

**ADÁN Y EVA.
UNA ANTROPOLOGÍA DARWINISTA**

**ADAM & EVE.
A DARWINIAN ANTHROPOLOGY**

Vicente CLARAMONTE SANZ
*Universitat de València**

RESUMEN: El artículo sugiere algunas observaciones sobre una antropología darwinista planteada a partir del conocimiento científico disponible. Al efecto, señala la importancia del estudio del genoma humano como fundamento de una reflexión filosófica de segundo grado sobre la naturaleza del ser humano, subrayando las grandes similitudes entre el *Homo sapiens* y las especies evolutivamente más próximas. Además, a partir del estudio del ADN mitocondrial y del cromosoma Y, centra la atención en el principio de coalescencia evolutiva entre seres humanos, gracias al cual es posible afirmar que todos ellos son miembros consanguíneos de un mismo linaje. Concluye proponiendo algunas inferencias que muestran analogía entre determinados *mythos* y el *logos* científico actual.

PALABRAS CLAVE: Filosofía de la Biología, antropología evolucionista, darwinismo.

ABSTRACT: This paper suggests some observations about a Darwinian Anthropology laid out as of available scientific knowledge. For this purpose, it points at human genome study significance to base a second-degree philosophical reflection about human being nature, underlining great similarity between *Homo sapiens* and close evolutionary species.

* Departamento de Filosofía, Unidad Docente de Lógica y Filosofía de la Ciencia: <vicente.claramonte@uv.es>.

Also, using mitochondrial ADN and Y chromosome study, focuses the evolutionary coalescence principle among human beings, because of whom is possible to support that all of them are consanguineous members of the same lineage. Finally, it proposes certain inferences showing analogy between some particular mythos and current scientific logos.

KEYWORDS: Philosophy of Biology, evolutionist anthropology, Darwinism.

1. Introducción

Si Immanuel Kant acertó al afirmar que la pregunta clave de una filosofía *in sensu cosmico* (Buber, 1949: 12) solo podía ser «¿Qué es el hombre?», en el siglo XXI su respuesta solo puede partir del conocimiento científico, aunque no deba limitarse al mismo. Los avances producidos durante las tres últimas décadas en Genética y Neurociencia, potenciados por el desarrollo exponencial alcanzado en las tecnologías de la información y comunicación, ofrecen un constante flujo cualitativo y cuantitativo de evidencia científica, inimaginable pocos años antes, acerca de la naturaleza humana y de su evolución biológica (Mosterín, 2006). Dicho flujo bien podría fundamentar y orientar las inferencias filosóficas pertinentes para configurar una nueva, robusta y precisa imagen de la humanidad. Al menos, hasta que el transhumanismo y el desarrollo tecnológico del ser humano (Diéguez, 2017) convierta la pregunta kantiana en una reliquia.

Curiosamente, la investigación científica en Antropología, desde la perspectiva de una epistemología evolucionista, ofrece coqueteos o analogías entre *mythos* y *logos* que podrían sorprender a cualquier filósofo e incluso exasperar al más acérrimo partidario del neopositivismo. Sin llegar a la radicalidad de la afirmación «todos los conceptos centrales de la teoría moderna del Estado son conceptos teológicos secularizados» (Schmitt, 2009: 37), sí quisiéramos rescatar en cierto significado la noción schmittiana de secularización para ilustrar cómo las técnicas actuales de investigación antropológica arrojan conclusiones que distan poco de constituir una suerte de versión laicizada de algunos mitos archiconocidos. La analogía entre su lógica subyacente y el *logos* científico actual sugiere la posibilidad de apreciar en el *mythos* una cierta aptitud como motor de inferencias y principio heurístico de la realidad.

2. La especie *Homo sapiens sapiens*

¿Cómo intentaría responder un científico al interrogante kantiano? Exploremos alguna argumentación plausible. Existe evidencia científica acerca de la elevadísima coincidencia genética entre el ser humano (*Homo sapiens sapiens*) y el chimpancé (*Pan troglodytes*) desde que los genetistas Mary King y Allan Wilson publicaron los resultados de una investigación que cambió de raíz el curso de la Antropología (1975). Pese a las rudimentarias técnicas comparativas de proteínas entonces disponibles, el estudio demostró que ambas especies son genéticamente idénticas al 99%. Dos décadas después, otros estudios confirmaron y ampliaron estos resultados, mostrando que ambas especies compartimos al menos el 98,5% del ADN. Estudios más recientes y detallados a partir de 10.000 bases del ADN basura del cromosoma X indican en las secuencias correspondientes una coincidencia del 99,06% (Davies, 2001: 228). En cambio, el ADN del chimpancé y el del gorila (*Gorilla gorilla*) sólo coinciden en un 97%. En otras palabras, y aunque quizás ello pueda no precisamente agradar a nuestro ego antropocéntrico, genéticamente un chimpancé se parece más a nosotros que a un gorila. Esta coincidencia genética entre ser humano y chimpancé es mayor que entre chimpancé y gorila porque nosotros y los chimpancés compartimos nuestro último ancestro común hace unos 5.000.000 de años, en un mismo y común ramal evolutivo del cual el gorila se separó hace unos 8.000.000; esos 3.000.000 de años más de evolución divergente entre chimpancé y gorila que entre chimpancé y humano han posibilitado un 2% más de diferencias genéticas respecto de los gorilas que respecto de nosotros. Además, la mayoría de diferencias en las secuencias de ser humano y chimpancé se dan en el ADN basura o no codificante de proteínas, el cual, si bien no carece de toda utilidad, como se pensaba hasta hace relativamente poco, no resulta tan decisivo como el codificante de proteínas para explicar las coincidencias o diferencias relevantes. Es más, aunque todavía no exista suficiente evidencia científica contrastada, algunos genetistas hipotetizan que las diferencias cognitivas entre humanos y chimpancés podrían reducirse a unos 50 genes (Wade, 1998).

La comparación entre los genomas del *Homo sapiens* y del resto de los primates arroja conclusiones similares en las elevadas afinidades indicadas. La principal diferencia entre el genoma del *sapiens* y el de los demás grandes monos antropomorfos —chimpancé, gorila y orangután (*Pongo*)— reside en el número de cromosomas, pues aquel contiene 23 pares mientras el genoma de estos últimos 24. Hace millones de años, ciertas mutaciones acaecidas en el genoma humano

provocaron que dos de los cromosomas todavía presentes en el de los restantes grandes monos antropomorfos se fusionaron en uno, convirtiéndose en lo que hoy es el cromosoma 2 del *sapiens* (Ijdo *et al.*, 1991). Salvo en esta fusión de dos cromosomas ancestrales en nuestro actual cromosoma 2, las diferencias visibles entre los genomas de *Pan*, *Gorilla* y *Pongo* respecto del *Homo* son muy escasas. Como se indicó, las mayores similitudes respecto del humano se dan en el chimpancé; en 13 pares de cromosomas no existe ninguna diferencia visible y en otros 5 prácticamente ninguna. Y si se elige al azar cualquier párrafo¹ del genoma del chimpancé y se coteja con el correspondiente del genoma humano, se comprobará que menos del 2% de las letras respectivas son diferentes. Así, a partir de las coincidencias genéticas observadas entre las distintas especies de primates, puede afirmarse que el *Homo sapiens* es un chimpancé con una aproximación mayor del 98% y el chimpancé es humano en idéntico porcentaje. Y que, tanto el chimpancé como el *Homo sapiens*, son gorilas en un 97%. Por ello, hay más semejanzas genéticas entre un *Homo sapiens* y un chimpancé que entre un chimpancé y un gorila en cada gen, secuencia de proteína y tramo de ADN. Ambas especies comparten todos los huesos, dientes, sustancias químicas y lóbulos cerebrales, así como todo componente de los sistemas inmune, digestivo, vascular, linfático y nervioso, entre otras semejanzas fisiológicas.

De hecho, las evidencias fósiles y genéticas corroboran que el ancestro constituyente del eslabón perdido del *Homo sapiens* fue muy probablemente una estirpe minoritaria que hace aproximadamente 5.000.000 de años se separó del chimpancé, cuya especie constituía entonces la estirpe principal. Esta inferencia parece consistente, pues el estudio de los genes respectivos muestra que la especie humana atravesó un angosto cuello de botella genético mucho más estrecho —nutrido por menos población— que el atravesado nunca por los chimpancés, y de ahí que haya mucha menos variabilidad aleatoria en el genoma humano que en el del chimpancé. Este mini grupo de simios aislados de la estirpe principal constituida por el chimpancé, al reproducirse endogámicamente y exponerse a las fuerzas del efecto fundador², terminó compartiendo una gran mutación, por la cual dos de los

¹ Ilustrativa analogía genético-lingüística propuesta por Matt Ridley (2000: 18); «Imagínese que el genoma es un libro. Hay veintitrés capítulos llamados CROMOSOMAS. Cada capítulo contiene varios miles de historias llamadas GENES. Cada historia está compuesta de párrafos llamados EXONES con anuncios intercalados llamados INTRONES. Cada párrafo está compuesto de palabras llamadas CODONES. Cada palabra está escrita con letras llamadas BASES»; mayúscula en el original.

² En Genética Evolutiva suele denominarse efecto fundador al resultado de la formación de una nueva población a partir de un número muy reducido de individuos. Las poblaciones

cromosomas de su genoma, antes separados, se unieron. Como consecuencia, entre los individuos del grupo de simios separados y los individuos de la estirpe principal devino estancamiento reproductiva —imposibilidad de reproducirse—, pues, dada la nueva incompatibilidad genética, las combinaciones entre los respectivos gametos dejaron de producir cigotos viables, y en lo sucesivo sólo pudieron procrear con su propia especie, incluso aunque después abandonaran el aislamiento. Con ello, la separación de la estirpe primigenia terminó consolidándose en auténtica diversidad específica, en una especie distinta, formada por especiación alopátrica, que constituyó el antepasado inmediato del *Homo sapiens*.

Si las coincidencias genéticas entre chimpancés y humanos son tan acusadas, cabe esperar lo sean todavía más entre los individuos en el seno de la propia especie *sapiens*. La diferencia típica media interna a nuestra especie es del 0,1%, es decir, de 1 de cada 1.000 «letras» o bases que componen una secuencia de ADN, e igual ocurre con más del 90% de las especies que habitan hoy día la Tierra (Stoeckle y Thaler, 2018). En otras palabras, todos los seres humanos somos genéticamente iguales al 99,9%. La variación genética humana —diferencia genética presente en las poblaciones humanas y entre ellas—, esa diversidad del 0,1% en el ADN, corresponde a caracteres neutros o irrelevantes, como el color de los ojos, el pelo o la piel, la forma y el tamaño del cráneo, el índice de masa corporal, la predisposición a ciertas enfermedades, etc.; mientras que, en los caracteres anatómicos, fisiológicos y metabólicos clave para la configuración y viabilidad de la especie, la coincidencia se da en un 99,9% del genoma humano, el conjunto de genes del *Homo sapiens*, la secuencia de ADN contenida en los 23 pares de cromosomas existentes en el núcleo de cada

con efecto fundador presentan baja diferenciación genética entre individuos, exceso de alelos raros y carencia de otros alelos comunes en la especie primigenia, pues la nueva población surge a partir de una muestra muy poco significativa, y por tanto no representativa de la diversidad genética original. Por razones geográficas, se produce con relativa frecuencia en especies de animales y plantas cuyos nichos ecológicos están enclavados en archipiélagos e islas oceánicas. Gracias al efecto fundador, he aquí el quid, el puro azar puede infundir grandes cambios en poblaciones pequeñas y en un lapso temporal relativamente corto en términos evolutivos. En la humanidad, ya en época histórica, han surgido distintas poblaciones a causa del efecto fundador, generalmente fruto del aislamiento de ciertos grupos étnicos por motivos de índole geográfico o cultural, como sucedió con la población finlandesa. Los amish constituyen uno de los casos más representativos. Esta exigua etnia menonita, afincada en Lancaster (Pensilvania), fue constituida en 1770 por 12 individuos, uno de los cuales portaba un gen, escasísimo en la población mundial, que en estado homocigótico —coincidencia de alelos idénticos de un gen respecto al mismo carácter— provoca una inusual combinación de enanismo y polidactilia. Una vez analizados todos los amish conocidos, resultó ser que un 13% porta o manifiesta dicho extraño gen, porcentaje comparativamente elevadísimo respecto al resto de la población mundial y explicable por el efecto fundador.

célula humana diploide³. De los 23 pares de cromosomas configuradores del genoma humano, 22 son cromosomas autosómicos y un par determina el sexo, por lo cual aparece con forma XX en mujeres y XY en varones (Ridley, 2000: 8). La secuencia de ADN constituyente del genoma humano contiene la información codificada necesaria para expresar el proteoma humano, el conjunto de las proteínas expresadas en una célula humana concreta bajo específicas condiciones medioambientales y de ciclo celular (Anderson y Anderson 1988); llanamente y sin tecnicismos, el conjunto de las proteínas del ser humano. El proteoma fundamenta la particular morfología y funcionalidad de cada célula, y en última instancia de cada especie, por ser la proteína, y no por sí mismo el ADN, la biomolécula crucial para los organismos vivos, pues posee las funciones estructurales, enzimáticas, metabólicas, reguladoras, de señalización, etc., indispensables para la vida celular y supracelular, y además cuenta con capacidad para organizarse en enormes redes funcionales interactivas. Así, el ADN está codificado en cada célula, y la organización estructural y funcional de las células mediante las proteínas conforma cada tejido, órgano y organismo en su conjunto.

Por ello, el genoma humano contiene la información básica necesaria para el desarrollo fisiológico completo de un ser humano. El Proyecto Genoma Humano, iniciado en 1990 para descifrar completamente el código genético contenido en los 23 pares de cromosomas humanos, concluyó en 2005 tras haberse secuenciado aproximadamente unos 28.000 genes. Sin embargo, la función exacta de la mayoría de las bases del genoma humano en gran medida sigue siendo aún desconocida. A tales efectos se abordó poco después el denominado Proyecto ENCODE⁴, cuya contribución permitió asignar funciones bioquímicas al 80 % del genoma, por lo cual ha proporcionado nuevos y valiosos conocimientos sobre la organización y regulación de los genes y del genoma, y se ha erigido en un recurso clave para el estudio de la Medicina y Biología humanas (ENCODE Project Consortium, 2007).

No parece descabellado considerar los resultados ofrecidos por la Biología Molecular a partir del estudio del ADN de la célula humana, parafraseando a Michael Foucault (1990), como la mayor excavación arqueológica y genealógica de la historia de la humanidad. Ahí radica la importancia del genoma

³ Las células diploides contienen dos series de cromosomas, mientras las haploides contienen una; las células somáticas son diploides, mientras los gametos, originados en las gónadas mediante meiosis de las células germinales, son haploides.

⁴ Acrónimo de *Encyclopedia of Dna Elements*.

humano y su decodificación, pues la secuencia del ADN se erige en auténtico criterio final de delimitación científica de la identidad del ser humano, para trazar una heurística que dote de significado a la idea de sujeto colectivo construida sobre el concepto empírico de especie humana. La secuenciación completa del genoma humano ofrece una fuente inagotable de conocimientos acerca de qué es ser humano, además de posibilitar incontables aplicaciones en materia de criminología, esclarecimiento de la historia de las naciones, reencontro de familias separadas por la fuerza, búsqueda de las raíces de civilizaciones remotas, migración de poblaciones humanas y obtención de pruebas inequívocas para mejorar la comprensión sobre el origen de la humanidad.

Por tales consideraciones, y sin riesgo de incurrir en exageraciones ni huerdo triunfalismo, podría decirse que la decodificación del genoma humano terminará aportando a medio y largo plazo más conocimiento científico sobre el origen, la evolución, la naturaleza y la mente de la especie humana que toda la actividad científica precedente. Con tal afirmación no pretendemos defender el reduccionismo frívolo de la antropología humana a una suerte de determinismo genético, coincidimos en que «hay mucho, mucho más en cada uno de nosotros que en un código genético» (Ridley, 2000: 17). Pero no es menos cierto que también mucho, mucho de lo que fuimos, somos y seremos, está escrito en nuestro código genético. Sin duda, en un futuro inmediato la profundización en su conocimiento revolucionará prácticamente todas las ciencias, y de ahí la conveniencia de plantear una reflexión sobre las consecuencias e implicaciones de la decodificación del acervo genético humano.

3. Eva mitocondrial y Adán cromosómico

Aunque la prueba más directa sobre el pasado de la especie humana se contenga en los restos fósiles estudiados por la Antropología clásica, los datos extraídos a partir de su estudio no son del todo concluyentes para resolver la cuestión del origen y la evolución de los humanos modernos, pues el registro fósil actual es incompleto y existen todavía muchas lagunas sobre las cuales la controversia entre la doctrina científica especialista persiste. En la década de los 80 del siglo XX, la Antropología Molecular amplió el campo de investigación hasta incluir el ADN, al comprobar que sus secuencias guardan un registro de la distinta experiencia evolutiva del ser humano considerado como especie, diversidad manifestada a nivel bioquímico mediante el polimorfismo molecular de los

ácidos nucleicos y las proteínas. El análisis de estos polimorfismos o variaciones genéticas, que convierten en único a cualquier miembro de la especie humana, contribuye a resolver la pregunta filosófica por el origen del hombre y permite determinar la proximidad o lejanía del linaje genético que media entre cada ser humano.

La mayoría de estudios de Antropología Molecular se basan en el análisis de dos cromosomas algo especiales que se heredan por vías complementarias, pues, por distintos motivos que se apuntarán *infra*, su análisis ofrece una formidable herramienta para esclarecer la historia de las poblaciones humanas y, en definitiva, para comprender el origen y la identidad del sujeto colectivo que constituye el ser humano considerado como especie.

3.1 Eva y el ADN mitocondrial

El fragmento de ADN humano del cual tenemos más información actualmente es un diminuto cromosoma circular localizado en las mitocondrias, los componentes celulares que producen trifosfato de adenosina⁵, un compuesto químico clave por servir de combustible a la célula. Durante la fecundación, cuando el más raudo espermatozoide triunfa y accede al óvulo para aportar sus cromosomas nucleares, las mitocondrias «ya no le sirven de nada, y se desprende de ellas junto con la cola» (Sykes, 2001: 65), por lo cual solo introduce en el óvulo su testa y su anejo paquete de ADN nuclear. Ya que los espermatozoides no aportan al cigoto mitocondrias durante la fecundación, las de todo individuo son de exclusiva procedencia materna, y por tanto el ADN mitocondrial (ADNm) proporciona un registro inequívoco de la matrilinea ascendente, pues procede íntegramente —sin recombinación parental— de la madre, el de la madre procede de su abuela, el de esta de su bisabuela, y así sucesivamente, siendo posible remontarse infaliblemente a cientos de generaciones atrás. Es decir, a diferencia de los 23 cromosomas heredados de cada progenitor, el ADNm no está expuesto a la reorganización e intercambio de material genético entre pares de cromosomas producidos antes de formarse los espermatozoides y los óvulos durante la meiosis. Las únicas fuentes de variación son las mutaciones acumuladas paulatinamente en la secuencia del ADNm. Así, comparando el número

⁵ O adenosín trifosfato, del inglés *adenosine triphosphate* y abreviado ATP.

de cambios presentes en la secuencia de distintas muestras de ADN y calculando el ritmo acumulativo de estas mutaciones, el antropólogo molecular puede precisar el grado de parentesco entre dos muestras cualesquiera y la fecha muy aproximada en la que empezaron a divergir.

La Genética Evolutiva, suele decirse, nació cuando Rebecca Cann, Mark Stoneking y Allan Wilson publicaron un artículo ya legendario que revolucionó la concepción de la evolución biológica humana (Cann *et al.*, 1987). Realizaron una comparación exhaustiva de las secuencias de ADNm de 147 personas representantes de 5 poblaciones geográficas distintas: africana, asiática, australiana, caucásica y neoguineana. Se centraron en el ADNm porque brinda tres ventajas a la investigación: la primera, ya indicada, se transmite por exclusiva vía matrilineal; segunda, acumula mutaciones hasta 20 veces más rápidamente que los genes nucleares, por lo cual el reloj molecular⁶, que posibilita calcular el paso del tiempo mediante el ADN, funciona más veloz y facilita gestionar el estudio y sus resultados; por último, en la llamada región de control del ADNm, las mutaciones son especialmente frecuentes, por carecer de códigos con instrucciones para una función bioquímica particular (Sykes, 2001: 66-67.)⁷. Según las mejores estimaciones, si dos personas tuvieron una antepasada común presentan en promedio una diferencia en las secuencias de sus regiones de control cada 10.000 años (Sykes, 2001: 86).

Establecida la metodología de investigación, pasemos al contenido. La hipótesis de Cann, Stoneking y Wilson se basa en el principio de coalescencia, propiedad de las entidades para unirse mediante vínculos materiales o inmateriales. En Biología Evolutiva, coalescencia supone, con análoga sublimación del concepto de ancestro, la existencia de un origen común a todo organismo, idea que fue ya intuida por Aristóteles (588b-589a)⁸. El quid del artículo citado fue un diagrama

⁶ El reloj molecular, técnica empleada para datar la divergencia entre dos especies, consiste en calcular el tiempo transcurrido a partir del número de diferencias dadas entre dos mismas secuencias de ADN de cada una. Constituye una herramienta muy útil, pues permite establecer con precisión las fechas de eventos filogenéticos no documentados por el registro fósil. *Vide* Zuckerkandl y Pauling, 1962; Sarich y Wilson, 1967; Kimura, 1968.

⁷ Si contuviera dichos códigos, muchas de las mutaciones afectarían al funcionamiento de las enzimas mitocondriales, dañándolas, con lo cual estas mitocondrias sobreviven con mucha dificultad y rara vez se transmiten a la siguiente generación, por lo que se extinguen poco a poco. En cambio, las mutaciones en la región de control no se eliminan, precisamente porque dicha región carece de función específica, y por ello son llamadas neutras.

⁸ Los X libros de *Historia de los animales*, en parte pseudoaristotélica, constituyen un tratado biológico tendente a mostrar la unidad dentro de la diversidad de seres en cuanto a órganos y funciones, y, en definitiva, a establecer que la anatomía y fisiología animal es sustancialmente una. El

en forma de herradura, fácilmente localizable en Internet, que agrupaba las muestras de ADNm en función de su relación mutua. Las secuencias formaban 2 grandes grupos, con las muestras africanas en uno y las de las 5 poblaciones en el otro, indicando que la secuencia más antigua procedía de África y que las poblaciones no africanas tenían múltiples orígenes. Por último, suponiendo que las mutaciones se produjeron a un ritmo constante de un 2% a un 4 % por cada millón de años, los investigadores llegaron a una conclusión sorprendente y espectacular. Todo el ADN mitocondrial analizado procedía de una única mujer que vivió hace unos 200.000 años, probablemente en África. Una «Eva africana» de la que derivaría toda la evolución humana. Ello no significa que en aquella época no existieran más mujeres; sí existían y engendraron sus propios y diferentes linajes. Pero de los linajes engendrados por la población coetánea, «sólo el linaje materno de Eva ha sobrevivido sin interrupción hasta la actualidad. Los demás se extinguieron» (Sykes, 2001: 276). Otra investigación basada en el reloj molecular, pero realizada con tecnología más precisa y un muestreo más exhaustivo —la secuencia íntegra del ADNm de 2.000 personas oriundas de todo el planeta—, confirmó las conclusiones del pionero estudio de 1987 (Soares, *et al.*, 2009). Así, la Eva mitocondrial africana constituye la raíz en la cual convergen todos los linajes maternos de los aproximadamente 7.831.772.000 de habitantes del mundo actual⁹. Tal vez la ciencia no pueda ni deba asumir la tarea de elucidar si «Todos somos hijos de Dios», pero parece haber mostrado ya que «Todos somos hijos de Eva», de la Eva mitocondrial africana.

Siguiendo esta línea de investigación, Svante Pääbo (1999) demostró después que las primeras divergencias en el actual fondo de genes mitocondriales se produjeron en África; por tanto, no todos los linajes mitocondriales participaron en la colonización del resto del mundo, solo algunos. Tras ello, Douglas Wallace *et al.* (1999), tras catalogar sistemáticamente la diversidad del ADNm de las poblaciones mundiales, cosechó otro fructífero desarrollo: sus resultados

Estagirita concebía *bios* como un conjunto unitario, clasificándolo por tipos naturales o especies, jerarquizados en una *scala naturae* que asciende desde lo simple, con gusanos y moscas en el plano inferior, a lo complejo, con el ser humano en la cúspide. Tras la refutación de la teoría de la herencia de los caracteres adquiridos (Lamarck) por la teoría de la evolución de las especies por selección natural (Darwin), el icono de la *scala naturae* o cadena jerárquica del ser vivo ya no se considera adecuadamente expresivo de la filogenia entre especies y se prefiere el árbol ramificado, árbol filogenético o cladograma.

⁹ Redondeo de cifra registrada el 24 de noviembre de 2020 a las 12:27 h. a partir de la fuente *Population Matters*, disponible en <<http://populationmatters.org/>>, donde puede apreciarse cómo aumenta a cada segundo.

indican que la Eva africana tuvo 18 «hijas» (Sykes, 2001: 202)¹⁰, cada cual con una secuencia de ADN_m distinta que se extendió a diversas regiones del mundo. Wallace y su equipo etiquetaron uno tras otro cada linaje de ADN_m con una letra mayúscula por orden alfabético, terminando por establecer 4 grandes conjuntos con las siguientes correspondencias:

- 1) A-D: indios americanos.
- 2) H-K y T-X: 7 linajes europeos, integrados en 2 grandes grupos.
- 3) M: linaje ancestral asiático, escindido después en 2 grupos, E-G y A-D.
- 4) L: linaje africano principal, y sus 3 subsidiarios, L1, L2 y L3.

Posteriormente, Wallace intentó esclarecer la antigüedad del ADN_m africano actual, a cuyo efecto comparó su secuencia completa en una muestra de 74 individuos de lengua *khasian* del noroeste del desierto del Kalahari, en el sur de África (Chen *et al.*, 2000). Los resultados demostraron que dicha población es una de las más antiguas de África, y confirmaron los estudios precedentes en que la antigüedad del ADN_m africano se remonta a unos 150.000 años. Circunstancia a su vez consistente con el elevado porcentaje de linajes africanos en el total, pues, de los 33 linajes identificados en todo el mundo, 13 proceden de África (Sykes, 2001: 274), es decir, el 40% de los linajes matrilineales existentes. El *Homo sapiens* ha poblado desde hace más tiempo África que ningún otro lugar en el planeta Tierra, y de ahí que en África el reloj molecular acumule más cambios en las secuencias genéticas del genoma humano que por doquier. Así, las raíces genéticas en linajes de seres humanos son «más de cien mil años anteriores a la formación de clasificaciones tribales y de otro tipo» (Sykes, 2001: 276), incluyendo, nos gustaría añadir y subrayar, la precedencia de esta coalescencia natural basada en el vínculo genético

¹⁰ Esto es, descendientes de la Eva africana y además madres de linaje. Madre de linaje es la antepasada común más reciente a todos sus miembros. Para ello debe cumplir la condición de haber tenido al menos 2 hijas; si nos remontamos generación tras generación en un linaje dado, llega un momento en que las líneas consanguíneas ascendentes convergen siempre en dos mujeres, cuya madre sería la única antepasada común a todos los miembros del linaje, y además la más reciente —su abuela sería también antepasada común a todos, pero no la más reciente—.

respecto a la división cultural en etnias, pueblos, tribus, clanes, familias, clases sociales, naciones, países, Estados, etc. En otras palabras, solo mucho después, vino la cultura a difuminar los estrechos vínculos de natura en la humanidad.

Ahondando en el estudio del equipo de Cann, Stoneking y Wilson, pero conjugándolo con una ingeniosa síntesis de los resultados logrados merced a la catalogación sistemática del ADNm de las poblaciones mundiales de Wallace *et al.*, el genetista Bryan Sykes (2001) logró después aplicar la Genética Molecular humana para elucidar las migraciones poblacionales en todo el orbe. Tras secuenciar 500 bases de ADNm pertenecientes a 6.000 donantes del continente europeo, clasificó las secuencias en 7 grupos bien definidos, los mismos haplotipos¹¹ europeos designados por el estudio de Wallace con las iniciales H-K y T-X, denominando «las siete hijas de Eva» a este conjunto de madres afortunadas por su *fitness* genético-adaptativa, y bautizando a cada una de ellas con un nombre propio. Listándolas por orden de antigüedad, obtendríamos el siguiente diagrama.

¹¹ En Genética, se entiende por haplotipo (del griego ἀπλοῦς, *haploús*, «simple») la constitución alélica de múltiples *loci* o posiciones fijas para un mismo cromosoma. Dada la alta variabilidad alélica en genomas complejos como el humano, la probabilidad de un haplotipo idéntico en 2 individuos no emparentados entre sí es casi 0, y por ello su estudio es tan útil para determinar la relación génica entre individuos.

NOMBRE	± AÑOS	ORIGEN	% ADN _m EUROPEO	EXPANSIÓN
Úrsula	45.000	norte de Grecia	11%	Oeste y Sur de Europa hasta Francia y Gran Bretaña
Xenia	25.000	<i>circa</i> mar Negro	5%	noreste de Europa hacia el estrecho de Bering
Tara	17.000	Toscana	9%	Norte de Europa hasta Francia, Gran Bretaña e Irlanda
Helena	17.000	<i>circa</i> Pirineos	47%	toda Europa
Velda	17.000	península Ibérica ¹²	5%	Norte de Europa hasta Escandinavia y Laponia
Katrine	10.000	<i>circa</i> Venecia	6%	<i>circa</i> Alpes
Jasmine	10.000	Siria	17%	Oeste de Europa hasta Gran Bretaña y mar Báltico

Tabla 1. Linajes europeos descendientes de la Eva ADN_m africana. Fuente: Sykes, 2001.

¹² Según el Diccionario Panhispánico de Dudas (artículo «Mayúsculas», punto 4.7, § 2º), «El hecho de escribir Península Ibérica con mayúsculas se debe a que con esta expresión nos referimos a una entidad de carácter histórico-político, y no a un mero accidente geográfico»; cursiva en el original. No obstante, al aludir a una entidad que hace 17.000 años carecía de índole histórico-política, hemos preferido aplicar a la palabra «península» el criterio ortográfico en minúscula propio de las entidades geográficas.

3.2 Adán y el cromosoma Y

El otro método principal en el estudio de la evolución humana consiste en analizar las bases del cromosoma Y, uno de los cromosomas sexuales —gonosomas o heterocromosomas— de las especies animales heterogámicas, y entre los mamíferos como el *sapiens* solo aparece en los machos. Los estudios filogenéticos han demostrado que el cromosoma Y es una mutación del cromosoma X, siendo este evolutivamente muy anterior. David Page y Bruce Lahn (1997) reconstruyeron el periplo evolutivo trazado por el cromosoma Y en los mamíferos durante los últimos 300.000.000 de años, con el cual un cromosoma X antes bien dotado se transformó en otro más bien esmirriado con apenas 30 genes, si bien algunos de ellos son cruciales, como el gen SRY —*Sex-determining Region Y*, activador de la determinación del sexo masculino—, y una familia de genes necesarios para desarrollar los espermatozoides. Fruto de dicha transformación, durante millones de años el cromosoma Y ha estado sometido a oleadas de reestructuraciones y supresiones conforme los genes innecesarios fueron desechados. Por ello, la similitud primigenia entre los cromosomas X e Y se ha difuminado tanto que «ya no pueden intercambiar material durante la meiosis, salvo en dos pequeñas regiones de los extremos» (Davies, 2001: 234). Así, las únicas fuentes clave de variación en el cromosoma Y son las mutaciones surgidas en tales regiones, lo cual, mediante la identificación de segmentos específicos de ADN propensos a la variación, permite comparar la pauta de cambio de estas secuencias haploides para construir una imagen evolutiva de la ascendencia paterna.

Por tanto, en una especie mamífera como el *sapiens*, el cromosoma Y es responsable de transmitir el gen que determina el sexo masculino, pues solo pasa de padres a hijos varones. El 50% de los espermatozoides de todo varón contiene una copia del cromosoma Y en el gen SRY, mientras el otro 50% de sus espermatozoides contiene una copia del cromosoma X. Solo este gen SRY activa genes de otros cromosomas inhibitorios del desarrollo de ovarios e inductores del crecimiento de testículos y la producción de la hormona masculina testosterona. Por tanto, el género masculino o femenino del *nasciturus* depende en exclusiva de si el espermatozoide a la postre victorioso en la pugna por fecundar el óvulo materno contiene un cromosoma Y, en cuyo caso nace niño, o bien un cromosoma X, en cuyo caso nace niña. Así, a despecho de los castigos de diversa índole que monarcas y señores feudales infligían a sus esposas cuando no parían hijos varones, «la mujer no influye de ningún modo en el sexo del hijo» (Sykes, 2001: 192).

El análisis de las variaciones del cromosoma Y ha ilustrado la transmisión de genes por vía paterna, complementando el estudio del ADNm materno y, en líneas generales, corroborando sus conclusiones con resultados casi idénticos (Pääbo, 1993). Varios estudios realizados empleando marcadores en el cromosoma Y señalan como resultado la coincidencia de lugar y fecha para el primer antepasado común; África y hace unos 200.000 años. Aunque, al parecer, el Adán del cromosoma Y vivió algo después que la Eva mitocondrial (Cavalli-Sforza, 2000: 132-136). Tras la posterior identificación de muchos marcadores variables de ADN en el cromosoma Y, se han rastreado las migraciones prehistóricas de las poblaciones humanas, comparando las variaciones del ADNm y las del cromosoma Y (Davies, 2001: 240) y obteniendo conclusiones sorprendentes sobre los hábitos migratorios considerados desde una perspectiva de género. Entre las poblaciones, se da un grado de variación mucho mayor en los marcadores del cromosoma Y que en el ADNm (Cavalli-Sforza, 1998). La explicación más plausible propuesta al efecto hasta ahora parece estar en la patrilocalidad, por la cual las mujeres tienden a viajar más para vincularse conyugalmente, con la consiguiente mayor dispersión de la variación del ADNm entre las poblaciones. Aunque en épocas ya históricas la práctica de la conquista territorial, las deportaciones de población, la esclavitud y el secuestro individual o masivo de mujeres han constituido prácticas constantes, el análisis de las secuencias genéticas indican que «si los hombres han viajado mucho en busca de una mujer (o dos) durante los últimos milenios, lo más probable era que se las llevaran de vuelta a casa» (Davies, 2001: 240).

La coincidencia básica entre los resultados de las secuencias del ADNm y del cromosoma Y respecto de la población europea fue confirmada por un estudio realizado mediante una amplia colaboración entre científicos europeos y estadounidenses (Semino *et al.*, 2000). Tras examinar completamente los cromosomas Y de 1.007 varones de 25 lugares diferentes de Europa y Oriente Medio y clasificar 10 linajes masculinos de cromosomas Y, frente a los 7 linajes femeninos de ADNm, los resultados del equipo liderado por Cavalli-Sforza coincidieron básicamente con los obtenidos 4 años antes por Sykes: en la población europea, el fondo génico tiene aproximadamente un 80% de ascendencia paleolítica y un 20% de ascendencia neolítica. El ADNm y el cromosoma Y desvelaban un relato coincidente, «la historia de los hombres concordaba con la historia de las mujeres» (Sykes, 2001: 199). Relato en que la Eva mitocondrial vivió poco antes que el Adán cromosómico, y los aguerridos cazadores-recolectores del Paleolítico aportaron 4/5 partes del *pool* o acervo génico de los europeos, mientras los sedentarios agricultores neolíticos aportaron 1/5 parte. Los 7 grupos genéticos europeos principales se remontan en el

pasado entre unos 10.000 y 45.000 años, y pertenece a alguno de ellos más del 95% de los nativos europeos modernos (Sykes, 2001: 201). Subrayaremos otros dos datos de interés. Primero, los resultados del estudio de Cavalli-Sforza y su equipo demuestran que entre individuos de una raza dada existe cerca de un 80% más de variación genética que entre individuos de poblaciones diferentes. Segundo, el equipo de Pääbo ha hallado que en un grupo de 70 humanos no emparentados entre sí y pertenecientes a poblaciones diferentes existe 4 veces menos diversidad en la secuencia genética que en las 3 subespecies de chimpancé común (Kaessmann *et al.*, 1999). Ambos datos apoyan la tesis de que la variación genética del hombre anatómicamente moderno es mayoritariamente anterior a su diáspora *out of Africa* y a la evolución de etnias, grupos raciales o poblaciones, y que «los humanos han evolucionado hace relativamente poco a partir de una pequeña población inicial formada por unas 1.000 personas que vivieron en África hace unos 200.000 años» (Davies, 2001: 240).

Por último, otras 3 evidencias obtenidas mediante la secuenciación del cromosoma Y apoyan la coalescencia inherente a la humanidad.

1^a. La población japonesa. Es una mezcla del antiguo pueblo Jomon, cazadores-recolectores cuyo origen se remonta a unos 10.000 años, y la cultura Yayoi, agricultores neolíticos que llegaron a la geografía de Japón hace unos 2.300 años (Hammer y Horai, 1995).

2^a. La población judía. El estudio correspondiente analizó marcadores del cromosoma Y correspondientes a 300 miembros de la etnia judía, incluyendo más de 100 *cobanim*¹³, y halló que el 50% de los sacerdotes compartía la firma genética, frente a menos del 5% en la población judía seglar (Skorecki *et. al.*, 1997). Además, aportó evidencia genética para establecer que el origen de este cromosoma se remonta a unos 3.000 años, en concordancia con el relato bíblico y con la tradición oral hebrea.

3^a. Los llamados «judíos negros de Sudáfrica». El estudio indagó los relatos de los Lemba, tribu bantú formada por unas 50.000 personas habitantes de Sudáfrica y Zimbabue que lleva siglos reivindicando ser una de las tribus perdidas

¹³ La tradición de transmisión endogámica padre-hijo en los *cobanim* ha proseguido incólume durante unos tres milenios hasta la actualidad, y explica el elevadísimo porcentaje de coincidencia en las secuencias genéticas de los sacerdotes judíos entre sí en comparación con la población seglar.

de Israel (Parfitt, 2000). El resultado de la investigación fue concluyente: una proporción muy elevada de los cromosomas Y de los Lemba lleva la firma genética propia de los *cohanim*, incluyendo más del 50 % de los Buba, uno de los 12 clanes tribales internos de los Lemba.

4. Conclusiones

La Genética permite demostrar que todos los seres humanos vivos en la actualidad son descendientes de una misma mujer y un mismo hombre que habitaron África hace unos 200.000 años, ella poco antes que él. El resto de linajes se extinguieron. *Ergo*, sin necesidad de recurrir a la fe, existe evidencia científica para afirmar, parafraseando la obra de Mahatma Gandhi (2005), que *Todos los hombres son hermanos*. Por mor del principio de coalescencia antropológica, es solo cuestión de tiempo, de cuán atrás nos remontemos en el ancestro común, para que la consanguinidad y el parentesco colateral característico de la hermandad sea un hecho material. En otras palabras: la humanidad es una gran familia natural diversificada históricamente por taxones culturales. La naturaleza nos hizo hermanos y casi idénticos, y es luego la cultura, mediante hitos estructurales del *Geist* que jalonan la historia evolutiva humana como la competencia por recursos limitados, la división del trabajo, la propiedad privada, la familia socialmente institucionalizada, la herencia, las jerarquías y clases sociales, el Derecho, el Estado, etc., la que vino a desdibujar tales circunstancias. Pero, además, la evidencia científica disponible sobre la cuasi identidad genética (99,9%) entre todos los congéneres de nuestra especie constituye la premisa para considerar la igualdad y la fraternidad como algo más que meras ideas fruto de la historia cultural humana. Si por igualdad entendemos «conformidad de algo con otra cosa en naturaleza, forma, calidad o cantidad»¹⁴ y por fraternidad entendemos «amistad o afecto entre hermanos o entre quienes se tratan como tales»¹⁵, entonces el estudio del genoma humano muestra cómo la igualdad y fraternidad, además de representaciones intelectuales, son también realidades materiales subyacentes a la historia evolutiva humana. Igualdad y fraternidad integran consustancialmente la idiosincrasia del ser humano previamente a cualquier instancia política atributiva. En la historia evolutiva humana, son anteriores a la *polis*, al *ethos* y al *ius*, lo cual vale tanto como afirmar su carácter previo a la Política, la Ética o el Derecho. Al igual que ningún

¹⁴ Diccionario de la Lengua, Real Academia Española, entrada “igualdad”, acepción 1.

¹⁵ *Ibidem*, entrada “fraternidad”.

ordenamiento jurídico respetuoso de los derechos humanos predica la *atribución* de dignidad a la persona sino su *reconocimiento* —precisamente por ser prepolítica, preética y prejurídica—, la igualdad y fraternidad entre seres humanos inferidas a partir del estudio y la comprensión del genoma van mucho más allá del producto cultural que significa una idea y no requieren atribución política, ética ni jurídica, por cuanto emanan de la naturaleza y pueden explicarse por causalidad natural. Al engendrarnos en fraterna igualdad, paradójicamente, Adán y Eva no precisaron deidad ni apenas cultura.

Bibliografía

- ANDERSON, N. Y ANDERSON N. (1988). “Proteome and proteomics: new technologies, new concepts, and new words”. *Electrophoresis*, 19(11), 1853-1861.
- ARISTÓTELES (1990). *Historia de los animales*. Madrid: Akal.
- BUBER, M. (1949). *¿Qué es el hombre?* México DF: Fondo de Cultura Económica.
- CANN, R. *et al.* (1987). “Mitochondrial DNA and human evolution”. *Nature*, 325(6099), 31-36.
- CAVALLI-SFORZA, L. (2000). *Genes, pueblos y lenguas*. Barcelona: Crítica.
- CAVALLI-SFORZA, L. *et. al* (1998). “Genetic Evidence for a Higher Female Migration Rate”. *Nature Genetics*, 20, 278-280.
- CHEN, Y. *et al.* (2000). “mtDNA variation in the South Africa Kung and Khwe and Their Genetic Relationships to Other African Populations”. *American Journal of Human Genetics*, 66, 1362-1383.
- DAVIES, K. (2001). *La conquista del genoma humano*. Barcelona: Paidós.
- DIÉGUEZ, A. (2017). *Transhumanismo. La búsqueda tecnológica del mejoramiento humano*. Barcelona: Herder.
- ENCODE Project Consortium (2007). “Identification and analysis of functional elements in 1 % of the human genome by the ENCODE pilot project”. *Nature*, 447(7146), 799-816.
- FOUCAULT, M. (1990). “Qu’est-ce que la Critique?”. *Bulletin de la Société Française de Philosophie*, 84(2), 35-63.
- GANDHI, M. (2005). *Todos los hombres son hermanos*. Salamanca: Sígueme.

- HAMMER, M. Y HORAI, S. (1995). "Y Chromosomal DNA Variation and de Peopling of Japan". *American Journal of Human Genetics*, 56, 951-962.
- IJDO, J. *et al.* (1991). "Origin of human chromosome 2: an ancestral telomere-telomere fusion". *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 88(20), 9051-9055.
- KAESSMANN, H. *et al.* (1999). "DNA Sequence Variation in a Non-Coding Region of Low Recombination on The Human X Chromosome". *Nature Genetics*, 22, 78-81.
- KIMURA, M. (1968). "Evolutionary Rate at the Molecular Level". *Nature*, 217, 624-626.
- KING, M. Y WILSON, A. (1975). "Evolution at Two Levels in Humans and Chimpanzees". *Science*, 188, 107-116.
- MOSTERÍN, J. (2006). *La naturaleza humana*. Madrid: Espasa Calpe.
- LAHN, B. Y PAGE, D. (1997). "Functional Coherence of the Y Chromosome". *Science*, 278, 675-680.
- PÄÄBO, S. (1993). "Ancient DNA". *Scientific American*, 269(5), 86-92.
- (1999). "Human Evolution". *Trends in Genetics*, 15, M13-M16.
- PARFITT, T. (2000). *Journey to the Vanished City*. Nueva York: Vintage.
- REAL ACADEMIA ESPAÑOLA (2020). *Diccionario de la Lengua*. Madrid: Espasa Calpe.
- (2020). *Diccionario Panhispánico de Dudas*. Madrid: Espasa Calpe.
- RIDLEY, M. (2000). *Genoma. La autobiografía de una especie en 23 capítulos*. Madrid: Taurus.
- SARICH, V. Y WILSON, A. (1967). "Immunological time scale for hominid evolution". *Science*, 158, 1200-1203.
- SCHMITT, C. (2009). *Teología política*. Madrid: Trotta.
- SEMINO, O. *et al.* (2000). "The genetic legacy of Paleolithic *Homo sapiens sapiens* in extant Europeans: a Y chromosome perspective". *Science*, 290(5494), 1155-1159.
- SKORECKI *et al.* (1997). "Y Chromosomes of Jewish Priests". *Nature*, 385, 32.
- SOARES, P. *et al.* (2009). "Correcting for Purifying Selection: An Improved Human Mitochondrial Molecular Clock". *Cell Press*, 84(6), 740-759.
- STOECKLE, M. Y THALER, D. (2018). "Why should mitochondria define species?". *Human Evolution*, 33(1-2), 1-30.

- SYKES, B. (2001). *Las siete hijas de Eva*. Madrid: Debate.
- WADE, N. (1998). "Human or Chimp? 50 Genes Are de Key". *New York Times*, 20 de octubre.
- WALLACE, D. *et al.* (1999). "Mitochondrial DNA Variation in Evolution and Disease". *Gene*, 238, 211-230.
- ZUCKERKANDL, E., Y PAULING, L. (1962). "Molecular disease, evolution, and genetic heterogeneity". En Kasha, M. y Pullman, B. (eds.), *Horizons in Biochemistry*, 189-225.

Recibido: 27/10/2020

Aceptado: 19/11/2020



Este trabajo se encuentra bajo una licencia de Creative Commons Reconocimiento-NoComercial-SinObraDerivada 4.0