clone Map. *Science* 295:1313-1314.
5. Britten, R.J. 2002. Divergence between samples of chimpanzee and human DNA sequences is 5% counting indels. *Proceedings of the National Academy of Sciences (USA)* 99:13633-13635.
6. The Chimpanzee Sequencing and Analysis Consortium. 2005. Initial sequence of the chimpanzee genome and comparison with the human genome. *Nature* 437:69-87.
7. Se cita a Frans de Waal en el sitio web de Noticias de la National Geographic: http://news.nationalgeographic.com/news/2005/08/0831_050831_chimp_genes.html.
8. Por ejemplo, véase: Allen W. 2004. Editorial. *National Geographic*, Noviembre.
9. Aquí hay una cita del capítulo 6 de *El origen del hombre* que resume el argumento: “Si los simios antropomorfos son admitidos para que conformen un subgrupo natural, entonces, como el hombre concuerda con estos, no sólo en todas esas características que posee en común con todo el grupo catarrino [monos del viejo mundo], sino en otras características peculiares, tales como la ausencia de una cola y las callosidades, y en apariencia en general, se podría inferir que algún miembro antiguo del subgrupo antropomórfico dio origen al hombre. No resulta probable que, mediante la ley de variación análoga, un miembro de una de las otras infraórdenes haya dado origen a una criatura similar a un hombre que se pareciera a las supraórdenes antropomórficas en tantos aspectos. Sin duda que el hombre, en comparación con la mayoría de sus congéneres, ha atravesado por modifi-

LA OPINIÓN DEL LECTOR

En Ciencia de los Orígenes queremos oír la opinión de los lectores. Haznos llegar tus comentarios sobre los artículos publicados o tus colaboraciones para posibles artículos. Los comentarios deben ser pertinentes y breves, con un máximo de 150 palabras. Puedes utilizar nuestra página de Internet www.grisda.org para enviarnos tus contribuciones, las cuales serán evaluadas por el equipo del GRI.

- caciones extraordinarias, principalmente como consecuencia del gran desarrollo de su cerebro y su posición erecta; sin embargo, deberíamos recordar que éste no es sino una de las varias formas excepcionales de primates”.
10. Huxley TH. 1863. *Evidence as to Man's Place in Nature*.
 11. Por consistencia y para evitar confusión, aquí sólo nos referimos al ADN. Nótese, sin embargo, que los codones sólo se transmiten en proteínas utilizando copias ARN del ADN, y en el ARN se utiliza el uracilo (U) en lugar de la timina (T), de manera que como copias de ARN, este codón en realidad se leería UGC y no TGC. Como ARN, los codones de la secuencia 2 se leerían UAA y UGA y no TAA y TGA.
 12. La proteína madura de betaglobina comienza con el aminoácido valina, el aminoácido alterado en la betaglobina S es el sexto aminoácido que es convertido del ácido glutámico de la betaglobina normal a la valina en la proteína mutada. El primer aminoácido codificado en estas secuencias dadas es en realidad la metionina, pero este aminoácido es removido en la forma madura de la proteína.
 13. Esta enfermedad es la anemia falciforme que se produce en índices mayores entre los habitantes de la África ecuatorial y sus descendientes. En los individuos con anemia falciforme, los glóbulos rojos sufren un alargamiento debido a la polimerización de la hemoglobina al perder oxígeno. Estas células en forma de hoz (falciformes) obstruyen los vasos sanguíneos y son destruidas con rapidez lo que resulta en daños a los órganos y anemia crónica.
 14. Standish TG. 2002. Rushing to judgment: Functionality in noncoding or “junk” DNA. *Origins* 53:7-30.
 15. Sibley CG, Ahlquist JE (1984) The phylogeny of the hominoid primates, as indicated by DNA-DNA hybridization. *Journal of Molecular Evolution* 20:2-15. Véase también: Sibley CG, Ahlquist JE. 1987. DNA hybridization evidence of hominoid phylogeny: Results from an expanded data set. *Journal of Molecular Evolution* 26:99-121. Debe destacarse que el trabajo de Sibley y Ahlquist, a pesar de ser citado a menudo y de que es una fuente posible de la cifra de similitud del 98% resulta controvertido debido a acusaciones de manipulación de los datos. Véase <http://personal.uncc.edu/jmarks/DNAHYB/dnahyb2.html>.
 16. Para apreciar el impacto de esto en inglés, véase <http://www.world-english.org/english500.htm> o alguna otra fuente que enumera las palabras más utilizadas en lengua inglesa.
 17. Esta es la cifra utilizada en el escenario descrito en el trabajo que informa estos resultados. Se la cita para ilustrar el punto, y no en apoyo de la idea que la vida tiene millones de años.
 18. Patterson N, Richter DJ, Gnerre S, Lander ES, Reich D. 2006. Genetic evidence for complex speciation of humans and chimpanzees. *Nature* 441:1103-1108.
 19. Ponting C, Jackson AP. 2005. Evolution of primary microcephaly genes and the enlargement of primate brains. *Current Opinion in Genetics & Development* 15:241-248.
 20. Gilad Y, Oshlack A, Smyth GK, Speed TP, White KP. 2006. Expression profiling in primates reveals a rapid evolution of human transcription factors. *Nature* 440:242-245.
 21. Winckler W, Myers SR, Richter DJ, Onofrio RC, McDonald GJ, Bontrop RE, McVean GAT, Gabriel SB, Reich D, Donnelly P, Altshuler D. 2005. Comparison of Fine-Scale Recombination Rates in Humans and Chimpanzees. *Science* 308:107-111.
 22. Uriah Smith, “The Visions — Objections Answered: Obj. 37,” *Advent Review and Sabbath Herald* 28(9) (July 31, 1866):65, 66.
 23. Robinson DE. 1931. Amalgamation Versus Evolution. Elmhaven, St. Helena, California. White Document File 316, Heritage Room, Loma Linda University.
 24. Por David P. Barash DP. 2006. When Man Mated Monkey. July 17, 2006, *Los Angeles Times*. <http://www.latimes.com/news/opinion/la-oe-barash17jul17,0,1775276.story?coll=la-opinion-righttrail>.
 25. Génesis 1:27 RV.
 26. 1 Corintios 13:12.

¿ESTÁS INTERESADO EN RECIBIR *CIENCIA DE LOS ORÍGENES* DIRECTAMENTE EN TU COMPUTADORA?

El Geoscience Research Institute desea distribuir GRATUITAMENTE la revista *Ciencia de los Orígenes* entre todos los estudiantes, profesores y otros interesados que tengan acceso a una computadora. Cada número que preparamos en versión impresa aparece también en versión electrónica en formato PDF en la página de Internet www.grisda.org.

Estamos preparando una lista de distribución por email a todos aquellos que muestren interés en recibir la revista y para ello necesitamos tu dirección de correo electrónico. Sabemos que muchos estudiantes y profesores utilizan nuestra revista para preparar sus clases, trabajos, memorias y proyectos universitarios, pero que muchos todavía desconocen su existencia o no la reciben puntualmente. Nuestro deseo es que seáis los primeros en recibir la publicación, y por ello la estamos enviando por Internet antes de que salga en papel.

Si estás interesado solamente tienes que enviar un email a info@grisda.org.



Esta fotografía muestra más de treinta fósiles de estrellas de mar (Equinodermos) conservados en una placa de roca arenisca de grano medio. La posición, abundancia y características de fosilización de las estrellas de mar nos sugieren en que condiciones se produjo la muerte y enterramiento.

- Los individuos están uniformemente fosilizados, es decir, no muestran diferentes etapas de descomposición, lo cual sugiere que no se acumularon gradualmente sino instantáneamente o en un breve intervalo de tiempo.
- Existe superposición de numerosos individuos, lo cual sugiere que fueron acumulados por alguna corriente que los amontonó. Una acumulación gradual podría haber dejado algunos individuos superpuestos, pero sería dudoso que fueran tan abundantes y en un espacio tan reducido.
- La sola conservación de las estrellas de mar sugiere enterramiento rápido en un corto tiempo después de la muerte. Los individuos no muestran señales de carroñeo por otros organismos del fondo marino, y tampoco hay signos de descomposición bacteriana, lo cual sería indicativo de larga exposición en el fondo marino.
- El sedimento consiste en arena de grosor medio, lo que sugiere un evento deposicional de elevada energía en el fondo marino.

Estas características indican que las estrellas de mar sufrieron algún evento catastrófico que ocasionó su muerte y rápido enterramiento en un corto período de tiempo.

(Esta pieza de roca fue comprada en la Muestra Internacional de Fósiles de Tucson, Arizona, en 2007, y está actualmente expuesta en el Geoscience Research Institute, Loma Linda, California).