

Adán y Eva — ¿mito o realidad?

Una refutación de errores de Francis Collins y *BioLogos*

Traducido con permiso de creation.com

[Vista la enorme publicidad que se está dando a unas manifestaciones que socavan la fiabilidad de la historia bíblica de la humanidad, presentamos este importante artículo escrito por el científico y conferenciante del CMI, el doctor Robert Carter, que es también investigador de genética humana junto con el pionero de la ingeniería genética y ex profesor de la Universidad Cornell doctor John Sanford.]

por *Robert W. Carter*

Publicado originalmente en inglés: 20 de agosto de 2011, en creation.com/historical-adam-biologos



Durante las últimas semanas, hemos recibido numerosas consultas acerca de la historicidad de Adán y Eva, incluyendo preguntas por correo electrónico que nos han llegado a través de creation.com,¹ preguntas hechas después de reuniones en iglesias, cursos y seminarios que hemos dado, llamadas telefónicas durante entrevistas en la radio, y preguntas después de conferencias. La causa de todo esto ha sido la amplia cobertura dada por la prensa a Francis Collins y a los otros miembros de su organización, *BioLogos*.² Collins fue el director del Proyecto del Genoma Humano, y actualmente ocupa el cargo de director de los Institutos Nacionales de Salud, de modo que tiene un peso considerable en el campo científico. Además, Collins sostiene que es cristiano evangélico. Cuando una persona de su calibre habla acerca de la relación entre ciencia y fe, la gente presta atención.

« Se debe insistir en que ... los dos evolucionistas teístas están fundamentando sus conclusiones en suposiciones evolucionistas. »

Sin embargo, lo que dice Collins está en directa oposición a lo que cree CMI y a lo que la Biblia enseña con toda claridad.³ La multitud de preguntas que hemos recibido estos últimos días giran en torno a su afirmación de que no hay pruebas de Adán y Eva y que no es posible, físicamente, que podamos proceder de dos antecesores en el pasado reciente. En la revista *Christianity Today* aparecía el pasado mes de junio un artículo de fondo del que extractamos las siguientes citas:

«El libro de gran venta de Collins en 2006, *The Language of God: A Scientist Presents Evidence for Belief* ^[4] [*El lenguaje de Dios: Un científico presenta fundamentos para la fe*] ... informaba acerca de indicaciones científicas de que los humanos anatómicamente modernos surgieron procedentes de antecesores primates quizá hace 100.000 años —mucho antes del marco cronológico de Génesis y que se originaron en una población de alrededor de 10.000 individuos, no dos.»

y

«En un reciente libro proevolucionista publicado por InterVarsity Press, *The Language of Science and Faith* [*El lenguaje de la ciencia y de la fe*], Collins y su coautor Karl W. Giberson intensifican la polémica, con el anuncio de que “desafortunadamente” los conceptos de Adán y Eva como la primera pareja literal y los antecesores de todos los humanos simplemente “no concuerdan con los datos”.»⁵

Y Collins no se ha limitado a la palabra impresa, sino que ha estado pronunciándose en este sentido por todas partes, incluyendo una reciente conferencia que pronunció en la Universidad de Pepperdine, donde dijo:

«No hay modo alguno en que se pueda conseguir este nivel de variación entre nosotros a partir de uno o dos antecesores.»⁶

Durante una entrevista en la Radio Pública Nacional (de los EUA) reiteró estas declaraciones, como también otro miembro de *BioLogos*, Dennis Venema, que dijo:

«Se tendría que postular que ha existido un ritmo de mutaciones a una velocidad absolutamente desmesurada que ha producido todas estas nuevas variantes en un período de tiempo increíblemente breve. Sencillamente, estos ritmos de mutación no son posibles. Nos exterminarían.»⁷

BioLogos ha lanzado el desafío, y, debido a su prestigio, la evolución teísta parece haber salido repentinamente de su desalentador último puesto hasta llegar a ser quizá la vanguardia de las perspectivas alternativas del Génesis. Sin embargo, no todos se han quedado convencidos de la fuerza de sus argumentos. En el mismo número de NPR, Al Mohler, Presidente del Seminario Teológico Bautista del Sur,⁸ decía,

«En el momento que dices “Tenemos que abandonar esta teología para mantener el respeto del mundo”, acabamos no teniendo ni la ortodoxia bíblica ni el respeto del mundo.»⁹

Mohler y otros como él están dispuestos a enfrentar un significativo desafío. ¿Por qué? Quizá se deba a que el doctor Mohler sabe más que la persona promedio acerca de la relación entre ciencia y fe. ¿Podría deberse también a que conoce más acerca de la ciencia en general? Desde luego, Mohler tiene razón acerca de la falta de respeto que se recibe de parte del mundo cuando se mezcla evolución y cristianismo. Oigamos el escarnio procedente del [archiateo Richard Dawkins](#):

«Pero, ah, claro, la historia de Adán y Eva fue sólo y siempre *simbólica*, ¿no? ¿*Simbólica*? ¿Así, para ser creído, Jesús se hizo torturar y ejecutar, en castigo vicario por un pecado *simbólico* cometido por un individuo *inexistente*? Como he dicho, están ladrando enloquecidos, además de ser malignamente desagradables.»¹⁰

Dawkins no se muerde la lengua al tratar acerca de cristianos que también se aferran a la evolución:

«Creo que los cristianos evangélicos lo enfocan de manera apropiada en cierto modo, al considerar la evolución como el enemigo. Mientras que aquellos teólogos digamos que más sofisticados que se sienten bien satisfechos en convivir con la evolución, considero que son unos ilusos. Creo que los evangélicos tienen razón, que realmente hay una profunda incompatibilidad entre la evolución y el cristianismo ...»¹¹

Yendo al fondo de la cuestión

«¿Que hubiera sucedido en el Diluvio, más de un milenio y medio después, cuando la población del mundo quedó reducida a ocho personas, con sólo tres parejas reproductivas, de las que tres hombres eran hermanos?»

Es necesario insistir en que en cada uno de los ejemplos que se han dado, los dos evolucionistas teístas están basando sus conclusiones en suposiciones evolucionistas. Específicamente, están apelando a una descendencia común de tiempo profundo/deriva/selección como la única explicación de la genética humana. Es desde luego cierto que tienen una inmensa cantidad de datos disponibles, incluyendo las enormes cantidades generadas por el Proyecto del Genoma Humano,¹² el proyecto ENCODE,¹³ el proyecto HapMap,¹⁴ y el proyecto actualmente en marcha de Mil Genomas [Thousand Genomes]. Pero, como son bases de datos públicas, los creacionistas tenemos acceso a los mismos datos. Y aunque el mundo se está empapando de sus afirmaciones, ¿por qué será que los creacionistas *no* se están escondiendo?

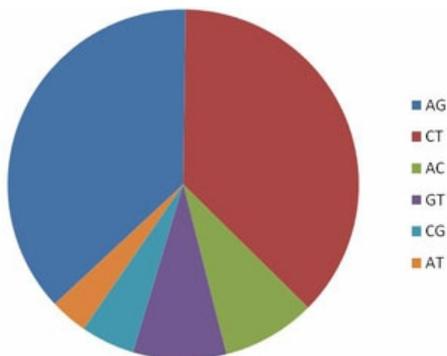


Figura 1. Proporciones relativas de los diversos tipos de posiciones variables en el conjunto de datos de HapMap.

Es innecesario decir que rechazo totalmente el dogmatismo de los portavoces de *BioLogos*. No creo que los datos den soporte a sus conclusiones, y me parece totalmente injusto excluir el modelo creacionista sin siquiera considerar cuáles serían las implicaciones del modelo (en términos científicos, no han propuesto una *hipótesis nula* que pudiera quedar refutada por las pruebas). He escrito varias veces acerca de predicciones de un modelo bíblico directo, incluyendo mis artículos sobre [Adán, Eva, y Noé en relación con la genética moderna](#), [El Modelo Neutral de la Evolución y recientes orígenes africanos](#), y [¿Apunta la genética hacia una sola pareja primordial?](#)

Hay dos cuestiones a considerar. La primera es su exclusión *de principio* de cualquier posible consideración del modelo bíblico —siguiendo a vehementes ateos como [Richard Lewontin](#). La segunda es cómo apelan a las mutaciones como la única fuente de diversidad genética. *Naturalmente* que no ha habido suficiente tiempo para acumular toda la diversidad que vemos en los humanos actuales *si Adán fue homocigótico en todos sus loci*.¹⁵ Pero este es un argumento especioso. ¿Por qué iba nadie a creer que Adán no tenía ya una diversidad genética incorporada en su genoma desde el principio?

Cómo veremos, la cantidad de diversidad genética en los humanos vivos en la actualidad, junto con la distribución de alelos entre las poblaciones del mundo, es un poderoso testimonio de un Adán original.

Añadamos a esto los efectos genéticos del Diluvio bíblico (con su riguroso pero corto cuello de botella poblacional) y la Torre de Babel (con su consiguiente partición de los genes que habían estado a bordo del Arca), y tendremos una buena base para explicar la historia genética de la humanidad, desde una perspectiva bíblica, a la vez que empleamos los datos genéticos disponibles hasta la fecha.

Análisis de los datos disponibles

Creo que Collins *et al.* han cometido un grave error y que los datos en realidad contradicen sus pretensiones. El resto de mis argumentos se concentrarán en un análisis de los datos del HapMap.¹⁶ Este conjunto de datos en particular incluye más de 1.300 personas procedentes de 11 poblaciones mundiales. HapMap secuenció más de un millón de «letras» individuales (nucleótidos) de ADN esparcidas a través de los genomas de cada persona en el estudio, con una distancia promedio de 2.800 nucleótidos entre las letras secuenciadas.¹⁷ Así, cubrieron una enorme proporción de la diversidad genética humana, y estos datos pueden usarse para abordar muchas cuestiones acerca de la historia humana. De hecho, tengo estos datos a disposición, y he dedicado una gran cantidad de tiempo a analizarlos, en un intento de construir un modelo creacionista de la historia genética humana (¡y no estoy trabajando en solitario!).

Hay aproximadamente 10 millones de variantes comunes en el genoma humano. La mayor parte de las mismas (varios millones) son muy comunes y pueden encontrarse en la mayor parte de las poblaciones del mundo, o en todas. HapMap escogió concentrarse en una selección de las mismas.

Cuando comencé a analizar los datos, me llamaron la atención varias cosas que parecían dar soporte al modelo evolutivo. Por ejemplo, la Figura 1 exhibe las proporciones relativas de los alelos analizados por HapMap. Se puede ver fácilmente que el grueso de las variantes alélicas son transiciones¹⁸ (A/G o C/T). Éstas son químicamente (y por ello estadísticamente) más probables que las transversiones (A/C, A/T, C/G o G/T). ¿Por qué están ambas clases de transiciones bien equilibradas? Porque un cambio de A a G en una hebra crea un cambio G a C en la hebra correspondiente de ADN, y viceversa. Si se suponen millones de años de mutaciones aleatorias, uno esperaría 1) más transiciones que transversiones, y 2) niveles iguales de los complementos correspondientes, porque las mutaciones deberían aparecer de forma aleatoria en ambas hebras. Esta segunda regla se sigue en todas las clases variantes excepto entre A/T y CG, y se podría interpretar como una conservación funcional de la posición C y G en el genoma. Esto, sin embargo, no es una prueba contraria al modelo creacionista, porque no creo que el modelo creacionista haga predicción específica alguna acerca de estas proporciones.¹⁹

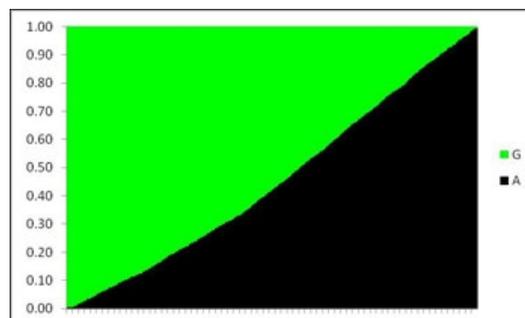


Figura 2. La variación de la frecuencia de los alelos A/G dentro del cromosoma humano 22 en la población CEU (humanos de ascendencia europea) de los datos de HapMap. Se representan más de 7.000 alelos (las marcas sobre el eje de las X denotan intervalos de 100 alelos). Los alelos se clasifican según la frecuencia donde la proporción de A aumenta de izquierda a derecha. Se puede obtener una representación similar para cualquiera de las otras poblaciones en el estudio y siguen más o menos la misma curva, con algunas desviaciones población-específicas con referencia a esta curva en particular.

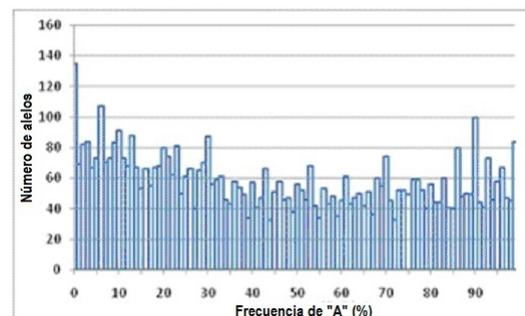


Figura 2a: Histograma de la frecuencia de «A» en posiciones variables de A/G en el cromosoma humano 22 dentro de la población CEU. Estos son los mismos datos que en la Figura 2, pero presentados de modo que sean directamente comparables con la Figura 4 (abajo). Hay aproximadamente 60 alelos en cada contenedor, lo que significa que hay alrededor de 60 alelos con 10% A y 90% G, 60 alelos con 20% A y 80% G, 60 alelos con 30% A y 70% G, etc. ¿Cómo puede un proceso evolutivo explicar una distribución tan uniforme de alelos?

Un segundo tipo de análisis que parece dar soporte al modelo evolutivo se puede ver en la Figura 2, donde represento las frecuencias alélicas de todas las variantes A/G en el cromosoma humano 22 dentro de la población CEU (humanos de ascendencia europea). Hay una distribución continua en esta figura, donde aparecen todas las frecuencias posibles de A y G entre los muchos alelos. A primera vista, esto parece reflejar millones de años de mutación, selección y deriva genética, porque se precisaría de un tiempo muy largo para que cualquier nueva mutación (que por definición comienza a muy baja frecuencia en la población) se acerque a nada como un 10%, por no hablar de un 40 ó 50%.

George Campbell, el 8º Duque de Argyll, muy sagaz tanto en cuestiones políticas como científicas, escribió un ensayo a finales del siglo XIX en el que atacaba intensamente el «reinado del terror» que los evolucionistas habían lanzado contra todos sus oponentes. Mientras analizaba como una de las teorías favoritas de Darwin (sobre la formación de los atolones coralinos) había quedado finalmente refutada después de muchos años de estridente apoyo, decía: «Y aquí aprendemos la importante lección de que una hipótesis puede explicar de forma adecuada los datos reales, y ser sin embargo falsa».^{20,21} Haríamos bien en dar oído a esta advertencia, porque los datos de HapMap y los análisis de los evolucionistas teístas y ateos de estos datos no son lo que parecen a primera vista.

		Individuos										Linajes
Generación	1	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	10
	2	B	B	C	D	F	G	H	I	I	J	8
	3	B	B	C	C	D	F	F	G	H	I	7
	4	B	C	C	C	D	F	F	G	I	I	6
	5	B	C	C	D	F	F	F	G	I	I	6
	6	B	C	C	F	F	F	F	G	I	I	5
	7	B	C	F	F	F	F	G	I	I	I	5
	8	B	F	F	F	F	F	F	G	I	I	4
	9	B	F	F	F	F	F	F	F	G	I	4
	10	F	F	F	F	F	F	F	F	I	I	2
	11	F	F	F	F	F	F	F	I	I	I	2
	12	F	F	F	F	F	F	I	I	I	I	2
	13	F	F	F	F	F	F	F	I	I	I	2
	14	F	F	F	F	F	F	F	F	I	I	2
	15	F	F	F	F	F	F	F	I	I	I	2
	16	F	F	F	F	F	F	F	F	I	I	2
	17	F	F	F	F	F	F	F	F	F	I	2
	18	F	F	F	F	F	F	F	F	F	I	2
	19	F	F	F	F	F	F	F	F	F	I	2
	20	F	F	F	F	F	F	F	F	F	F	1

Figura 3. Deriva genética en sistemas haploides (p. ej., ADN mitocondrial, en cromosomas Y, o apellidos) en pequeñas poblaciones. A los individuos representados en cada hilera se les asignó 0, 1 ó 2 hijos al azar (la cantidad total de hijos era siempre 10) en cada generación. Debido a que la población es pequeña y el tamaño estático, la deriva ocurre rápidamente, y en este ejemplo la fijación se alcanza en la generación 20.

Para poder ilustrar por qué la Figura 2 no es una predicción de la teoría de la evolución, consultemos la Figura 3. En esta población teórica de 10 parejas reproductivas, un alelo comienza con diez variantes (A-J). Si esto fuese ADNmt sólo aparecerían las hembras. Para mantener constante la población, cada pareja tiene 0, 1 ó 2 hijas, aleatoriamente, cada generación. Es fácil ver que se pierden una o más variantes en esta pequeña población durante las primeras varias generaciones. Finalmente, sólo quedan dos variantes (F e I). En la generación 12, ambas representan la mitad de los linajes y tienen la misma probabilidad de pervivencia, pero, debido sólo al azar, una de ellas llega a extinguirse. Esta es una sencilla ilustración de la deriva genética, pero ilustra un punto importante: la probabilidad de que un alelo consiga la fijación es igual a su frecuencia en cualquier punto en el tiempo. Los alelos raros tienen mayor probabilidad de perderse. Los alelos comunes tienen más probabilidad de pervivencia, y tienen mayor probabilidad de llegar a su fijación.

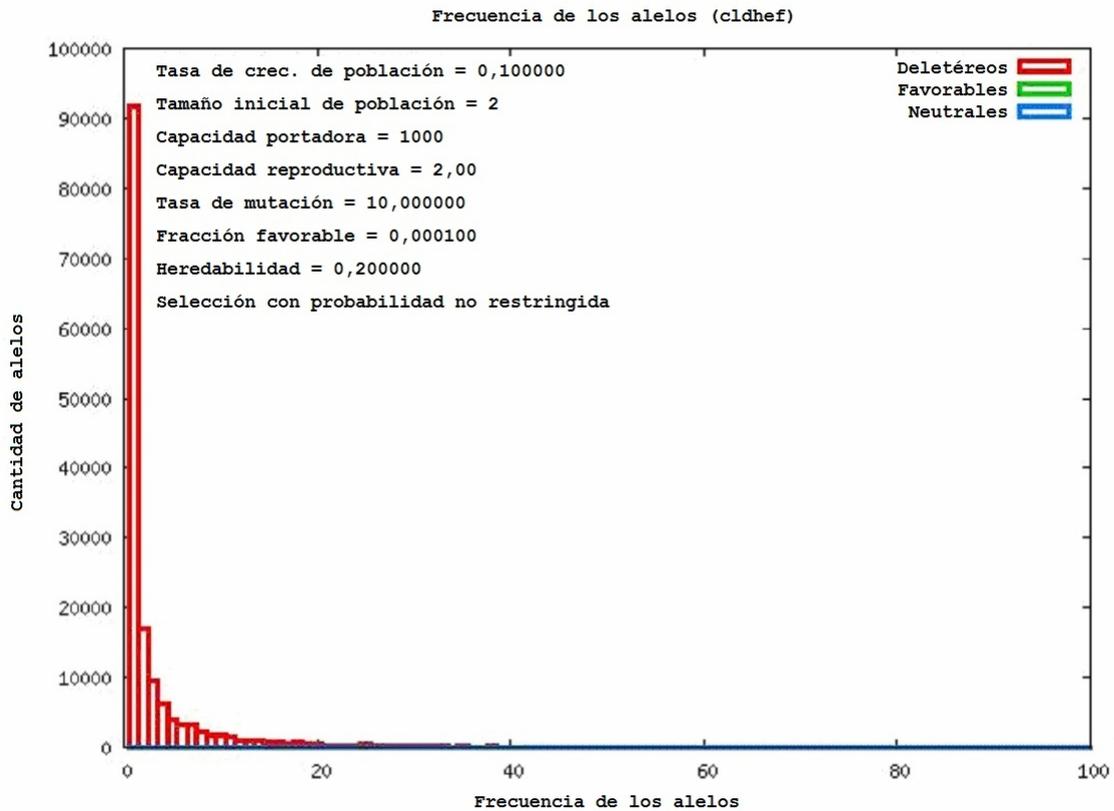


Figura 4. Frecuencias de alelos después de muchas generaciones en un modelo de población humana. Esta figura muestra cómo las mutaciones se acumulan en una población al aproximarse a un equilibrio mutación-deriva genética.²² Observar la abundancia de mutaciones raras y la ausencia general de polimorfismos por encima del 20%.

En la Figura 4 expongo los resultados de la acumulación de mutaciones en una población humana teórica modelada con el programa Mendel's Accountant.²³ Este es un resultado típico que se puede obtener usando un margen de ajustes de parámetros, en poblaciones tanto estacionarias como en lento crecimiento. A pesar de varios miles de generaciones de selección y de deriva genética, hay pocas mutaciones en la porción central de la gráfica. Esto se debe a la deriva. Las nuevas mutaciones son, por definición, raras, y se encuentran en el borde izquierdo. Así, siempre habrá más alelos raros que comunes. Estos nuevos alelos están siendo constantemente empujados fuera de la gráfica hacia la izquierda por la deriva aleatoria. La infrecuente mutación que llega a una abundancia superior al 50% experimenta de repente un «empuje» hacia la derecha. Así, el centro es como una colina, donde la deriva empuja a los alelos apartándolos del medio en una u otra dirección. Debido a que la mayoría de las mutaciones que entran desde la izquierda se pierden, uno nunca esperaría una distribución uniforme como la que observamos en la Figura 2.

Aunque la Figura 2 parece al principio dar soporte a la teoría de la evolución, en realidad no es así. La distribución de frecuencias alélicas tiene demasiados alelos en la gama media. HapMap secuenció alelos comunes de manera premeditada, ignorando alelos raros restringidos a ciertos subgrupos. Con ello, hizo dos cosas: 1) reveló los muchos e inesperados alelos en la gama media, 2) se concentró de manera inadvertida en la «diversidad creada» (más acerca de esto más adelante), y 3) nos proporcionó un maravilloso modelo de los efectos debidos al comienzo a partir de una sola pareja ancestral hace sólo varios miles de años.

¿Qué esperaríamos si la Biblia fuese cierta?

¿Por qué será que nadie en *BioLogos* parece haber abordado el modelo bíblico? ¿Por qué han aceptado plenamente los supuestos de la teoría de la evolución en bloque, y han usado estas suposiciones para llegar a fuertes conclusiones en apoyo de dicha teoría? Su razonamiento circular es obvio. Sin embargo, no sería prudente detenernos aquí. Necesitamos introducir un modelo de lo que esperaríamos que fuese cierto si Adán realmente vivió y si vivió hace sólo 6.000 años.

En la Figura 5 represento una curva teórica de frecuencias alélicas para la «población» humana en la Creación. Aquí doy por supuesto que Eva es un clon de Adán, porque fue hecha de una parte de la carne de Adán (aunque [de precisamente de aquel hueso específico que puede regenerarse](#)). En este caso, debido a que se trataba de una hembra, el cromosoma Y de Adán hubiera quedado excluido y se hubiera doblado su cromosoma X, aunque esto no es específicamente necesario genética ni teológicamente.²⁴

Cuando Adán y Eva comienzan a tener hijos, los mismos van a recibir un conjunto aleatorio de alelos procedentes de los padres. En el caso de dos individuos heterocigotos, esperaríamos que un 25% de los alelos en cada hijo fuese AA, que un 50% fuese AG, y un 25% que fuese GG, según las leyes de la genética que todos aprendimos en la escuela. Suponiendo que no hay ligamiento, la curva de frecuencias alélicas para cada individuo aparecería como la tenemos en la Figura 6.

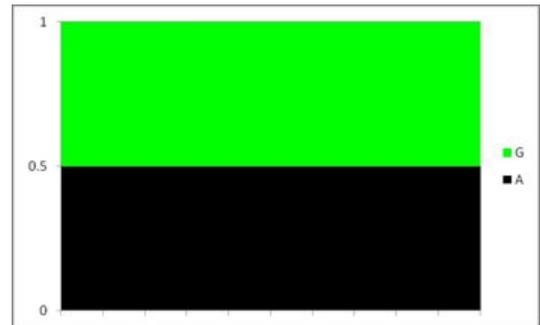


Figura 5. Curva de frecuencia alélica para 1.000 variaciones teóricas A/G dentro de Adán. Por cuanto él tiene dos copias de cada autosoma (excluyendo X e Y), todos los alelos deben estar en una proporción de 50:50.

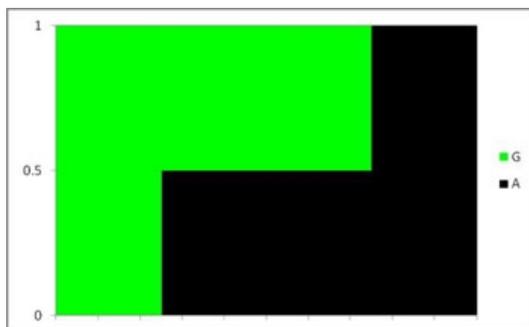


Figura 6. Curva de frecuencias alélicas para cada uno de los hijos de Adán y Eva, suponiendo una distribución inicial como en la Figura 5.

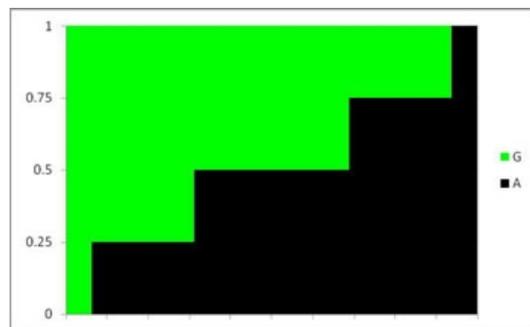


Figura 7. Curva de frecuencias alélicas para una población de 1ª generación compuesta de dos hijos de la Figura 6.

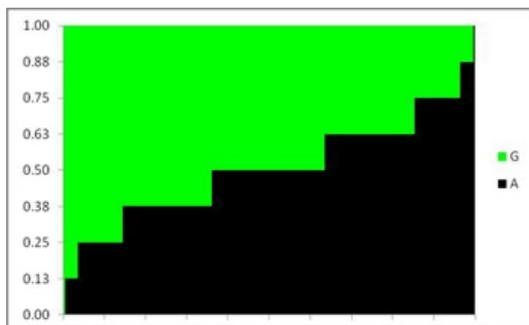


Figura 8. Curva de frecuencias alélicas para una población de 1ª generación compuesta de cuatro hijos de la Figura 6.

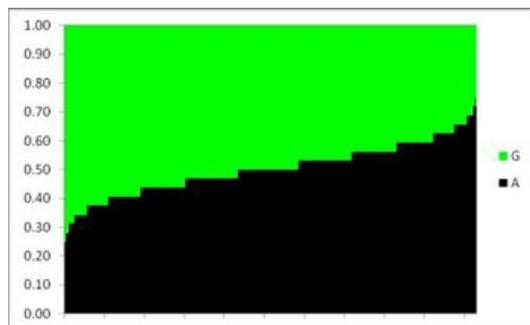


Figura 9. Curva de frecuencias alélicas para una población de 1ª generación compuesta de dieciséis hijos de la Figura 6.

Si agrupamos sus hijos para crear una curva de frecuencias alélicas a nivel de la población, conseguimos los resultados que observamos en las Figuras 7–9.

Veamos lo que sucede en las Figuras 7–9.²⁵ Al irse añadiendo más hijos a la población, la curva de frecuencias alélicas a nivel de población comienza a acercarse a la inicial línea plana de distribución de Adán (Figura 5). Si Adán y Eva pudieran haber tenido un millón de hijos, la curva resultaría perfectamente plana. Sin embargo, estuvieron limitados respecto al número de hijos y por ello las frecuencias alélicas *tenían* que derivar en la primera generación, donde la magnitud de la deriva dependía de la cantidad de hijos. Seguimos estando aún muy lejos de la distribución de HapMMap de la Figura 2, pero es un paso en la dirección correcta. Pero si añadimos nuevas mutaciones a la población con el paso del tiempo, se añadirán mutaciones de baja frecuencia a la curva, según está modelado en la Figura 10. Este es un paso adicional hacia la distribución de la Figura 2.

Modelado de la genética bíblica mediante ordenador

Al llegar a este punto, necesitamos algo más potente para modelar los cambios en las frecuencias alélicas en la historia humana bajo los parámetros bíblicos. Para ello, escribí un programa en lenguaje Perl que comienza con un fundador (Adán) y le asigna 1.000 alelos heterocigotos. Supongo que Eva es un clon²⁶ y le doy el mismo conjunto de variaciones. Cuando comienzan a tener hijos, a los hijos se les asigna un cónyuge después de llegar a una edad de madurez definida por el usuario. Los cónyuges se escogen aleatoriamente de entre todas las personas no casadas del sexo opuesto. Supongo matrimonio de por vida. También, a diferencia de muchos otros programas de modelado que usan generaciones separadas, yo uso generaciones parcialmente superpuestas. Así, una persona puede casarse con cualquier otra del sexo opuesto, con independencia de su edad (aunque una persona mayor no casada es improbable) o de su posición relacional (con la excepción de antecesores). Debido a que estoy siguiendo individuos, no promedios, hay una mayor exigencia de uso de memoria, de modo que el tamaño de población que puedo modelar es limitado. Sin embargo, esto me permite modelar algo que debería reflejar de manera más o menos aproximada la historia bíblica.

En este modelo de población hay tres parámetros principales, la edad de la madurez sexual (Y_m), la edad de la senescencia reproductiva (Y_s), y el espaciado entre hijos (Y_c). La combinación de los mismos controla la cantidad total de hijos por familia, y esto, a su vez, controla directamente la cantidad de deriva en las subsiguientes generaciones (Figura 11).



Figura 10. Igual que en la Figura 9, pero con nuevas mutaciones añadidas a los extremos de la distribución. Las mutaciones extra no tienen el propósito de modelar nada específico. Sin embargo, esta figura final en la serie sí que ilustra la tendencia general de la deriva genética (el cambio en las frecuencias alélicas mediante muestreo aleatorio de una generación a la siguiente), cómo es más dominante en la población pequeña inicial, y cómo nuevas mutaciones con el paso del tiempo afectan a la distribución de las frecuencias alélicas.

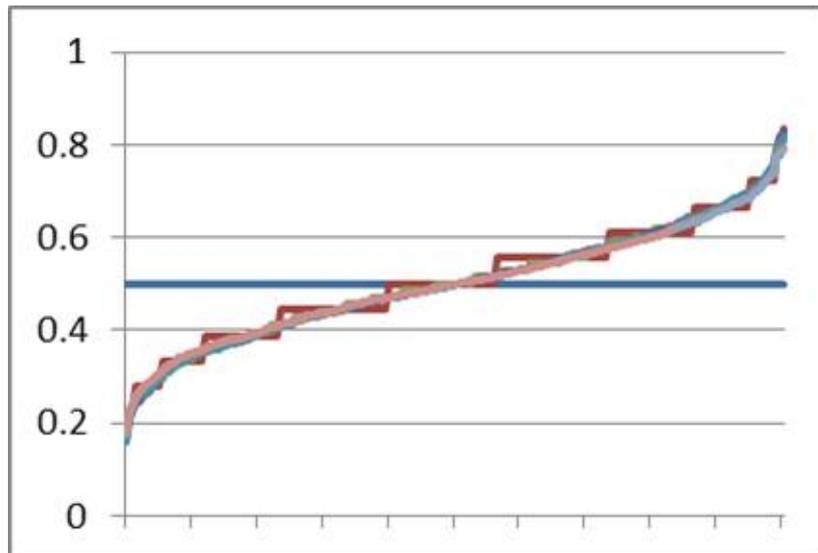


Figura 11. Cambios de la frecuencia alélica en una población que comienza con dos individuos. Las muestras se tomaron cada 100 años en una población con los siguientes parámetros: $Y_m = 50$; $Y_s = 350$ (basado aproximadamente en cifras procedentes de Génesis 5); $Y_c = 20$. Adán y Eva se encuentran en t_0 , representado por la línea horizontal en 0,5. Obsérvese que casi todo el cambio en la frecuencia alélica ocurre en los primeros 100 años. Una vez la población, en su crecimiento exponencial, alcanza un número algo superior a unos pocos cientos de individuos, la deriva cesa de manera efectiva. Esto es cierto con independencia de los ajustes iniciales de los principales parámetros. En esta marcha del modelo, había más de 100.000 personas después de 800 años, el límite de la memoria del ordenador.

Los modelos evolutivos cultivados por BioLogos y otros dependen de la deriva genética y de la selección natural para influir sobre las frecuencias alélicas. Debido a que la deriva ocurre con tanta lentitud en una población grande, se necesitan millones de años para explicar el espectro de la frecuencia alélica del hombre moderno. Pero el modelo bíblico comienza con la población más pequeña posible (dos individuos) y espera una rápida deriva en la población antediluviana. ¿Qué ocurriría en el Diluvio, algo más de un milenio y medio después, cuando la población del mundo quedó reducida a ocho personas, con sólo tres parejas reproductivas, de las que tres hombres eran hermanos? Usando los mismos parámetros que en la Figura 11, hice una marcha del modelo para simular 1.500 años de casamientos y nacimientos, deteniéndome cada 500 años para reducir la población a tres parejas fundadoras constituidas por tres hermanos (de padre y madre) y tres mujeres seleccionadas al azar de entre las mujeres solteras disponibles (Figura 12). En base de la Figura 11, yo sabía que la deriva se detendría efectivamente en cualquier población con crecimiento exponencial antes de los 500 años, de modo que esta parecía una estrategia adecuada.

¿Qué podemos aprender a partir de la Figura 12? Primero, como antes, que la deriva tiene lugar desde Adán y Eva (línea azul horizontal) hasta el primer muestreo a los 100 años (línea marrón quebrada) y casi no se detecta deriva 400 años después (línea verde continua). Después del año 500 aparece un cuello de botella. Cien años después, la población ha derivado aún más lejos (línea de color azul oscuro quebrada). De hecho, cada cuello de botella empuja la distribución de las frecuencias alélicas más y más cerca de la media moderna.

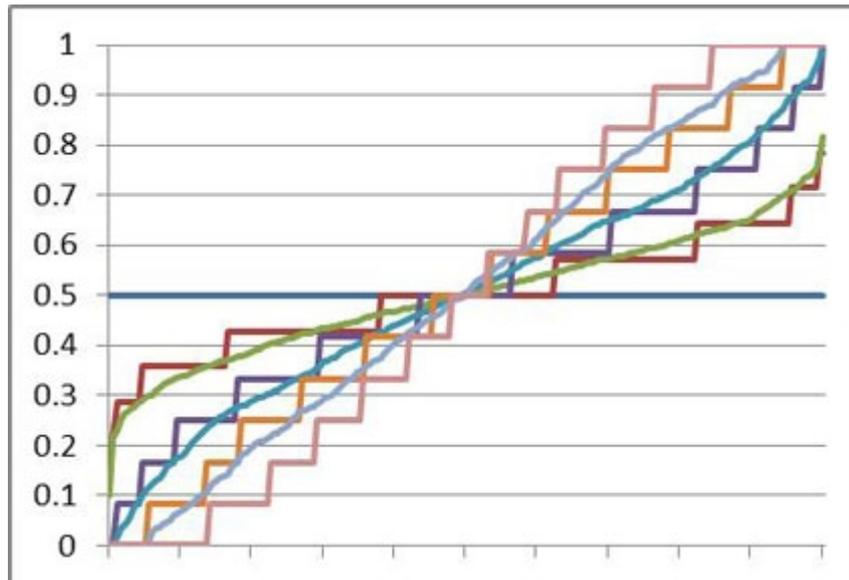


Figura 12. Marcha de un modelo con los mismos parámetros que en la Figura 11, pero con tres cuellos de botella repetitivos de la población a 500 años cada uno reiniciando con tres parejas, en las que los hombres son hermanos de padre y madre.

Se debe observar también que alguna cantidad de diversidad en Adán se pierde después de varios cuellos de botella. Las curvas finales tienen una cantidad significativa de alelos que son 100% A o 100% G, lo que significa que la variación inicial A/G en Adán se ha perdido. Los genetistas de poblaciones designan esto como «fijación», y este resultado fue una sorpresa para mí, por cuanto antes de esto yo no había considerado que alguna de la diversidad de Adán se hubiera podido perder de esta manera.

¿Es adecuado modelar sucesivos cuellos de botella de la población cuando la Biblia dice que sólo hubo uno? En realidad, sí, porque lo único importante es la historia de Noé y su familia. Mi modelo supone un emparejamiento al azar, pero esto es contrario a la historia y a la naturaleza humanas. Si hubo algún grado de consanguinidad (debido a la separación geográfica de la población antediluviana, a luchas entre clanes, a racismo o a esnobismo familiar, etc., etc.), habría probabilidad de deriva. Además, lo que aquí tenemos es un *modelo*. El propósito es exponer cuáles son las posibilidades y compararlas con lo que es probable, no hacer una declaración absoluta acerca de la historia. La conclusión es que los resultados son bien coherentes con la narración bíblica.

Análisis adicionales de HapMap

Hay varias otras maneras de analizar los datos de HapMap que nos podrían dar información histórica. En la Figura 13 comparo las frecuencias alélicas de 10.000 variantes A/G aleatoriamente seleccionadas dentro de las poblaciones CEU y YRI (individuos de la tribu Yoruba de África Occidental). La Figura 14 expone los intervalos de confianza del 95% de los mismos datos. Está claro que estas dos poblaciones procedieron de la misma población fuente, porque la frecuencia de cualquier alelo en una población es un predictor adecuado de la frecuencia de dicho alelo en la otra. También, el hecho de que cada alelo no tenga exactamente la misma frecuencia en ambas es un testimonio de la deriva genética en las poblaciones después de su separación, pero también de que no ha sucedido tanto tiempo que se eliminase el nexo común. Los evolucionistas aceptan esto también, y muchos presentan la teoría del origen en África como una explicación. Los múltiples cuellos de botella ocurridos en subpoblaciones cuando se dividieron los clanes en la Torre de Babel deberían ser la explicación creacionista.

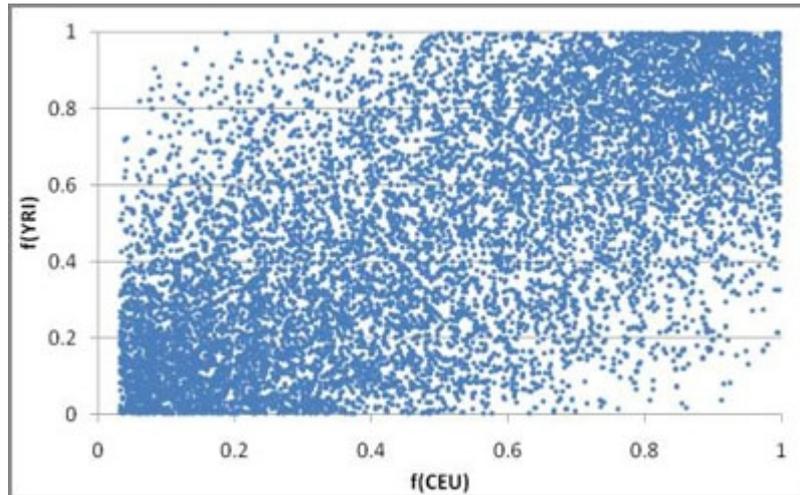


Figura 13. Frecuencias alélicas de 10.000 variantes A/G aleatoriamente seleccionadas, YRI frente a CEU.

Uno de los propósitos del proyecto HapMap era examinar la historia de la recombinación cromosómica en la historia humana. La razón por la que comencé a trabajar sobre estos datos era ver cuánto de los genomas originales de Adán y Eva se podría observar en los datos genéticos modernos. Pero todavía no he llegado a este análisis. Esto tendrá que ser el tema de posteriores exploraciones. Por ahora, podemos quedar satisfechos con diversos hechos en favor del modelo creacionista: 1) Hay lugares en el genoma humano que no se han recombinado en toda la historia humana. 2) No hay tantos bloques de recombinación como los predichos por la teoría de la evolución (esta es una razón de que tengan un cuello de botella en los escenarios de un origen africano). Y 3) entre dos y cuatro bloques de recombinación (p. ej., la cantidad que podría ajustarse en Adán y Eva) pueden explicar más del 95% de los datos por bloques disponibles. Un aspecto en favor de los evolucionistas es su argumento de que los bloques que se encuentran por todo el mundo son un mero subconjunto de los que se encuentran en el África subsahariana, pero esta aseveración precisa de un detallado análisis.

Diversidad creada frente a las mutaciones

Como se ha detallado más arriba, uno de los argumentos que se da desde *BioLogos* es que no ha habido suficiente tiempo para acumular las mutaciones que se encuentran en los humanos actuales si procedimos de Adán y Eva. Un corolario a esto es que no podríamos sobrevivir a esta clase de carga mutacional. Pero como he observado más arriba, esto significa suponer que Adán no tenía heterocigosidad, lo que es una mera suposición sin fundamento objetivo. ¿Cuánta diversidad creada podríamos suponer? Una manera de estimarla es contemplar la cantidad de alelos compartidos entre todas las poblaciones mundiales. En los datos de HapMap, cada alelo medido se encuentra en esta categoría. Cada uno de estos es además bialélico, es decir, tiene sólo dos letras alternativas (A o G, C o T, etc.). Parte de esto fue intencionado, porque los alelos de HapMap fueron cuidadosamente seleccionados, pero es una buena representación del estado de la diversidad genética humana en general: la mayor parte de la variación es bialélica y se puede encontrar en la mayor parte de las poblaciones. Así, en Babel debieron haber estado presentes bastante más de un millón de loci bialélicos heterocigotos. Estos debieran haber estado presentes en el Diluvio y en la Creación unas solas diez generaciones antes del mismo. Sin embargo, HapMap no midió cada alelo. Por cuanto la mayor parte de la diversidad genética conocida en la actualidad puede encontrarse en múltiples poblaciones en el mundo, la mayoría de la variación debió estar presente desde el principio.

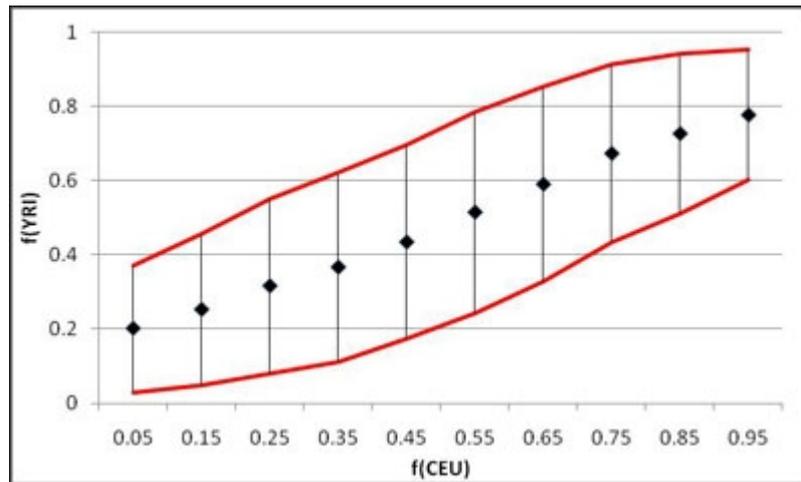


Figura 14. Intervalo de confianza del 95% para los datos en la Figura 13.

¿Es posible que una sola persona sea portadora de tanta diversidad? Realicé un análisis de los datos de HapMap para medir la cantidad de heterocigosidad dentro de los individuos de HapMap. Las diferencias a nivel poblacional eran ligeras, con una media global de $4,33 \pm 0,234 \times 10^5$ (\pm DE) alelos heterocigotos por persona. Así, aproximadamente el 30% de todos los alelos de HapMap son heterocigotos dentro de cada persona. Si hay 10 millones de variantes comunes, ¿se esperaría de un solo individuo que fuese portador de hasta tres o cuatro millones de alelos heterocigotos! Debido a que la mayoría de las personas son fenotípicamente normales, no hay reducción en la aptitud asociada con estos elevados niveles de heterocigosidad. ¿Por qué debería haber ninguna reducción si esta variación fue creada por Dios y diseñada en el genoma original? Mi expectativa es que Adán tenía alrededor de 10 millones o más de loci heterocigotos y que cada uno de sus hijos tenía la mitad de lo mismo.

Algunos alelos, no obstante, han sido añadidos a la población debido a mutaciones. ¿Cuánta de la diversidad genética se debe a las mutaciones? Dados los 10 millones de variaciones comunes en el genoma humano, hay muchas más variantes «privadas» y muy raras que ocurren en uno o unos pocos individuos en poblaciones específicas. Estas deberían ser mutaciones acaecidas desde el Diluvio y Babel. Con un tiempo medio de generación (moderna) de 30 años, ha habido sólo 150 o quizá hasta 200 generaciones en toda la historia de la humanidad. Si adoptamos una estimación moderna cautelosa de 100 nuevas mutaciones por persona y generación, esto nos da entre 15 a 20 mil mutaciones por persona. Esta es una enorme cantidad cuando se añade en toda la población humana, y la mayoría de ellas deberían ser simples (quizá sumando más que la cantidad inicialmente creada). Sin embargo, a nivel individual, se podría esperar que sólo una pequeña fracción (menos de un 0,01%) de la heterocigosidad se deba a mutaciones.

Conclusiones

No es lícito que desde *BioLogos* se afirme que no hay pruebas de Adán y Eva, y ello por varias razones. Primero, sus conclusiones se basan en supuestos evolucionistas. No se puede aseverar lícitamente que algo está demostrado sin poner a prueba las suposiciones subyacentes a la aserción. De otro modo sólo tenemos un razonamiento en círculos y una petición de principio, con el consiguiente rechazo de entrada de cualquier teoría alternativa, y ello además recurriendo a la tergiversación de la posición creacionista. Segundo, la mayoría de los datos concuerdan bien con el modelo bíblico directo, incluyendo una sola pareja inicial hace sólo 6.000 años. Aunque quedan algunas cuestiones por resolver con el modelo bíblico por lo que hace a los

datos disponibles, lo mismo puede decirse de *cada uno* de los modelos evolucionistas, de modo que no se puede concluir por ello que la Biblia queda invalidada por los datos disponibles. Se rumorea que Einstein dijo algo como sigue: «Mil experimentos no pueden demostrar que estoy en lo cierto. Un solo experimento me puede refutar». Esta es una [sana lógica](#). Francis Collins y *BioLogos* deberían seguir este consejo.

GLOSARIO

ADN mitocondrial - Es un material genético que aparece en las mitocondrias (representado como ADNmt/ADNm, o bien mtDNA/mDNA en inglés). Las mitocondrias son unos orgánulos que generan la energía para las funciones de la célula. El ADN de las mitocondrias se reproduce en el seno de las mismas cuando se divide la célula eucariota, aparte del ADN del núcleo.

Alelo - Cada una de las formas alternativas que puede tener un gen y que se diferencian en su secuencia y que se puede manifestar en modificaciones concretas de la función de dicho gen. Al ser la mayoría de los mamíferos diploides estos poseen dos cromosomas, uno de ellos procedente del padre y el otro de la madre. Cada par de alelos se ubica en igual locus o lugar del cromosoma.

Bialélico - Pertenece a ambos alelos; por ejemplo, los polimorfismos de nucleótido simple muestran dos formas alternas y son bialélicos.

Cuello de botella - Una drástica disminución de la cantidad de representantes de un grupo en algún momento del pasado, que pueden llegar al borde de la extinción. Una consecuencia es una escasa variabilidad genética y el cambio en la antigua proporción de los alelos. También se da una aceleración de la deriva genética, al darse una selección intensa de determinados caracteres que pasan a ser mayoritarios en los individuos supervivientes, mientras que otros menos favorables se reducen o desaparecen por completo.

Deriva genética - Cambios diversos que se introducen en el genoma de una población a lo largo de sucesivas generaciones. Véase también *Cuello de botella*.

Diploide - Que posee un doble juego de cromosomas homólogos, generalmente uno procedente del padre y otro de la madre. Casi todos los mamíferos son organismos diploides.

Fijación - En genética de poblaciones, fijación es el cambio en un determinado patrimonio genético desde una situación en la que existen al menos dos variantes de un gen determinado (alelo) a una situación en la que sólo queda uno de los alelos. Este término puede tener referencia a un gen en general o a una posición concreta de un nucleótido en la cadena de ADN (locus).

Frecuencia alélica - o frecuencia génica, es la proporción de todas las copias de un gen constituida por una variante génica concreta (alelo). En otras palabras, es la cantidad de copias de un alelo determinado dividida por la cantidad de copias de todos los alelos en el emplazamiento génico (locus) en una población. Se puede expresar como porcentaje.

Haploide - Que posee un único juego de cromosomas.

Heterocigoto - Un organismo diploide es heterocigoto en un locus génico cuando sus células contienen dos diferentes alelos de un gen.

Heterocigosidad - En genética de poblaciones el concepto de heterocigosidad se extiende comúnmente a la población como un todo, en el sentido de la fracción de individuos en una población que son heterocigotos para un locus determinado. Puede también referirse a la fracción de loci en un individuo que son heterocigotos.

Ligamiento - La tendencia de ciertos loci o alelos a ser heredados juntos. Los alelos ubicados en el mismo cromosoma tienden a mantenerse juntos durante la meiosis, y están por ello genéticamente ligados. La recombinación cromosómica durante la profase I de la meiosis previene que alelos originalmente ubicados en el mismo cromosoma permanezcan ligados de manera permanente.

Loci - Véase *Locus*.

Locus - En genética y computación genética, un *locus* (plural *loci*) es la ubicación específica de una secuencia de ADN en un cromosoma. Una variante de la secuencia de ADN en un locus determinado recibe el nombre de alelo. La lista ordenada de loci conocidos en un genoma determinado se llama mapa genético. La cartografía genética es el proceso de determinar el locus para determinados rasgos biológicos.

Polimorfismo - Término que se refiere a la existencia en una población de múltiples alelos de un gen. Así, un polimorfismo es una variación en la secuencia en una ubicación determinada del ADN entre los individuos de una población. Cuando la diferencia en secuencia codificante o reguladora en el ADN (genotipo) produce cambios importantes en la proteína o en el proceso de regulación de la expresión génica, pueden aparecer diferencias en la apariencia del organismo (diferentes fenotipos), como, por ejemplo, el color de los ojos.

Senescencia reproductiva - El final de la actividad reproductiva cíclica en los primates; no se reconoce en animales domésticos.

Transición - En genética, una transición es una mutación génica o puntual que cambia un nucleótido de purina a otra purina ($A \leftrightarrow G$) o un nucleótido de pirimidina a otra pirimidina ($C \leftrightarrow T$).

Transversión - En biología molecular, se refiere a la sustitución de una purina por una pirimidina o viceversa. Sólo puede invertirse por reversión espontánea. Este tipo de mutación cambia radicalmente la estructura química, y las consecuencias de este cambio suelen ser más drásticas que las de las transiciones. Las transversiones pueden ser causadas por radiación ionizante y agentes de alquilación.

Artículos relacionados (en inglés)

[Evolutionary syncretism: a critique of *Biologos*](#)

[Harmony and discord](#)

[Is there enough time in the Bible to account for all the human genetic diversity?](#)

[Adam, Eve and Noah vs Modern Genetics](#)

[The Neutral Model of evolution and recent African origins](#)

[Does Genetics Point to a Single Primal Couple?](#)

Lecturas adicionales (en inglés)

[Genetics Questions and Answers](#)

[Creation Compromises](#)

[Countering the Critics Questions and Answers](#)

Referencias

1. Por ejemplo, véase [Is there enough time in the Bible to account for all the human genetic diversity?](#)
2. [Evolutionary syncretism: a critique of *BioLogos*.](#)
3. [CMI's Statement of Faith.](#)
4. Véase la refutación de Lael Weinberger, [Harmony and discord, a review of The Language of God: A Scientist Presents Evidence for Belief by Francis S. Collins, *J. Creation* 21\(1\):33–37, 2007.](#)
5. The Search for the Historical Adam, *Christianity Today*, pp. 23–24, junio de 2011.
6. Francis Collins speaking at the Christian Scholars' Conference at Pepperdine University, 2011; véase [Noted scientist tackles question of religious faith, *Malibu Times*, 29 de junio de 2011.](#)
7. Haggerty, B.B., [Evangelicals question the existence of Adam and Eve](#), NPR, 9 de agosto de 2011.
8. Véase entrevista con Lael Weinberger, *Creation* 33(1):16–18, 2011.
9. Haggerty, B.B., [Evangelicals question the existence of Adam and Eve](#), NPR, 9 de agosto de 2011.
10. Dawkins, R., *The God Delusion*, p. 253, énfasis en el original, 2006. Véase [una crítica detallada](#).
11. Howard Condor entrevista a Richard Dawkins en Revelation TV, Feb 2011; <http://www.youtube.com/watch?v=Wfe4IUB9NTk>.
12. Batten, D., Catchpoole, D., Wieland, C., [Message Mania: Deciphering the human genome: what does it mean? *Creation* 23\(3\):16–19, 2001.](#)
13. [Astonishing DNA complexity update.](#)
14. Biswas, C., [Founder mutations: evidence for evolution? *Journal of Creation* 20\(2\):16–17, 2006.](#)
15. Nuestros cromosomas vienen en pares, con una copia procedente del padre y la otra de la madre. Adán y Eva no tuvieron padres, pero Collins presenta una perspectiva en la que supone, sin fundamento, que Adán tenía unos pares de cromosomas idénticos, y por ello ninguna variación inicial. Véase [Variation and natural selection versus evolution](#) en [Refuting Evolution](#).
16. [HapMap.org.](#)
17. Observemos que nuestros genomas tienen 3 mil millones de letras de ADN, y que cada una de nuestros cien billones de células (excluyendo los eritrocitos, que carecen de núcleo) es portadora de dos copias.
18. Las purinas son nucleótidos de doble anillo, y las pirimidinas son nucleótidos de anillo simple. Una transición es un intercambio purina-purina o pirimidina-pirimidina. Es más fácil conseguir una transición que una transversión, que implicaría un intercambio purina-pirimidina.
19. Es preciso considerar con cuidado el «ámbito de predicción» inherente en cualquier modelo o hipótesis. Diferentes modelos comportan diferentes restricciones, y se pueden extraer diferentes predicciones específicas de las mismas. Por ejemplo, el modelo bíblico demanda un cuello de botella genético asociado con el Diluvio de Noé. Se ha encontrado evidencia de un cuello de botella. El resultado es que los evolucionistas han añadido este cuello de botella a la hipótesis del origen africano, aunque no había ninguna predicción en el modelo evolucionista que demandase tal cuello de botella. Es coherente con la teoría, pero no es una predicción. Igualmente con los datos de alelos del HapMap de la Figura 1, el modelo creacionista no da una predicción específica en este caso.
20. Duque de Argyll, [A Great Lesson, *The Nineteenth Century* 22:308, septiembre de 1887.](#)

21. Véase también [Corals, genes and creation: Jonathan Sarfati chats with CMI's marine biologist and geneticist Dr Robert Carter](#), *Creation* **33**(1):53–55, 2010.
22. El equilibrio mutación-deriva es aquel punto teórico en el que las mutaciones entran en la población al mismo ritmo al que van siendo eliminadas por deriva genética.
23. Sanford, J., *et al.*, Mendel's Accountant: A biologically realistic forward-time population genetics program. *SCPE* **8**(2):147–165, 2007; <http://mendelsaccountant.info/>
24. Un soporte teológico para la teoría del clon es que la Biblia atribuye la Caída a Adán ([Romanos 5](#), [1 Corintios 15](#)), y nuestra redención a Jesús como el «pariente-redentor» ([Isaías 59:20](#)), quien por definición está relacionado por sangre con aquellos a los que redime. Es decir, todos los descendientes de Adán quedan afectados por la Caída, pero todos son susceptibles de redención debido a que Jesús, «el postrer Adán» ([1 Corintios 15:45](#)) es también descendiente de Adán ([Lucas 3](#)), y con ello nuestro pariente de sangre. Pero si Eva fuese genéticamente diferente, ¿hubiera estado realmente relacionada con bien el primer o postrer Adán? Con todo, CMI no mantiene una posición dogmática acerca de esto.
25. El estudioso interesado podrá observar que estas curvas siguen el Triángulo de Pascal, nivel = $n * 2 + 1$. Para un individuo solitario, la razón es 1:2:1 (nivel 3). Para dos individuos, la razón es 1:4:6:4:1 (nivel 5). Etc.
26. Con sólo el cromosoma «X» del par X-Y de Adán (varón) duplicado para resultar en un par X-X (hembra) para Eva.

© Copyright 2012 por CMI - Creation Ministries International, Howick, Auckland, Nueva Zelanda, para el original inglés
© Copyright por la traducción: Santiago Escuin 2012 - traducido y publicado con permiso de CMI

SEDM

Servicio Evangélico - Documentación - Información

Apartado 2002
08200 SABADELL
(Barcelona) ESPAÑA