

## **NUEVAS INVESTIGACIONES REAFIRMAN EL ORIGEN AFRICANO DE LA HUMANIDAD** *Eva mitocondrial y Adán cromosoma Y, protagonistas de un debate*

Hasta hace dos décadas, y durante más de un siglo, los fósiles han sido los protagonistas indiscutibles en el escenario que trata de reconstruir el pasado evolutivo de la Humanidad. Pero ese cuadro ha cambiado drásticamente, gracias al extraordinario desarrollo de la Biología molecular y de la Genética, y muy especialmente desde que en los años ochenta se hizo posible la secuenciación del ADN de las células. Ahora son los genes, actuales o antiguos, los que reclaman ese protagonismo, pues en ellos se encuentran al parecer las claves de nuestro pasado.

La filogenia molecular ha encontrado una amplia gama de marcadores genéticos que están abriendo, en efecto, nuevas y muy prometedoras perspectivas. Los investigadores tratan de “leer” en los genes la información que explicaría el origen y posterior dispersión de los linajes moleculares de las mujeres —“escritos” en el ADN mitocondrial— y de los hombres —en el cromosoma Y—, así como el ulterior desarrollo de las migraciones humanas que se han venido produciendo desde nuestros orígenes. Con ese telón de fondo, tuvo lugar el pasado mes de abril en el Museo de la Ciencia de Barcelona un simposio en el que se dieron cita algunos de los más destacados expertos en la materia.

### **Nuestra historia evolutiva, en los genes**

En su intento de desvelar la historia biológica del hombre moderno, la ciencia moderna ha proporcionado en los últimos años diversas clases de pruebas que merecen una especial atención. Una de ellas proviene del estudio de los genes contenidos en las mitocondrias (ADN mitocondrial, o ADNmt), que se transmiten sólo por vía materna. La tasa de cambio por mutaciones del ADNmt es bastante más alta que la del ADN del núcleo de las células, ya que las mutaciones no se pierden en las recombinaciones de las copias de los genes que se transmiten a la descendencia. Por esta razón las secuencias de nucleótidos del ADNmt, juntamente con su transmisión uniparental, aportan información muy valiosa para cuantificar la divergencia genética de las poblaciones humanas en función del tiempo.

La reconstrucción de nuestra historia biológica, a partir del análisis de los genes de las poblaciones actuales, se basa en el hecho de que personas distintas tienen versiones distintas de un mismo gen. Seleccionando varios genes en personas de orígenes geográficos distintos y analizando las diferencias genéticas entre ellas, se puede calcular el tiempo transcurrido desde el comienzo del proceso de diferenciación. Y a partir de ese origen es posible también reconstruir la genealogía de la Humanidad.

Si, como parecen indicar los datos genéticos, el origen del hombre moderno aconteció en África, cabe esperar que las poblaciones africanas muestren entre sí una mayor heterogeneidad genética que las poblaciones de otras partes del mundo. Efectivamente, eso es lo que sucede, tal como ya puso de manifiesto el estudio llevado a cabo en 1986 por Cann, Stoneking y Wilson, de la Universidad de California en Berkeley, uno de los grandes hitos en la historia de la Biología evolutiva moderna.

Otra prueba proviene de los estudios multidisciplinares dirigidos durante los últimos años por L. L. Cavalli-Sforza, de la Universidad de Stanford. Gran parte de su trabajo se ha centrado en la correlación que existe —y que es, no cabe duda, sorprendente— entre la distribución de genes y de lenguas en el árbol filogenético de las principales etnias humanas.

### **África, *cuna* de la Humanidad**

La hipótesis conocida como *Eva mitocondrial* dio mucho que hablar a la comunidad científica a finales de los ochenta, tras la publicación del estudio llevado a cabo por el equipo de Wilson. Dicha hipótesis proponía que toda la humanidad descende de un tipo de *mujer* que vivió en África hace entre 190.000 y 200.000 años. Esa *mujer* sería muy pronto conocida como *Eva negra*. En realidad, se hablaba de una población (un tipo de mitocondrias), y no de un individuo concreto, como a veces parece sugerir la literatura científica.

Los resultados de dicha investigación suscitaron una fuerte polémica desde que la revista *Nature*<sup>[1]</sup> los hizo públicos el primer día del año 1987. Basándose en el análisis del ADNmt de 147 personas procedentes de diferentes regiones geográficas, los investigadores buscaban un sistema capaz de “tirar del hilo genético”, por así decirlo, hasta llegar a la primera *mujer*, o sea, hasta la población femenina de *Homo sapiens* que habría aportado las mitocondrias de todos los humanos actuales. En dicho estudio, se prestaba especial atención a las diferencias genéticas observadas entre los distintos grupos humanos estudiados. Así, los ADNmt de los africanos mostraban entre sí una mayor diversidad genética que la observada en el grupo que incluía al resto de poblaciones analizadas. Esto se interpretó como una clara evidencia de que la población africana era, por lo pronto, la más antigua de todas.

Wilson y sus colaboradores calcularon también el tiempo transcurrido desde el momento en que se supone debió producirse la separación de todas las líneas de ADNmt. Los resultados pronto se convirtieron en una auténtica bomba informativa: el hombre moderno racialmente indiferenciado —se dijo— apareció hace unos 200.000 años y

---

<sup>[1]</sup> CANN, R., STONEKING, M. y WILSON, A., *Mitochondrial DNA and human evolution*, Nature, 325, (1987), 31-36

solamente en África. Lo cierto es que desde entonces dicha investigación se ha venido considerando como uno de los más sólidos fundamentos del modelo de dispersión de África (o modelo *Arca de Noé*), según el cual todos los humanos actuales se remontan a un *tronco* materno común, de origen africano, en el que convergen todas las líneas de ADNmt.

Cálculos posteriores a los de Wilson, señalan que esa población de mujeres vivió en África hace unos 150.000 años. Esta nueva datación parece ser más concordante con la que se atribuye —a partir del registro fósil— a los *Homo sapiens* más antiguos. En efecto, los fósiles humanos con rasgos modernos primitivos hallados en Sudáfrica y en África oriental, cuya antigüedad se cifra en unos 120.000 años, suelen ser citados como una evidencia más de la monogénesis africana.

### **Las mil hijas de Eva**

Es bien sabido que casi todos los investigadores de nuestros orígenes comparten posturas decididamente neodarwinistas, es decir, poligenistas: la Humanidad actual descendería, según esta hipótesis, de una población más o menos numerosa de individuos, y no de una pareja inicial, como afirman los defensores del monogenismo. Francisco Ayala (Universidad de California en Irvine) piensa que *el número de mujeres de las que supuestamente descendemos los humanos actuales nunca fue inferior a mil, ni superior a cinco mil*. En todo caso, esta clase de apreciaciones no pasan de ser suposiciones basadas en cálculos estadísticos y simulaciones por ordenador que quizás tienen poco que ver con lo que realmente ocurrió. De hecho, algunos destacados poligenistas, como el mismo Ayala, admiten la posibilidad de un escenario diferente: *“Teóricamente —explica este científico— es posible que una especie descienda de una sola hembra gestante...”* (La Vanguardia, 7-V-2001). Y es que la historia de Adán y Eva —el “mito”, suele decirse en círculos poligenistas—, o sea, de la pareja que funda una especie, es hoy posible para la biología. Lo ha sido, en efecto, en otras especies, como lo demuestran las 600 variedades genéticas de moscas *drosófilas* que viven actualmente en Hawái, descendientes todas ellas de una sola hembra fecundada.

Los autores de los primeros estudios que se realizaron a partir del ADNmt no significan —ni lo pretendían— haber probado científicamente el monogenismo. Resultan por ello un tanto gratuitas algunas afirmaciones, como las que podían leerse en alguno de los periódicos que dieron cobertura al simposio celebrado en Barcelona: *“No es cierto —titulaba uno de ellos— que toda la humanidad descienda de una Eva negra que vivió en África hace unos 150.000 años”* (La Vanguardia, 7-V-2001). Aparte de otras muchas cosas, hoy sabemos gracias a la genética que la pigmentación de la piel es un suceso biológico muy reciente en nuestra historia evolutiva; en este sentido, resulta del todo irrelevante que esa “Eva” de la que hablan los científicos fuese negra o de otro color. Por otra parte, tampoco se puede afirmar con rotundidad, a partir de los datos actualmente disponibles, que la humanidad no tenga su origen más remoto en una sola mujer.

Lo que sí se sabe a ciencia cierta es que, pese a las diversas explicaciones que intentan desvelar los posibles mecanismos de especiación, los científicos siguen buscando respuestas al que, todavía hoy, sigue siendo el problema central de la biología de la evolución: ¿Cómo nace una especie? Cuestión que se torna aún más compleja cuando nos interrogamos acerca de nuestra propia historia evolutiva: ¿Cómo nació la especie humana? Desde el punto de vista científico, no se puede negar *a priori*, ni tampoco afirmar, que toda la humanidad descienda en su origen más remoto de una única pareja, y que en tiempos más recientes, hace unos 150.000 ó 200.000 años, el suelo africano estuviese ya poblado por varios miles de (*Evas mitocondriales*) descendientes de esa primera pareja.

En 1995, un equipo de científicos japoneses dirigido por Satoshi Horai, intentó precisar aún más la antigüedad de *Eva mitocondrial*. Sus resultados, basados también en numerosos análisis del ADNmt, sugieren que esa mujer, o población de mujeres, vivió en África hace 143.000 años. Posteriores estudios realizados por ese mismo equipo, sobre la base de la diversidad genética observada en treinta poblaciones humanas de todo el mundo (incluyendo, entre otras, la africana y la europea), revelan una buena concordancia entre la relación genética y la distribución geográfica de dichas poblaciones. Se observa que la mayor diversidad genética (superior al 2%) se da, en efecto, en las poblaciones africanas, y la menor (en torno al 1%) en las europeas. La población africana, entonces, habría divergido en primer lugar y antes que las demás poblaciones (europeos, asiáticos, etc.), lo que reforzaría adicionalmente la teoría que defiende el origen africano de nuestra especie y la posterior dispersión, desde ese continente, al resto del planeta.

### **Sobre “hielo” muy fino**

La antigüedad de los sucesos evolutivos que intentan datar los científicos a partir del material genético es, sin duda, uno de los objetivos más complicados en esta clase de trabajos. En 1987, Wilson y su equipo calcularon para *Eva mitocondrial* una edad de entre 190.000 y 200.000 años. Ocho años después, Horai le asigna una antigüedad de 143.000 años. Otros, como Francisco Ayala, hablan actualmente de una “población ancestral” que vivió en África hace entre 100.000 y 200.000 años. Por su parte, Luca Cavalli-Sforza (Universidad de Stanford, California) estima para esa misma *población* una antigüedad de entre 100.000 y 170.000 años. Andamos, qué duda cabe, sobre un terreno escurridizo, en el que por el momento no existe entre los científicos una postura unánime y compartida.

Las diferencias de calibración temporal en torno a nuestros orígenes siembran, como cabía esperar, algunas dudas acerca de la validez de los métodos y cálculos empleados por los genetistas. Al mismo tiempo, ponen también de relieve algunas de las limitaciones que tienen los investigadores en su trabajo. Por lo pronto, el método del carbono 14

—el más aplicado en fósiles modernos— resulta poco fiable cuando se retrocede en la escala temporal más allá de los 35.000 ó 40.000 años de antigüedad, de modo que los “buscadores” de las huellas de nuestro pasado han de aplicar otros métodos de datación, no tan precisos como los radiométricos. Se ha de tener en cuenta así mismo que en las estimaciones de antigüedad a partir de ADNmt, los genetistas aceptan como intervalo de confianza un error estándar del 20%. Así, la datación de Horai para *Eva mitocondrial* (143.000 años) abarcaría en realidad un amplio intervalo de tiempo, comprendido entre los 115.000 y los 170.000 años, aproximadamente. En este campo —ha señalado Ayala<sup>2[2]</sup>— “*el nivel de incertidumbre, cuando hacemos estimaciones de tiempo, es muy elevado*”.

Algunos científicos piensan que las calibraciones de tiempo basadas en los “relojes moleculares” tienen una “fiabilidad”, cuando menos, bastante mediatizada. Los cálculos estadísticos que hacen algunos genetistas se basan, en efecto, en suposiciones que no pasan de ser más que simples conjeturas, como por ejemplo la presunción (que podría ser ficticia) de que la tasa en el ritmo de mutaciones es constante a lo largo del tiempo, cuando, de hecho, se sabe que en muchos casos no lo es.

Las simulaciones por ordenador y los cálculos estadísticos comportan además otra dificultad, y es que no tienen en cuenta las mutaciones que *realmente* debieron producirse en las distintas poblaciones; esas mutaciones se han de suponer también, con todo el margen de inseguridad que ello conlleva. A ello se refería Francisco Ayala, cuando afirmaba: “*lo que hacemos en biología molecular es ficticio; pero es lo mejor que podemos hacer para intentar responder a las preguntas que nos hacemos*”. Resultan así razonables las llamadas a la cautela que hacen algunos científicos, quienes reclaman “*una mente abierta frente a los progresos de la paleontología, ya que sin ese anclaje —el que proporcionan los fósiles— podríamos estar moviéndonos en aguas muy profundas, o sobre hielo muy fino*”<sup>3[3]</sup>.

### **Adán cromosoma Y**

Si el valor de los genes mitocondriales en esta clase de trabajos resulta evidente, por transmitirse intactos y sin mezclas de las madres a su descendencia, otro tanto cabe decir de los que se transmiten —también sin mezcla— de los padres a los hijos (sólo a los varones). Estos genes se encuentran en la sección no recombinante del cromosoma sexual masculino o cromosoma Y. Las investigaciones<sup>4[4]</sup> llevadas a cabo sobre este cromosoma en 1986, ya apuntaban de hecho en la misma dirección que los realizados por el equipo de Wilson (sobre ADNmt) por aquellas mismas fechas.

Más recientemente, un equipo internacional de científicos dirigido por Peter Underhill<sup>5[5]</sup> (Universidad de Stanford) ha estado buscando en ese cromosoma a nuestros antepasados en la línea paterna, es decir, al denominado *Adán cromosoma Y*, que sería —al menos teóricamente, en términos genéticos— el homólogo de *Eva mitocondrial*. Con datos procedentes de más de mil hombres oriundos de 22 áreas geográficas diferentes, este equipo ha dibujado un árbol genealógico de la humanidad, llegando a la conclusión de que nuestro ancestro común, o sea, el hombre (o población de hombres) cuyos genes del cromosoma Y aparecen hoy en todos los varones del mundo, vivió también en África. Eso no ha hecho sino confirmar lo que muchos esperaban. Lo realmente sorprendente de ese estudio es que el susodicho ancestro apareció —dicen sus autores— hace tan sólo 59.000 años, o sea, 84.000 años después que *Eva mitocondrial*. A primera vista, este nuevo dato parece poner en aprietos a los partidarios de un origen monogenista. Y eso es lo que, con un cierto deje de ironía, expresaba la nota informativa que la revista *Nature Genomics* —tal vez para dar mayor atractivo a la investigación realizada— hizo circular poco antes de la publicación del artículo: “*Adán y Eva —decía la nota— quizás no se encontraron*”.

Uno de los riesgos derivados del uso en trabajos científicos de nombres tomados de la Biblia (Adán, Eva, Noé, etc.) es el de mezclar las conclusiones científicas con datos que no son, ni pretenden ser, científicos. Simplemente, no procede cotejar datos científicos, con otros que no lo son. Ciertamente, cuando leemos informaciones relacionadas con *Eva mitocondrial* o con *Adán cromosoma Y*, resulta difícil no pensar, aunque sólo sea de pasada, en los personajes bíblicos. Pero, llegados a este punto, debería siempre aclararse, para evitar equívocos, que cuando se habla de Adán y Eva en términos genéticos, se alude generalmente a poblaciones, o a los genes detectados en ellas, y no a los personajes de quienes se habla en los primeros capítulos del Génesis. Esas denominaciones son sólo modos de referirse a los troncos comunes en los que, según los datos científicos, parecen converger los linajes humanos masculino y femenino. Desde luego, no pretenden ni de lejos desvelar la edad, o la historia (ni cualquier otro rasgo) de quienes muchos consideran —por razones no precisamente científicas— como los primeros padres de la Humanidad. El dato de Underhill plantea, como ya se apuntó, una contradicción que es no sólo aparente, sino también engañosa.

El hecho de que biológicamente haya explicación o no al monogenismo no es una cuestión especialmente relevante. Lo cierto es que hoy en día se barajan diversas hipótesis biológicamente viables. Una de ellas, basada en recientes investigaciones, habla de una reestructuración cromosómica, debida fundamentalmente al paso de

<sup>2[2]</sup> Ayala, F., *Polimorfismos genéticos y evolución de los seres humanos modernos*, Jornadas sobre “Evolución molecular humana”, Museo de la Ciencia de la Fundación “La Caixa” (Barcelona, 24-25 de abril, 2001)

<sup>3[3]</sup> ARNASON, U., *Estimaciones de las divergencias moleculares entre primates, en particular hominoides*, Jornadas sobre “Evolución molecular humana”, Museo de la Ciencia de la Fundación “La Caixa” (Barcelona, 24-25 de abril, 2001)

<sup>4[4]</sup> NGO, K.Y., VERGNAUD, G., JOHNSON, Ch., LUCOTTE, G., y WEISSENBAACH, J., *A DNA Probe Detecting Multiple Haplotypes of the Human Y Chromosome*, Am. J. Hum. Genet., 1986, 38, 407

<sup>5[5]</sup> UNDERHILL, P. et al., *Nature Genetics*, noviembre (2000).

información del cromosoma X al Y, como posible mecanismo de especiación humana. Se trataría, según los genetistas que ha estudian, de una reestructuración fuerte y drástica (un “salto”, y no una acumulación gradual de mutaciones en una población), que posibilitaría un monogenismo desde un solo hombre. La ciencia quizás acabe aportando nuevos datos en esta línea de investigación. Entre tanto, sigue prevaleciendo entre los científicos el prejuicio neodarwinista, que ofrece la hipótesis poblacionista como único modelo de especiación.

### **Amplitud de miras**

La datación realizada por el equipo de Underhill tuvo una buena acogida por parte de quienes interpretan el relato bíblico del Génesis como una mezcla de mitos y leyendas de los pueblos orientales primitivos. No obstante, los autores de dicha investigación se muestran mucho más cautos en sus apreciaciones que quienes suelen comentar sus resultados. Así, Peter Oefner, uno de los investigadores del equipo de Stanford, ofreció esta explicación: *"Hace 59.000 años, un solo cromosoma Y empezó a predominar... Todos los demás cromosomas Y que venían de los tiempos de Eva, 84.000 años antes, se acabaron perdiendo. La razón de esto podría ser la selección sexual, es decir, que las mujeres preferían sistemáticamente a un tipo de hombres que tendían a llevar el nuevo cromosoma. O quizá esos hombres tenían alguna ventaja selectiva en la caza o en la lucha"*. Los autores de la investigación se cuidan muy mucho de no mencionar a los personajes bíblicos, limitándose a exponer un trabajo desarrollado a lo largo de trece años; un trabajo que, en resumidas cuentas, permite inferir que la especie humana actual nació en África oriental hace unos 143.000 años y que 84.000 años después se impuso un nuevo tipo de varón.

Los estudios basados en el análisis del ADN dejan abierto un margen de posibilidades muy amplio, principalmente en el aspecto temporal. Ya se comentó esa circunstancia en relación con el ADNmt. Por lo que respecta a los marcadores del cromosoma Y, si bien la antigüedad media estimada para *Adán cromosoma Y* es de 59.000 años, en realidad dejan abierta la posibilidad de que esos posibles ancestros tuviesen una antigüedad de casi 90.000 años, lo que muestra ya una mayor proximidad con las estimaciones de edad hechas para *Eva mitocondrial*.

Los datos genéticos parecen confirmar, en fin, que el lugar de origen de los humanos modernos, hace unos 100.000 años, es África, y más concretamente el Este del continente. Otras investigaciones<sup>6[6]</sup> han señalado incluso a los bosquimanos Kung y a los pigmeos de Biaka, como las poblaciones actuales ligadas a los linajes humanos más antiguos. En todo caso, no parece que existan razones científicas para poner en duda el relato bíblico que narra la creación por parte de Dios del primer hombre y de la primera mujer, ni la historia de su descendencia. Quienes así lo hacen, quizás pierden de vista que la Biblia no pretende dar nociones científicas. Sí nos da, sorprendentemente, el sentido y significado de lo que sabemos por las ciencias empíricas. En este sentido, resulta reveladora, y a la vez sugerente, la lectura de las primeras páginas del Génesis, donde se recoge una historia asombrosamente armónica con los datos que aportan las investigaciones provenientes de la biología molecular y de la genética.

### **Unidad genética y lingüística**

Entre los argumentos favorables al modelo de dispersión africano, cabe destacar la correlación que se ha observado entre distribución de genes y de lenguas en el árbol filogenético de las etnias humanas. En este sentido, es de obligada mención el estudio realizado en 1988 por Cavalli-Sforza<sup>7[7]</sup>, al cual se debe la primera síntesis de las bases teóricas de la genética de poblaciones actual y el primer intento de elaborar una historia de diferenciación entre los grupos étnicos humanos.

Posteriores investigaciones<sup>8[8]</sup> de este y otros científicos, muestran la confluencia de todas las etnias actuales, hace algo más de 100.000 años, en una única población africana. Una conclusión coincidente en líneas generales con los resultados obtenidos en 1995 por la doctora Johanna Nicols (Universidad de California en Berkeley), según los cuales existe una clara superposición de los parentescos lingüístico y genético entre las diversas poblaciones humanas actuales.

Según estos científicos, las 5000 lenguas actualmente existentes en el mundo tienen su origen más remoto en una *protolengua* que existió hace unos 100.000 años en el Este de África, o quizás en Oriente Medio. De hecho, Cavalli-Sforza va todavía más lejos en sus conclusiones: la clave del éxito en la expansión del hombre moderno se encuentra, según este investigador, en el lenguaje y no tanto en el desarrollo de las tecnologías, como se ha venido insistiendo durante mucho tiempo.

La idea de que el arte es posterior al lenguaje y que *“somos lo que somos, porque hablamos”* es, en efecto, una de las tesis más novedosas defendidas por Cavalli-Sforza, quien ha sugerido la idea de que, para comprender el hombre moderno, es más importante el lenguaje que las industrias líticas. La apuesta parece gratuita, pues de hecho no sabemos prácticamente nada acerca de esa supuesta lengua ancestral; los análisis lingüísticos, en efecto, sólo permiten retroceder hasta hace unos pocos miles de años. En todo caso, la correlación que se observa entre los genes

<sup>6[6]</sup> WALLACE, D.C., *El uso de los genes paternos y maternos para elucidar los orígenes humanos y las enfermedades complejas*, Jornadas sobre “Evolución molecular humana”, Museo de la Ciencia de la Fundación “La Caixa” (Barcelona, 24-25 de abril, 2001)

<sup>7[7]</sup> CAVALLI-SFORZA, L.L., *Genes, pueblos y lenguas*, Investigación y Ciencia, 184, (1992), 4

<sup>8[8]</sup> CAVALLI-SFORZA, L.L., MENOZZI, P. y PIAZZA, A., *The history and Geography of Human Genes*. Princeton University Press. (1995).

y las lenguas actuales podría explicar, entre otras cosas, el hecho de que todos los *Homo sapiens*, y sólo ellos, llegasen a tener un dominio del lenguaje.

### Un diseño con diseñador

En otro orden de cosas, hoy más que nunca se puede afirmar que las investigaciones llevadas a cabo en los últimos años indican, y cada vez con más contundencia, que la presunta oposición entre evolución y acción divina carece de fundamento. Sorprende, en este sentido, que algunos de los más destacados biólogos moleculares no tengan reparo en declararse entusiastas defensores del diálogo entre ciencia y religión, y reconozcan abiertamente que la evolución y la acción divina son compatibles. Uno de ellos, Francisco Ayala, refiriéndose a la creación a partir de la nada, afirma que *“es una noción que, por su propia naturaleza, queda y siempre quedará fuera del ámbito de la ciencia”*. Así mismo, admite que *“otras nociones que están fuera del ámbito de la ciencia son la existencia de Dios y de los espíritus, y cualquier actividad y proceso definido como estrictamente inmaterial”*<sup>9[9]</sup>.

En sus escritos más recientes, Ayala recoge también algunas ideas estrictamente teológicas: *“la existencia y la creación divinas —dice Ayala— son compatibles con la evolución y otros procesos naturales. La solución reside en aceptar la idea de que Dios opera a través de causas intermedias... La evolución también puede ser considerada como un proceso natural a través del cual Dios trae las especies vivientes a la existencia de acuerdo con su plan”*<sup>10[10]</sup>. Son ideas cuando menos sorprendentes, si se tiene en cuenta que han sido escritas por uno de los más destacados representantes del neodarwinismo actual, convencido defensor del poligenismo.

Ideas, en todo caso, que recuerdan también de manera muy significativa estas otras de Juan Pablo II: *“desde el punto de vista de la doctrina de la fe, no se ven dificultades para explicar el origen del hombre, en cuanto cuerpo, mediante la hipótesis del evolucionismo. Es preciso, sin embargo, añadir que la hipótesis propone solamente una probabilidad, no una certeza científica. En cambio, la doctrina de la fe afirma de modo invariable que el alma espiritual del hombre es creada directamente por Dios. O sea, es posible, según la hipótesis mencionada, que el cuerpo humano, siguiendo el orden impreso por el Creador en las energías de la vida, haya sido preparado gradualmente en las formas de seres vivientes antecedentes. Pero el alma humana, de la cual depende en definitiva la humanidad del hombre, siendo espiritual, no puede haber emergido de la materia”*<sup>11[11]</sup>.

Con todo, la aparición en el escenario evolutivo de nuestros ancestros sigue envuelta en el misterio. Cierto es que las investigaciones genéticas parecen estar a punto de despejar algunas de las grandes incógnitas en relación con nuestros orígenes. Pero eso no significa que los científicos tengan en relación con estas cuestiones la última palabra. La ciencia puede ser de mucha ayuda para saber *qué* ocurrió, pero sólo por medio del razonamiento filosófico y teológico se pueden dar respuestas a otras preguntas que nunca podrán responderse a través de la ciencia experimental, como por ejemplo: *¿por qué ocurrió?, ¿quién lo planeó y llevó a término?, ¿por qué lo hizo?*

Octavio Rico  
20 de octubre, 2001

---

<sup>9[9]</sup> AYALA, F., *La teoría de la evolución. De Darwin a los últimos avances de la genética*, Ediciones Temas de Hoy, Madrid, 1994, p. 147.

<sup>10[10]</sup> *Ibid.*, pp. 21-22

<sup>11[11]</sup> JUAN PABLO II, Audiencia general, *El hombre, imagen de Dios, es un ser espiritual y corporal*, 16 abril 1986: *Insegnamenti*, IX, 1 (1986), p. 1041.