Genes superpuestos, información y probabilidad

Un estudio del fenómeno de optimización del soporte material de la información genética como evidencia de designio.

por Robert E. Kofahl, Ph.D.

ace unos años se hizo eviden te que el complemento de ADN del muy estudiado virus FX174 no era lo suficientemente grande para codificar todas las proteínas producidas por este virus en su bacteria parasitada. La sorprendente solución a este problema sólo ha descubierto otro problema, es decir, el de los genes superpuestos. 1 Se ha descubierto que en la cadena circular de ADN de este virus la parte que codifica la proteína A tiene sobrepuesto el gene B que codifica la proteína B. Asimismo, el gene E está sobrepuesto al gene D. Además, hay aparentemente otro gene, A*, sobrepuesto a los dos genes A y B. De esta manera este virus fago compensa la escasez de letras de codificación en su mensaje ADN haciendo un uso múltiple de las partes de ADN que posee.

Todo esto es ya sorprendente por sí mismo, pero aún más asombroso es el hecho de que en los casos de los genes A y B y de los genes D y E, los pares sobrepuestos de genes son leídos en diferentes marcos de lectura. Recordemos que el código genético del ADN emplea un alfabeto de cuatro diferentes nucleótidos que son las letras del código del ADN. Los nombres de los cuatro nucleótidos, adenina, timina, guanina y citosina, se abrevian con las letras A, T, G, C. El diccionario genético de palabras que expresan los veinte diferentes aminoácidos que constituyen las cadenas polipeptídicas de proteína contiene palabras de tres letras designadas como codones. De manera que un gene que codifica una proteína determinada se compone de una cadena de codones de tres letras de código cada uno, y que la maquinaria de transcripción de la célula traduce a una cadena polipeptídica de los correspondientes aminoácidos. El gene, entonces, puede ser asemejado a una oración de palabras de tres letras que da un sentido correcto cuando se leen sus instrucciones y son puestas en ejecución con la construcción de una molécula de proteína designada para una tarea específica en la vida de una célula. Pero si un segundo gene está sobrepuesto sobre el primero y si se lee en un diferente marco de lectura, resultará una secuencia diferente de aminoácidos, con una molécula diferente de proteína designada para una tarea totalmente diferente.

La mente se queda aturdida ante esto, cuando se considera la analogía del lenguaje humano. Piénsese en intentar construir siquiera una breve oración castellana con significado que pueda transformarse en otra oración con significado y gramaticalmente correcta sólo desplazando el espaciado una letra hacia la derecha o hacia la izquierda. En la ilustración se ve una breve porción de los genes sobrepuestos A y B del FX174, con los correspondientes aminoácidos traducidos en los dos marcos de lectura.

En base del modelo evolucionista, estos dos genes llegaron a su presente

Secuencia aminoácida de proteína A

Tyr = Tirosina

Glu = Ácido glutámico

Ser = Serina

Phe = Fenilalanina

Asp = Ácido aspártico

Gly = Glicina

Ileu = Isoleucina

Term = Terminador

Secuencia aminoácida de proteína B

contenido de información por medio de mutación y selección natural, de modo que ahora codifican las dos proteínas, A y B, que llevan a cabo sus funciones específicas. Se supone que las letras individuales mutaron a otras letras, y que la selección natural actuó sobre las proteínas alteradas resultantes. De esta manera, algo de la

cadena ADN original evolucionó gradualmente para constituir la actual, que incluye la sección de 360 letras que codifican a los 120 aminoácidos de la proteína B, sección ésta incrustada en el seno de las 1536 letras que codifican a los 512 aminoácidos de la proteína A. De modo que en esta sección que efectúa su función de doble

codificación, a lo largo del dilatado proceso evolutivo, cada mutación de cada letra solitaria era por lo general una mutación en cada una de las dos proteínas. En tal caso, la selección natural tuvo que actuar sobre los correspondientes cambios en ambas proteínas, seleccionando aquellas mutaciones que en conjunto producían

12

una ventaja para el virus fago. Los dos resultantes mensajes sobrepuestos en el ADN tienen sentido y son gramaticalmente correctos en el lenguaje genético de modo que ambas proteínas son apropiadas para sus tareas específicas. Un proceso así es ya difícil de imaginar para un gene ordinario, pero los problemas desde luego se complican en estos genes sobrepuestos.

Según Yockey, el máximo contenido en información del ADN empleando el código genético es de 4,153 bits por codón,2 y el contenido en información del citocromo C es de 2,1376 bits por residuo de aminoácido.3 Pero si dos proteínas que tienen genes superpuestos en diferentes marcos de lectura tienen alrededor del mismo contenido de información, digamos que 2 bits por residuo, entonces el ADN ha de llevar unos 4 bits por codón. Esto está peligrosamente cerca del límite teórico de 4,153 bits por codón, lo que sugiere unas limitaciones sumamente estrictas para la variación de los dos mensajes superpuestos y hace difícil creer que los dos genes superpuestos se originasen por mutación y selección natural. Con un contenido de información de 4 bits por codón, el segmento de 130 codones que codifican la proteína B incrustados en el gene para la proteína A tiene un contenido de información de 4x130 = 520 bits. La probabilidad para su formación al azar es

$$p = 2^{-520} = 10^{-156,6}$$

Pero esto es sólo una parte de la historia, porque los genes se hallan bajo limitaciones adicionales. Han de llevar información superpuesta para otras funciones como uniones y emplazamientos de inicio para la reproducción del ADN, transcripción del ADN a ARNm y traducción de ARNm a proteínas, así como la ejecución de otras demandas de los genes y de las moléculas de ARNm. La credulidad se estira hasta el punto de rotura bajo la pretensión de que los sistemas genéticos son productos espontáneos carentes de plan y propósito.

Conclusión

Las probabilidades matemáticas calculadas para la abiogénesis, en base de las propiedades termodinámicas de las proteínas y de los microorganismos y del contenido de información de las proteínas dan un número abrumador de imposibilidad. Los análisis del contenido de información de estructuras biológicas complejas como el cerebro humano dan una probabilidad aún más pequeña de formación al azar. Finalmente, la consideración de sistemas genéticos complejos como el de los genes sobrepuestos lleva a resultados similares. De modo

que el creacionista bíblico tiene amplia ilustración en la biología para su creencia de que sin una creación especial de parte de Dios, la probabilidad de la vida es de cero. Podemos decir, con el salmista: «... asombrosa y maravillosamente he sido hecho,» «Sabed que Él, el Señor, es Dios; Él nos hizo, y no nosotros a nosotros mismos ...».⁴

REFERENCIAS

¹ F. Sanger, et al., *Nature*, 265, 24 Feb. 1977, págs. 687-695.

Hubert P. Yockey, J. Theor. Biol. (1974) 46, pág. 381.

³ Hubert P. Yockey, *J. Theor. Biol.* (1977), págs. 386-387. Una ligera corrección en los cálculos de Yockey lleva a este resultado.

⁴ Salmo 139:14 y Salmo 100:3, Biblia de las Américas.

Robert Kofahl tiene un doctorado en química. Sirvió primero como miembro de la facultad de Highland College en Pasadena, California, y luego como su Presidente. Desde 1972 ha sido Coordinador Científico del Creation-Science Research Center en San Diego. Entre otras obras es coautor, con Kelly Segraves, de *The Creation Explanation*.

Fuente: *Repossess the Land*, Simposio 12-15 agosto 1979, págs. 125-126.



EL ORIGEN DEL SISTEMA SOLAR

John C. Whitcomb, Jr., Th. D. y Harold S. Slusher, D. Sc.

Tenemos aquí un excelente análisis de las diferentes y mutuamente exclusivas teorías naturalistas acerca del origen del Sistema Solar, exponiendo las múltiples contradicciones en que se hallan sumidas. Se documenta, además, la invalidez de todas ellas. Se hace asimismo una consideración de la posición epistemológica de la teoría de «la doble revelación» y del racionalismo subyacente a ella. Con un apéndice sobre «la edad del Sistema Solar», por el geofísico doctor Slusher. 68 págs., Ed. CLIE, Terrassa (Barcelona) ESPAÑA, 1980.

ISBN 84-7228-547-2

LA RACIONALIDAD DE LA REVELACIÓN • Derek Bigg

En este ensayo, el autor demuestra que «la razón humana, cuando tiene la última palabra, lleva finalmente a la irracionalidad. Los pensadores modernos no han hecho caso de la lección implícita en la filosofía de Hume, que demostró ya en el siglo XVIII que el argumento racionalista sólo puede producir resultados absurdos. Tampoco se han parado a analizar debidamente las implicaciones del romanticismo, que protestó contra el racionalismo de la Ilustración, pero que se acercó peligrosamente al extremo opuesto, o sea, a la irracionalidad.»

Hoy estamos pagando el precio de no haber aprendido de la historia. El humanismo contemporáneo sigue exaltando la razón, mientras que el existencialismo ha hecho explícito el irracionalismo implícito en el movimiento romántico. Pero ninguna de estas filosofías, que le dan la espalda a Dios, pueden dar satisfacción ni solución a los grandes problemas de la vida. Es preciso volver a la racional revelación de Dios, que nos da el conocimiento de la realidad trascendente y eterna. 93 págs. Ed. Evangélicas Europeas, Barcelona, 1973.



Génesis — Vol. 2 - N° 1