

Capítulo 6

LA TEORÍA DE LA EVOLUCIÓN BIOLÓGICA Y SU EVIDENCIA BIOMOLECULAR

6.0 Introducción

La evolución biológica se ha ido implantando científicamente, a partir de la obra de Charles Darwin, *Sobre el origen de las especies mediante la selección natural* (1859). Comencemos recordando cómo definía Darwin mismo esta **selección natural**, en paralelo con nuestra selección artificial:

CHARLES DARWIN, “La selección natural” (1859)

Dado que se producen más individuos de los que pueden sobrevivir, tiene que haber en cada caso una lucha por la existencia, ya sea de un individuo con otro de su misma especie o con individuos de especies distintas, ya sea con las condiciones físicas de la vida ... Viendo que indudablemente se han presentado variaciones útiles al hombre, ¿puede acaso dudarse de que de la misma manera aparezcan otras que sean útiles a los organismos mismos, en su grande y compleja batalla por la vida, en el transcurso de las generaciones? Si esto ocurre, ¿podemos dudar –recordando que nacen muchos más individuos de los que acaso pueden sobrevivir– que los individuos que tienen ventaja, por ligera que sea, sobre otros tendrán más probabilidades de sobrevivir y reproducir su especie? Y al contrario, podemos estar seguros de que toda variación perjudicial, por poco que lo sea, será rigurosamente eliminada. Esta conservación de las diferencias favorables de los individuos y la destrucción de las que son perjudiciales es lo que yo he llamado *selección natural*.

Divulgaremos cómo también en este campo entran en juego diversos cuadros teóricos, que recientemente nos han aportado un riquísimo material empírico. Vamos a presentarlos también en forma histórica, insistiendo en su contrastación experimental (§6.1 y §6.2). Reproduciremos también sendas tablas cronológicas aproximadas de las efemérides más importantes en la historia de la vida y de la hominización (§6.3). Concluiremos proponiendo unas primeras reflexiones filosóficas (§6.4).¹

¹ Reproduciremos algunos fragmentos de DONCEL 2000b, que están fuertemente inspirados en el excelente tercer volumen del diálogo teología-ciencias organizado por el CTNS y el VO, RUSSELL *et al.* 1998, especialmente para la presentación científica en el artículo de Francisco Ayala “The Evolution of Life: An Overview”, *ibídem*, pp. 21-57. Como bibliografía complementaria en castellano recomendamos vivamente AYALA 1994 y 1999.

6.1 Los cuadros teóricos de la evolución

Distinguiremos tres grandes cuadros teóricos a través de los cuales ha ido desarrollándose la teoría de la evolución biológica durante este siglo y medio, desde los tiempos de Darwin hasta la actualidad.

6.11 Geología y paleontología

El primero de ellos es el de la **geología**, cuyos *Principios* habían sido establecidos por Charles Lyell en 1830, en una clásica síntesis de las concepciones catastrofistas y continuistas sobre la formación de la tierra entonces reinantes. Ella ha ido descubriendo en sucesivos estratos geológicos –identificados por los correspondientes fósiles– un primer borrador de la historia cronológica de la vida sobre la tierra, que rompió los estrechos límites de la cronología bíblica. De ella nacerá la **paleontología**, especializada en el estudio de esos organismos fósiles, y en la relación de ellos entre sí y con la enorme variedad de organismos actuales, aliándose para ello con la **anatomía comparada** y la **biogeografía**.

Con esta problemática geológica había navegado Darwin durante cinco años en el Beagle (1831-1836), y con esos simples instrumentos anatómicos y geográficos había ido estudiando las diversas especies de pinzones de las islas Galápagos, hasta intuir su original mecanismo evolutivo de variación y selección natural (observando, por ejemplo, la supervivencia de pinzones con pico corto y fuerte en las islas ricas en gramíneas, y de pinzones con pico largo en las ricas en gusanos de tierra). Por más que, en su tiempo, resultara inconcebible la supuesta transmisión hereditaria de caracteres adquiridos, que ¡perteneían al fenotipo y no al genotipo!

6.12 Genética

Porque el segundo cuadro teórico, que entonces comienza a desarrollarse, es el de la **genética** clásica, la que hoy denominamos “genética de poblaciones”. El monje agustino Gregor J. Mendel (1822-1884), aplicando su riguroso método científico a los cruces entre variedades de guisantes en el huerto de su monasterio de Brunn (hoy Brno, en la República Checa), descubría sus leyes sobre los caracteres dominantes y regresivos, por aquellos mismos años en que Darwin escribía *Sobre el origen de las especies*. Las leyes de Mendel ponían de manifiesto que la herencia biológica se realiza mediante “genes”, o factores corpusculares que se heredan de cada uno de los progenitores, y que no se mezclan o combinan entre sí, sino que se separan en el momento de constituirse los espermatozoides o fecundarse los óvulos.

Pero estas ideas permanecieron desconocidas, para Darwin y para la mayoría de los científicos, hasta el año 1900 en que fueron redescubiertas simultáneamente por diversos biólogos del Continente. Los trabajos de estos geneticistas, especialmente su estudio –aun matemático– de las mutaciones, crearon al principio una cierta oposición a la concepción evolucionista de Darwin. Pero pronto condujeron al establecimiento de la “**teoría sintética de la evolución**”, que combina armoniosamente la idea de mutación genética “mendeliana” con la de selección natural “darwiniana” (Theodosius Dobzhansky, 1937). A mitad de siglo esta “teoría moderna de la evolución” estaba ampliamente difundida entre los biólogos.

6.13 Biología molecular

Pero el tercero y más importante de los cuadros teóricos es el de la **biología molecular**, que se ha ido imponiendo a partir del descubrimiento de la estructura en doble hélice del ADN (James Watson y Francis Crick, 1953). La información genética, hasta entonces imaginada en misteriosos “genes” dentro de los cromosomas del núcleo celular, cobra ahora una realidad química detalladísima, como código cifrado en ciertos fragmentos de esa doble hélice. Dada la actualidad del descifre completo del “genoma humano” (equipos de E. Lander y J. C. Venter, febrero de 2001),² creemos obligado divulgar algo de esa estructura química común a todos los vivientes: de la gigantesca molécula de ADN, y del influjo de algunos de sus fragmentos en la síntesis de las proteínas que por sus características enzimáticas (realizadoras de transformaciones químicas en el conjunto del organismo) regulan el desarrollo de cada especie.³

El ADN (Ácido Desoxirribonucleico) es una macromolécula, que tiene la estructura de una larguísima cadena, de hasta cientos de millones de eslabones. Su soporte rígido se repite en cada eslabón con la misma fórmula química (“fosfato de desoxirribosa 3°-5°”).⁴ La información genética viene dada por la secuencia de símbolos elementales, insertados uno en cada eslabón de la cadena, la cual tiene además un sentido determinado de lectura y escritura. Los símbolos son, para el ADN, cuatro “**bases nucleótidas**” que asociamos en dos parejas, Timina y Adenina (T-A), Citosina y Guanina (C-G), dada la afinidad química que poseen las bases de cada pareja, mediante enlaces doble o triple respectivamente. En cada pareja colocamos en primer lugar las bases “**pirimídicas**” (T y C), variantes de la sencilla “pirimidina”, y en segundo lugar las “**púricas**” (A y G), variantes de la “purina”, de estructura química algo más compleja.⁵ Enmarcamos en una tabla esas cuatro bases (y aun una quinta que presentaremos enseguida):

² Eric Lander es el jefe del Whitehead/MIT Genoma Center y J. Craig Venter el presidente de Celera Genomics. Las respectivas publicaciones de sus equipos aparecieron en las revistas *Nature* del 15 de febrero y *Science* del 16 de febrero de 2001.

³ Ver AYALA 1994, pp. 25-32, o más ampliamente LOSADA *et al.* 1998, vol. I, pp. 57-72.

⁴ La “ribosa” es un azúcar con cinco carbonos (una “pentosa”), en forma de anillo también pentagonal con un vértice de oxígeno y cuatro de carbono (CHOH), al 4° de los cuales se agrega exteriormente el 5° carbono (CH₂OH en vez del OH). La “desoxirribosa” tiene desoxigenado el 2° carbono (CH₂ en vez de CHOH). El “fosfato” indica una esterificación (eliminación de una molécula de agua: H de un ácido y OH de un alcohol o azúcar), realizada por el ácido fosfórico (H₃PO₄). En nuestro caso la esterificación es doble (“fosfodiéster”): cada molécula de ácido fosfórico esterifica dos moléculas de desoxirribosa, una sobre su carbono 3° y otra sobre su carbono 5°. De este modo, las enlaza en cadena y señala además sobre esta cadena –como sentido de lectura– el sentido marcado por los carbonos 5°-3° de cada desoxirribosa. Las bases nucleótidas están insertadas en el carbono 1°. Nótese que el ácido fosfórico posee todavía un tercer radical, que da carácter ácido al ADN.

⁵ La pirimidina tiene la estructura del anillo exagonal de benceno, con los carbonos 1° y 3° sustituidos por nitrógenos. La purina tiene además un anillo pentagonal sobre el lado de los carbonos 4° y 5° del exágono. La timina añade a la pirimidina –además de un radical metilo (CH₃) en el carbono 5° y un oxígeno en el 2°– un radical hidroxilo (OH) al carbono 6°, mientras que la adenina añade a su carbono 6° un radical amino (NH₂); la afinidad T-A consiste en un “enlace hidrógeno” entre esos dos radicales y otro entre los nitrógenos de los dos vértices 1°. La citosina añade a la pirimidina el radical hidroxilo en el carbono 6° y además uno amino en el 2°, mientras que la guanina añade a la purina el radical amino en el 6° y el hidroxilo en el 2°; la afinidad C-G consiste en tres de esos “enlaces hidrógeno” en los vértices 6°, 1° y 2°.

Bases nucleótidas del código genético

	Bases pirimídicas	Bases púricas
Enlace doble	T = Timina (U = Uracilo)	A = Adenina
Enlace triple	C = Citosina	G = Guanina

La doble hélice del ADN contiene dos de esas cadenas, orientadas en sentidos opuestos y con secuencias complementarias de bases nucleótidas, que quedan suavemente adheridas, mediante los enlaces característicos de cada pareja. Tal duplicidad conserva la información genética con mayor seguridad, y permite su copia, la cual fundamenta la “reproducción” biológica y la “ semejanza causal” entre padres e hijos. Esa doble cadena es la que está retorcida en forma de hélice, con un diámetro de unas 2 milimicras y un paso de rosca de unas 3.4 milimicras. A lo largo de una rosca caben 10 pares de eslabones con su secuencia de 10 pares de bases. **Un gen** es un fragmento de esa doble hélice, que suele constar de miles de pares de bases, entre el centenar de millones de que suele constar un cromosoma.

Esa información contenida en los genes de la doble hélice de ADN es responsable de que **la célula sintetice las proteínas adecuadas** al desarrollo y funciones de los organismos de la especie. Tal síntesis se realiza en unos orgánulos celulares denominados “**ribosomas**”. La información genética se transmite del gen al ribosoma mediante fragmentos del “**ARN mensajero**”. La estructura química del ARN (Ácido RiboNucleico) es muy semejante a la de una cadena simple de ADN, aunque algo más primitiva (su soporte es “fosfato de ribosa 3-5”; y entre sus bases nucleótidas utiliza uracilo (U), en vez de timina).⁶ Cada fragmento de ARN mensajero es codificado sobre una de las cadenas del ADN –previamente separadas– con las bases complementarias a las de ella (y por tanto equivalentes a las de la otra). Recoge así un fragmento de información importante del ADN (“exón”), responsable de fijar la **secuencia de aminoácidos** que constituye una de esas proteínas. Los aminoácidos distintos que entran en juego en esa síntesis de proteínas **son 20**, por lo que es **necesario un “codón”** formado por 3 bases nucleótidas del ARN, para fijar cada aminoácido.⁷

La secuencia de codones del ARN mensajero es la que dirige la síntesis química de la proteína. Al atravesar el ribosoma va eligiendo, de entre los muchos aminoácidos almacenados en él, los correspondientes a cada uno de sus codones. La elección se realiza químicamente, pues los aminoácidos almacenados llevan adherido, a modo de etiqueta, un “**anticodón de ARN traductor**”, complementario al codón del ARN mensajero. Damos a continuación la tabla completa de esa traducción: el codón o codones que fijan cada aminoácido.

⁶ El “fosfato de ribosa 3°-5°” es enteramente análogo al fosfodiéster del ADN, pero la ribosa, no tiene desoxigenado el 2° carbono. Y el uracilo es una base pirimídica y de enlace doble como la timina, pero carece del radical metilo en su carbono 5°.

⁷ Informáticamente, 2 bases nucleótidas de la colección de 4 sólo podrían fijar una colección de $4 \times 4 = 16$ aminoácidos. Se requiere, pues, una terna de bases nucleóticas, por más que su información resulte redundante, como veremos.

Traducción del código genético en aminoácidos

	2 ^a : U	C	A	G
1 ^a : U	UU(U,C) Fenilalanina UU(A,G) Leucina	UC... Serina	UA(U,C) Tirosina UA(A,G) "FIN"	UG(U,C) Cisteína UG(A) "FIN" UG(G) Triptófano
C	CU... Leucina	CC... Prolina	CA(U,C) Histidina CA(A,G) Glutamina	CG... Arginina
A	AU(U,C,A) Isoleucina AU(G) Metionina, o "INICIO"	AC... Treonina	AA(U,C) Asparraguina AA(A,G) Lisina	AG(U,C) Serina AG(A,G) Arginina
G	GU... Valina	GC... Alanina	GA(U,C) Ác. aspártico GA(A,G) Glutamina	GG... Glicina

Cada "codón" o secuencia de tres bases nucleótidas del ARN define uno de los 20 aminoácidos. Indicamos en filas y columnas los diversos tipos de la primera y segunda de esas bases nucleótidas. Ellos dos definen a veces el aminoácido, como puede verse exactamente en la mitad de las casillas. En los otros casos el aminoácido depende del tipo o tipos del tercero, según se indica entre paréntesis. Ciertos codones –AUG, UAA, UAG, UGA– determinan el inicio y fin de la secuencia de aminoácidos.

Notemos lo primero que el código genético maneja una cantidad de información exorbitante. Por ejemplo, el conjunto del **genoma humano**, contenido en 23 cromosomas –duplicados en cada célula con su distinto origen paterno y materno–, consiste en una sucesión de **unos 3 millones de bases nucleótidas**. Es como una biblioteca que, escrita en ese alfabeto elemental de sólo cuatro letras, ocupa 3 mil volúmenes de un millón de caracteres (por ejemplo, de 250 páginas de 40 líneas de 100 caracteres). Ciertamente que el número de **genes** humanos ha resultado ser de **unos 30 mil** (y no de 100 mil como se esperaba), de forma que la parte de información correspondiente a ellos y por tanto a la síntesis de proteínas alcanza apenas un 1,5 % del total. Pero el resto, despectivamente denominado "**ADN-chatarra**" ("junk-DNA"), ha sido también cuidadosamente secuenciado. Pues se comienzan a descubrir en esa "chatarra" funciones básicas de conservación y control de los genes.

Esa nueva **genética molecular ha precisado** y enriquecido enormemente las ideas evolutivas. Lo que años atrás eran groseras comparaciones anatómicas, son ahora precisas mediciones del número de variantes entre las proteínas homólogas e incluso entre fragmentos homólogos del ADN de diversas especies. Mediante hipótesis sobre la frecuencia de ciertas variaciones neutras o ineficaces, se intenta incluso establecer un modelo de "**reloj molecular**", que permite apreciar el tiempo transcurrido desde la **separación de diversas especies**, con mucha más precisión que la fijada por la sucesión de estratos geológicos. Las técnicas de clonación y secuenciación del ADN, desarrolladas en este último decenio, proporcionan instrumentos potentísimos para el estudio de la evolución al nivel molecular.

Por otra parte, los nuevos conocimientos geológicos sobre la tectónica de placas, han enriquecido los razonamientos de la **biogeografía**. Y junto con los nuevos avances en **ecología, etología y sociobiología**, dan nuevas claves al estudio de la evolución.

6.2 La contrastación empírica de la teoría de la evolución

Recordemos lo que decía Juan Pablo II en una reciente alocución a la Academia Pontificia de Ciencias:⁸

JUAN PABLO II, “Sobre la teoría de la evolución” (1996)

... La encíclica *Humani Generis* [Pío XII, 1950] consideraba la doctrina del “evolucionismo” como una hipótesis seria, digna de una investigación y de una reflexión profundas, del mismo modo que la hipótesis opuesta. ...

Hoy, casi medio siglo después de la aparición de la encíclica, nuevos conocimientos llevan a reconocer en la teoría de la evolución más que una hipótesis. Es en efecto notable que esta teoría se haya impuesto progresivamente a los espíritus de los investigadores, como consecuencia de una serie de descubrimientos hechos en diversos campos del saber. La convergencia, en modo alguno buscada o provocada de los resultados de trabajos realizados independientemente unos de otros, constituye por sí misma un argumento significativo a favor de esta teoría.

Recorramos algunos de esos diversos descubrimientos convergentes.

6.21 Evidencia paleontológica

La evidencia experimental de un tal cuadro evolutivo global proviene, en primer lugar del estudio del abundantísimo **material paleontológico** recogido, en forma de fósiles y aun de microfósiles incrustados en rocas. Dentro de su gran variedad este material presenta el mismo tipo básico de células eucariotas (provistas de núcleo). Con él se han ido **rellenando las lagunas** existentes entre peces y anfibios, entre anfibios y reptiles, entre reptiles y mamíferos, e incluso entre simios y humanos, sin que aparezca ninguna prueba de proceso regresivo dentro de ese desarrollo. La anatomía comparada y la **biogeografía** vienen a reforzar esos argumentos paleontológicos, especialmente en el estudio de la riquísima fauna y flora de archipiélagos relativamente aislados, como las islas de los Galápagos y las islas Hawai, y de regiones que han modificado su estructura, como Centroamérica antes de la formación del istmo de Panamá (hace unos 3 millones de años). Incluso la **embriología** moderna presenta evidencia experimental de ese proceso evolutivo, por ejemplo, al descubrir un estadio en el desarrollo del embrión humano y de otros mamíferos, en el que éste muestra unas ranuras inútiles y enteramente análogas a las que forman las agallas de los peces.⁹

6.22 Evidencia biomolecular

Pero la evidencia más profunda proviene de la experimentación en **biología molecular**. Todos los organismos, desde los monocelulares hasta el hombre presentan códigos genéticos estructurados con **el mismo lenguaje** de 4 bases nucleótidas para el ADN y 20 aminoácidos para las proteínas, y el mismo sistema de traducción entre ambos, siendo así que podrían muy bien funcionar otros muchos sistemas de bases, aminoácidos y traducciones. Por otra parte, la semejanza de los códigos genéticos de especies próximas resulta muy notable. Mencionemos, por ejemplo, la cadena de aminoácidos de una proteína concreta:

⁸ JUAN PABLO II, 1996, reproducido en RUSSELL *et al.*, 1998, pp. 2-9, especialmente p. 5.

⁹ *Ibidem*, pp. 29-34

la proteína “**citocromo-c**” es una molécula que en los humanos y en los chimpancés tiene exactamente la misma secuencia de 104 aminoácidos (elegidos de entre los 20 distintos del lenguaje) colocados todos ellos en el mismo orden; mientras que difiere de la del macaco en uno, de la de los caballos en 11 y de la del atún en 21 aminoácidos suplementarios.¹⁰ Al nivel de bases del ADN, el argumento es aún más fuerte. Se estima que la diferencia entre **el genoma humano y el del chimpancé** es de un 2 %, es decir, que los 3000 volúmenes homólogos, guardados en cada una de las dos “bibliotecas”, tienen exactamente los mismos capítulos los mismos párrafos y las mismas líneas, a excepción de unas dos letras diferentes por línea (piénsese que para distintos individuos humanos se estima ya una diferencia del 1/100, o sea de una letra cada diez líneas). Todo estudioso que compare las dos bibliotecas asegurará que se han copiado una de otra, o ambas de una anterior común.

La genética molecular hace también patente el enorme alcance de los dos elementos del mecanismo darwiniano: variabilidad y selección. La enorme **variabilidad genética** se debe sobre todo al sistema de **reproducción sexual**. Debido a él, el genoma humano, por ejemplo, con su ADN que sabemos contiene 3000 millones de bases nucleótidas, lo hemos recibido por duplicado en los 23 cromosomas que tenemos de origen paterno y los 23 de origen materno. Pero esas informaciones de uno y otra no son idénticas; como ya hemos indicado, se estima que difieren en un 1/100, o sea en unos 3 millones de bases. Cada uno de los gametos –óvulo o espermatozoide– debe influir en el nuevo ser con una copia simple de esa información, que se obtiene copiando arbitrariamente del genoma paterno o materno. El número de variantes que pueden aportar los gametos de un individuo humano es inimaginable: Siendo 3000000 el número de variantes, ese número de combinaciones será $2^{3000000} \approx 10^{900000}$, que podemos comparar, por ejemplo, con el número de partículas elementales que contiene el universo, estimado en 10^{80} . El mecanismo darwiniano juega con esa enorme variabilidad interna, como juega también con las **mutaciones debidas a causas externas** –la radiación por ejemplo–. Resulta también muy importante la variación en los grandes cambios de la estructura global de los cromosomas como la ruptura y fusión de sus fragmentos quizá con inversión de sus extremos.¹¹

Con la enorme eficacia del proceso de **selección natural**, nos hemos familiarizado, por ejemplo, en las antiguas luchas contra las plagas mediante el pesticida DDT. A más de 200 especies de insectos y roedores les hemos hecho desarrollar **resistencia al DDT**. No es que conocieran de antemano ese producto y reaccionaran a él; es simplemente que resulta muy fuerte la presión selectiva ejercida en ese ambiente del pesticida sobre las variantes producidas allí al azar. La moderna genética conoce bien los diversos mecanismos de selección, como también la dinámica de cambio y de especiación.¹²

¹⁰ Ya desde los años sesenta se ha analizado esa proteína para una veintena de especies actuales, y ese tipo de diferencias permite reconstruir un árbol genealógico que concuerda con el clásico. Véase *ibídem*, p. 52, y también p. 35.

¹¹ *Ibídem*, pp. 37s.

¹² *Ibídem*, pp. 39ss.

6.3 Efemérides de la historia de la vida

Presentamos en esta página una simple vista de conjunto cronológica, desde las primeras estructuras químicas de la vida hasta el género *homo*. Destacamos en negrita los pasos básicos que constituyen nuestra prehistoria. Nótese el ritmo lentísimo –de millardos de años– de los primeros de esos pasos. En la página siguiente indicamos con más detalle cronológico los últimos pasos hasta la aparición del *homo sapiens*, y hasta algunos rasgos de su evolución cultural.¹³

ERAS GEOLÓGICAS

Millones de años

PRECÁMBRICO

- 4.600 Formación de la Tierra
- ???) **Síntesis de aminoácidos** (descarga eléctrica en atmósfera reductora)
- 3.800 Bacterias “procariotas” (= sin núcleo celular ni reproducción sexual)
- 2.500 Cianobacterias con fotosíntesis y producción de oxígeno
- 1.400 **Células “eucariotas”** (= con núcleo celular)
- 700 **Organismos pluricelulares:** plantas y animales (anélidos, medusas)

PALEOZOICO

- 600 Grandes grupos de invertebrados
- 540 Animales con concha (trilobites, nautiloides)
- 500 **Primeros vertebrados**
- 490 Peces primitivos
- 440 Colonización de la Tierra por plantas e insectos
- 400 Diversificación de los peces
- 360 Origen de reptiles, abundancia de anfibios, selvas extensas
- 250 Radiación de los reptiles, muchos órdenes nuevos de insectos

MESOZOICO

- 210 Dominio de los dinosaurios
- 200 **Primeros mamíferos**
- 140 Extinción de los dinosaurios

CENOZOICO

- 65 Muchos órdenes de mamíferos y de plantas con flores
- 60 **Primeros primates**
- 30 Antropoides
- 6 **Separación de los homínidos**
- 5 Australopitécidos
- 2 **Género *homo***

¹³ Se trata de una presentación divulgativa, inspirada en AYALA 1994 y 1999, en RUSE 1982, y aun en el gráfico de cosmo-bio-evolución que acompaña de STEVEN WEINBERG “La vida en el universo”, publicado en *Investigación y Ciencia*, diciembre 1994, pp. 6-11.

Aparición de algunos géneros y especies de antropoides

<u>Años</u>	
Antropoides primitivos	
28.000.000	<i>Aegyptopithecus</i>
20.000.000	<i>Dryopithecus</i>
10.000.000	<i>Ramapithecus</i>
Homínidos¹⁴	
3.500.000	<i>Australopithecus afarensis</i> [1974; 500 cc; “Lucy”]
3.000.000	<i>Australopithecus africanus</i> [1924; 500 cc]
2.500.000	<i>Australopithecus boisei</i>
2.200.000	<i>Australopithecus robustus</i>
Género Homo	
2.000.000	<i>Homo habilis</i> [1961; 700 cc]
1.500.000	<i>Homo erectus</i> [1861; 900-1.000 cc; “hombre de Java”]
300.000	<i>Homo neanderthalensis</i> [1857; 1.300-1.600 cc]
200.000	<i>Homo sapiens</i> en África [unos 1.400 cc]
35.000	” ” en Eurasia. Desaparición de <i>neanderthalensis</i> .
15.000	” ” en América (por estrecho de Bering helado)

Efemérides culturales del *homo sapiens*

<u>Años (a.C.)</u>	
15.000	Arte rupestre, Altamira (caza, recolección)
8.000	Neolítico, asentamiento en aldeas (agricultura)
4.000	Culturas más antiguas: Egipto, Mesopotamia, India, China
2.000	Patriarcas de Israel
1.300	Moisés
1.000	David
800	Cultura Griega (Homero ...)
300	Ciencia Helenística (Euclides, Arquímedes ...)

¹⁴ En algunas especies de *australopithecus* y *homo* indicamos entre corchetes el año del descubrimiento de los primeros restos fósiles, la capacidad craneana en centímetros cúbicos, y hasta el nombre dado a algún fósil representativo. Esta cronología paleoantropológica permite reflexiones como la siguiente. A mitades del siglo XX (fecha de la encíclica *Humani generis*) la especie de *homo* más primitiva era la hoy llamada *homo erectus* (entonces *pithecanthropus*: el “hombre de Java” y descubrimientos ulteriores), con capacidad craneal grande. Su inmediato antecesor era entonces el *australopithecus africanus*, datado un millón y medio de años anterior, y con la mitad de capacidad craneana. Al final del siglo, los descubrimientos del *homo habilis* y del *australopithecus afarensis* reducen notablemente esa diferencia craneal, dejando el mismo intervalo de evolución. Así que “Lucy” –primer *afarensis* descubierto– una hembra joven, de poco más de 1 m de estatura, ciertamente bípeda, representa nuestros antecesores más remotos.

No he querido enredar ese sencillo cuadro divulgativo, con estudios como los sugeridos por el reciente descubrimiento (Tchad, julio 2002) del *sahelanthropus tchadensis*, un craneo fósil que, con 6 a 7 millones de años, tiene un rostro de homínido moderno. Hoy se introducen no sólo nuevos géneros (como el *paranthropus*) y nuevas especies (como las *homo ergaster* y *homo antecesor*), sino incluso la idea de un complejísimo “arbusto” genealógico. Véase BERNARD WOOD en: *Nature* **418** (11 July 02) 133-135, y *New Scientist* (26 Oct. 02) 44-47.

6.4 Reflexiones filosóficas: azar, dolor, cultura

Ese cuadro de evolución progresiva desde la vida monocelular más elemental hasta el nivel reflexivo humano suscita multitud de cuestiones científicas abiertas.¹⁵ Pero nosotros vamos a centrarnos aquí en las filosóficas, dejando para los capítulos siguientes algunas ulteriores respuestas teológicas. El problema metafísico básico, especialmente patente en la hominización, es para mí el clásicamente formulado: **“de lo menos no puede salir lo más”**. ¿Se requieren, pues, especiales intervenciones de Dios en el mundo para dar cuenta de la nueva riqueza de ser que allí aparece, sin que ella quede explicada por la riqueza de las causas creadas?¹⁶ Karl Rahner atacó seriamente este problema con su concepción de la causalidad auto-trascendente, como veremos muy pronto (§7.4).

Aquí vamos a indicar tres temáticas específicamente evolutivas y de connotación teológica, sobre el dolor, el azar y la cultura.¹⁷

6.31 Azar y Diseñador

Una primera cuestión planteada por la evolución es esta de “el azar y el Diseñador”. El mecanismo neo-darwiniano de la evolución atribuye las novedades que van apareciendo en el proceso evolutivo al simple juego del azar dentro del código genético de los sucesivos organismos, novedades de las que la selección natural preservará únicamente las mejor adaptadas al medio. ¿Es el azar creativo? ¿Excluye este azar el papel de un Diseñador en el universo biológico?

Parece hoy necesario reconocer, que el Dios diseñador actúa tanto mediante las leyes como mediante el azar. **Arthur Peacocke**, biólogo y teólogo, gusta de expresarlo poéticamente mediante una alegoría musical:¹⁸

ARTHUR PEACOCKE, “Caos y ley” (1995)

He intentado expresar ... esta situación, viendo a Dios Creador como un compositor que, comenzando con un conjunto de notas que forman una melodía aparentemente sencilla, las elabora y amplía en una fuga, usando diversos artificios... El oyente de tal fuga, con el desarrollo exuberante y profuso que emana de la sencilla estructura original, experimenta universos nuevos de experiencia emocional, que son el resultado de la interacción entre una expectativa basada en su experiencia anterior (“ley”) y una apertura a lo nuevo (“azar” en el sentido de que el oyente no puede predecirlo o controlarlo).

¹⁵ Pensemos en los problemas del origen de la vida, y especialmente del origen de esos lenguajes químicos universales en que se expresa el código genético de todos los organismos. Y pensemos, por el otro extremo de la evolución, en el itinerario de la hominización. Si, por citar un ejemplo que parece confirmar la genética molecular, el *homo neanderthalensis* convivió largamente con los humanos modernos sin mezclarse genéticamente con ellos, ¿hemos de suponer que constituye una especie humana distinta? ¿Constituiría un primer intento de hominización, a la larga fracasado?

¹⁶ Notemos, por otra parte, que la necesidad de explicar la perfección del efecto por la perfección de la causa, es una convicción inspirada sin duda por la reproducción biológica, que hoy entendemos por la simple replicación química del código genético, de padres a hijo.

¹⁷ Véase DONCEL 2000a, que es una mera reseña de RUSSELL *et al.* 1998, bajo esta misma perspectiva tripartita.

¹⁸ RUSSELL *et al.* 1995, p. 140.

El filósofo de la naturaleza **Paul Davies** describe este papel del azar en la evolución, bajo la analogía del juego del ajedrez: sus reglas están sabiamente seleccionadas para asegurar una rica variedad de jugadas, pero el resultado depende del arbitrio de los jugadores, constituyendo «una mezcla exquisita de orden e impredecibilidad». Dios análogamente «selecciona de todo el conjunto de leyes de la naturaleza posibles, las que fomentan pautas de comportamiento ricas e interesantes; y tales son las leyes estadísticas». Pero «los detalles de la evolución real del universo quedan abiertos a los ‘caprichos’ de los jugadores», entre los que se incluye el azar y Dios mismo.¹⁹

Ian Barbour (patriarca del diálogo teología-ciencias, que recibió el premio Templeton en 1999) resuelve la antítesis entre azar y Diseñador, con su claridad habitual.²⁰

IAN BARBOUR, “Five models of God and evolution” (1998)

Si diseño se entiende como un plan detallado preexistente en la mente de Dios, *azar* es la antítesis de *diseño*. Pero si se identifica con dirección general de crecimiento hacia complejidad, vida y conciencia, tanto la ley como el azar pueden formar parte del diseño... Ya no podemos aceptar el Dios relojero, que designó cada detalle de un determinado mecanismo. Pero una opción es hoy un deísmo revisado, según el cual Dios designó el mundo como *proceso creativo de ley y azar a muchos niveles*. Paul Davies representa esta posición.

Digamos que Dios no hizo el mundo, hizo algo mucho más bello, que bajo su influjo el mundo se hiciese a sí mismo, a través de las leyes y el azar.

6.32 Selección natural y dolor

Otra cuestión clásica evolutiva es la de “la Selección natural y el dolor”. En la concepción darwiniana, la selección natural se realiza mediante la lucha por la supervivencia y la reproducción del más fuerte. El progreso del reino animal parece pues exigir el escenario de “garras y colmillos ensangrentados”. ¿Es compatible tal diseño evolutivo con la misericordia del Dios cristiano? Parece que esto constituyó un problema acuciante para la **fe del propio Darwin**, y precipitó el cambio brutal en la ideología de su tiempo, al pasar bruscamente de la “teología natural” decimonónica a la “selección natural” darwiniana.

Valdría la pena estudiar con neutralidad psicológica el problema del dolor animal infrahumano. Es un hecho que vivimos el cuadro del león lanzándose sobre su presa con una supersensibilidad “antropomórfica” (¡o “ecologista”!) que no tenemos, por ejemplo, al imaginar la colisión violenta entre dos galaxias. Con todo, es un caso llamativo del problema del mal cuya argumentación, analizada con todo rigor, descubre las paradojas sobre “el mejor de los mundos”, que subrepticamente encierra.²¹ La solución más profunda para una concepción cristiana creo que es estrictamente teológica, y ha de buscarse en relación a la **kénosis del Creador**, de la que trataremos pronto (ver §8.3 fin).

¹⁹ RUSSELL *et al.* 1998, p. 155.

²⁰ *Ibidem*, p. 431.

²¹ Véase Thomas Tracy, *ibidem*, pp. 511-530.

6.33 Origen de la cultura y de la ética

Mencionemos, por fin la cuestión del “origen de la cultura y de la ética”, en relación a la evolución genética de los organismos. Por ejemplo, si la selección natural parece favorecer los “genes egoístas”, ¿cabe imaginar un proceso de evolución biológica que conduzca hacia la ética?

Philip Hefner de Chicago presenta el *homo sapiens* como «un punto nodal en que confluyen y coexisten dos corrientes de información» que, lejos de oponerse, establecen una «simbiosis de genes y cultura», que no ha de romperse contraponiendo genes egoístas a cultura altruista.²² Los profesores de Palma de Mallorca **Camilo Cela-Conde** y **Gisele Marty** critican también la contraposición entre “biología” y “cultura”, y ponderan la concepción no-dualista de Hefner. E imaginando en la evolución de los homínidos la aparición de grupos cuya supervivencia depende de conductas altruísticas generalizadas, conjeturan que «los subproductos de tales estrategias adaptativas... ocasionaron nuestra enorme riqueza moral».²³ **Ted Peters** discute el problema bioético de intervenir en la información genética inicial del embrión (“germ-line intervention”). y concluye que: «Lejos de ser un jugar a Dios u ocupar el puesto de Dios, este buscar la realización de nuevas posibilidades significa ser verdaderamente humano».²⁴ Ahí se cerraría la simbiosis, característicamente humana, de genes y cultura.

²² *Ibidem*, p. 335.

²³ *Ibidem*, p. 459.

²⁴ *Ibidem*, p. 510.