

Adán y Eva

Halbert Katzen J.D.¹

Traducción: Jan Herca

http://ubannotated.com/ubthenews/topics/adam_and_eve/

Resumen

En su mayor parte, el relato que da *El Libro de Urantia* sobre Adán y Eva difiere considerablemente del que se encuentra en el Antiguo Testamento. Sin embargo, ambos relatos tienen tres cosas en común: 1) describen una pareja específica, que vivió hace mucho tiempo en la región de Mesopotamia, y que tuvo un impacto significativo en la humanidad, 2) explican que esta pareja se comportó de una manera que causó un gran problema, y 3) el problema de comportamiento precipitó la necesidad de abandonar su ubicación original.

De acuerdo con *El Libro de Urantia*, que fue publicado en 1955, los primeros seres humanos (que se corresponden en su texto más o menos al conocido como *Homo erectus*) evolucionaron hace aproximadamente 1.000.000 de años. También narra que hace casi 38.000 años, Adán y Eva introdujeron algunas mejoras genéticas en nuestro conjunto de genes, lo que mejoró la función cerebral y la resistencia a la enfermedad (que se corresponde aproximadamente con el *Homo sapiens sapiens*). Los autores relatan ampliamente el desarrollo de la civilización que Adán y Eva comenzaron y cómo sus descendientes migraron alrededor del mundo y se mezclaron con otras razas. *El Libro de Urantia* proporciona información específica sobre períodos de tiempo, lugares, grado de mezcla con otras razas y el impacto en el lenguaje y otros aspectos de la cultura.

A partir de 2004, numerosos informes comenzaron a publicarse en relación con partes del cromosoma Y y el gen microcefalina². El gen microcefalina juega un papel crítico en el crecimiento del cerebro. Los resultados

¹Halbert Katzen J.D., con un agradecimiento especial a Fred Harris y Donna Whelan.

²<https://es.wikipedia.org/wiki/Microcefalina>

de la investigación se correlacionan estrechamente con lo que dice *El Libro de Urantia* sobre la difusión de las contribuciones genéticas y culturales de Adán y Eva. La investigación sobre la microcefalina indica que se introdujo nuevo material genético en este gen hace unos 37.000 años y que el resto del gen microcefalina tenía aproximadamente 990.000 años. Ninguna de las explicaciones de cómo se pudo haber introducido el nuevo material encaja bien con los resultados de la investigación. Además, los análisis parecen indicar que este nuevo gen se extendió luego a la mayoría de la población humana con bastante rapidez, a excepción del África subsahariana. De manera similar, los estudios relacionados con el cromosoma Y también documentan cómo se produjeron algunos tipos de mutaciones u otros cambios hace unos 40.000 años, que se originaron en la región de Mesopotamia y se extendieron rápidamente a la mayoría de la humanidad, con excepción del África subsahariana.

La investigación subsiguiente que comparó la propagación de la nueva adición al gen microcefalina con el uso de lenguajes no tonales³ también mostró una fuerte correlación positiva. Estas correlaciones también siguen bien con las migraciones de los descendientes de Adán y Eva que detalla *El Libro de Urantia*. Bruce Lahn, del Instituto Médico Howard Hughes de la Universidad de Chicago y el investigador principal responsable de los estudios sobre el gen microcefalina, ya no trabaja en este área, ya que se desanimó porque los resultados de la investigación y su interpretación inflamaron aún más lo que ya de por sí es un tema controvertido. Véase el informe *Eugenesia, razas y El Libro de Urantia* para una revisión completa de las declaraciones de *El Libro de Urantia* sobre este tema. También hay documentación que apoya la historia de *El Libro de Urantia* sobre Adán y Eva en el informe *El Jardín del Edén* y en el informe *Gobekli Tepe*.

Visión general

Declaraciones en *El Libro de Urantia* respaldadas por la investigación

El Libro de Urantia ofrece años concretos para los albores de la humanidad y para la pareja que despertó las tradiciones religiosas sobre Adán y Eva: «El nacimiento de los dos primeros seres humanos se produjo exacta-

³Las lenguas tonales, a diferencia de las no tonales, son aquellas que usan diferentes tonos o puntos de inflexión para distinguir significados en palabras que de otro modo sonarían idénticas. El ejemplo más claro es el chino. https://es.wikipedia.org/wiki/Lengua_tonal

mente 993.419 años antes del año 1934 de la era cristiana»⁴. «Adán y Eva llegaron a Urantia [La Tierra] 37.848 años antes del año 1934 de la era cristiana»⁵. Y proporciona detalles sobre la ubicación de la segunda residencia de Adán y Eva: «Los dos ríos mismos formaban una buena defensa natural en aquellos tiempos; a poca distancia hacia al norte del segundo jardín, el Éufrates y el Tigris se acercaban mucho, de manera que se podía construir una muralla defensiva de noventa kilómetros para proteger el territorio hacia el sur y entre los mismos ríos»⁶.

El Libro de Urantia indica que Adán y Eva tenían un plan para la elevación genética y cultural de la humanidad y que tenían la intención de que sus descendientes compartieran esta actualización genética en todo el mundo. Los autores hablan sobre el impacto genético y cultural que tuvieron Adán y Eva y sus descendientes en la humanidad. Ejemplos de estas declaraciones incluyen: «Adán y Eva no introdujeron ningún arte de la civilización ajeno al progreso de la sociedad humana, pero la sangre adámica aumentó la capacidad inherente de las razas y aceleró el ritmo del desarrollo económico y del progreso industrial. La donación de Adán mejoró la capacidad cerebral de las razas, acelerando así enormemente los procesos de evolución natural»⁷. «La donación del plasma vital adámico a las razas mortales tiene como resultado una elevación inmediata de la capacidad intelectual y una aceleración del progreso espiritual»⁸. «Seríais mucho más resistentes a las enfermedades si vuestras razas llevaran más sangre adámica»⁹.

Las migraciones de los descendientes de Adán y Eva a Sudamérica y África corren paralelas a la investigación genética. «Ciento treinta y dos miembros de esta raza [los descendientes de Adán y Eva] se embarcaron en una flotilla de barcos pequeños en el Japón y llegaron finalmente hasta América del Sur; por medio de matrimonios mixtos con los nativos de los Andes, dieron nacimiento a los antepasados de los soberanos posteriores de los Incas»¹⁰. «[Los descendientes de Adán y Eva] Efectuaron una aportación considerable a los grupos de pueblos sangiks del norte del Sahara. Pero sólo unos pocos instructores y comerciantes penetraron en África

⁴LU 62:5.1. Año 991.485 a. C. *El Libro de Urantia* da muchas fechas relativas al año 1934 porque aunque se publicó por primera vez en 1955 se terminó de escribir mucho antes, en 1934.

⁵LU 74:0.1. Año 35.914 a. C.

⁶LU 76:1.3.

⁷LU 81:5.1.

⁸LU 52:3.6.

⁹LU 76:4.7.

¹⁰LU 78:5.7.

más al sur de la cabecera del Nilo»¹¹.

Además, existe una correlación entre la migración de los descendientes de Adán y Eva y el desarrollo de los lenguajes no tonales. Las lenguas no tonales, como el inglés y otros idiomas europeos, no requieren que una palabra tenga un énfasis inflexivo específico para imbuirse del significado deseado. «Muchas lenguas modernas se derivan de este lenguaje primitivo de las tribus de Asia central [descendientes de Adán y Eva] que conquistaron Europa, la India y las regiones superiores de las llanuras de Mesopotamia»¹².

Investigación de la microcefalina haplogrupo D

El gen microcefalina (MCPH1) regula el tamaño del cerebro. Ha evolucionado bajo una «fuerte selección positiva» en el linaje evolutivo humano. Esto significa que, una vez que se ha introducido, el gen microcefalina (y cambios similares como el que ocurrió hace 37.000 años) se diseminó rápidamente, lo que generalmente indica alguna ventaja específica de supervivencia o una fuerte preferencia. La investigación indica que la selección positiva con respecto al gen microcefalina se ha producido a lo largo de la historia de la evolución hasta los seres humanos. Un nuevo segmento de material genético, el haplogrupo¹³ D, se introdujo en el gen microcefalina en humanos a partir de un «único progenitor» hace «unos 37.000» años. Ha alcanzado el 70 % de la población humana, pero tiene porcentajes significativamente más bajos en el África subsahariana. Hay algunos indicios de que podría haberse originado en el área general de Mesopotamia. Tanto los nativos americanos del sur como los del centro tienen haplogrupo D en altos porcentajes, pero el porcentaje es un poco más alto en América del Sur.

Un estudio posterior determinó que existe una fuerte correlación positiva entre la propagación del haplogrupo D de la microcefalina y el uso de lenguajes no tonales. La investigación en este área indica que la genética juega algún papel en el uso de lenguas no tonales, pero los investigadores son reacios, a pesar de la naturaleza geográfica de las variaciones, a sugerir que los lenguajes no tonales son superiores.

¹¹LU 78:5.5.

¹²LU 78:5.3.

¹³Un haplogrupo, o conjunto de haplotipos, es en genética un grupo grande de combinaciones de genes que se transmiten juntas a la descendencia. <https://es.wikipedia.org/wiki/Haplogrupo>

El estudio de Stanford

Un estudio realizado en la Universidad de Stanford se centró en «un conjunto de datos de variación de secuencia de ADN en tres genes del cromosoma Y[...] en una muestra mundial de cromosomas Y humanos[...]» «La mutación 1 define un clado¹⁴, separado de los profundos linajes africanos. Dentro de este clado, un clado más joven, que consta de 21 linajes de los cuales sólo uno es africano, se define por la mutación 2...» «La edad de la mutación 2, alrededor de 40.000 años atrás, representa una estimación del momento del comienzo de la expansión global». Al especular sobre los resultados, que fueron difíciles de interpretar, el informe dice: «Una solución a esta aparente discrepancia es la posibilidad de que el cromosoma Y esté sujeto a una selección bastante fuerte... El posible papel de la selección parece bastante plausible...»

El haplogrupo F

Un informe sobre el haplogrupo F del cromosoma Y establece:

El antepasado fundador del haplogrupo F vivió [...] en el actual Medio Oriente y sus descendientes se convirtieron en los fundadores de los haplogrupos G hasta R. Los descendientes de los haplogrupos G a R representan más del 90 % de la población actual del mundo.

Hoy en día, la antigua e indiferenciada línea del haplogrupo F original está localizada principalmente en Oriente Medio. Los descendientes del haplogrupo F están casi ausentes en el África subsahariana, lo que respalda aún más la teoría de que el haplogrupo F se formó poco después de que sus ancestros migraran fuera de África.

Un estudio más reciente, publicado en 2008 y usando técnicas de datación más avanzadas, sitúa la fecha de inicio en el 48.000 a. C. (38.700 - 55.700 a. C.).

La controversia

No es sorprendente que las investigaciones que documentan la rápida diseminación del material genético que afecta el crecimiento cerebral que

¹⁴Un clado es como se denomina en biología a cada una de las ramificaciones que se obtiene después de hacer el único corte en el árbol filogenético. Empieza con un antepasado común y consta de todos sus descendientes, que forman una única rama en el árbol de la vida. <https://es.wikipedia.org/wiki/Clado>

aparece en altos porcentajes en todas partes, excepto en el África subsahariana, den lugar a interpretaciones que tienen buenas posibilidades de ser controvertidas y subordinadas a los dictados de lo «correctamente político». En este caso, se publicó un extenso artículo en el *Wall Street Journal* sobre el tema, señalando que «sitios web y revistas que promueven el ‘racismo’ blanco se estaban aprovechando de la sugestiva aportación científica del Dr. Lahn. Una revista que culpa a las personas negras e hispanas de los males sociales aclamó a su descubrimiento como *el momento que los antirracistas y los igualitaristas temen*».

El artículo revela que el principal genetista involucrado en la investigación de las microcefalinas, Bruce Lahn, ya no estaba interesado en continuar con la investigación. «El Dr. Lahn, que abandonó China después de participar en las protestas prodemocracia, dice que la “policía” intelectual en los Estados Unidos hace que esas investigaciones sean difíciles de continuar». «La oficina de patentes de la universidad también está teniendo dudas. Su director, Alan Thomas, dice que su oficina está retirando una solicitud de patente presentada el año pasado que cubriría el uso del trabajo del Dr. Lahn como una prueba de inteligencia basada en el ADN. «Realmente no queremos terminar en la primera plana...por hacer eugenesia», dijo el Sr. Thomas».

Los autores de *El Libro de Urantia* son directos al afirmar que 1) a pesar de la importancia preeminente de nuestra igualdad espiritual y los requisitos morales que esto conlleva, somos fisiológica e intelectualmente diversos de maneras razonablemente categorizadas como «superiores» e «inferiores» y 2) hasta cierto punto, estas diferencias se relacionan con una introducción de Adán y Eva de una genética superior. Este aspecto de *El Libro de Urantia*, por bien alineado que esté con la ciencia, toca un tema sensible de una manera que algunas personas consideran «políticamente incorrecto». Afortunadamente, *El Libro de Urantia* también ofrece explicaciones y perspectivas nuevas y mejoradas para acompañar a este controvertido (y cada vez más corroborado) material.

Sin una comprensión exhaustiva de la posición de *El Libro de Urantia* sobre la eugenesia y las razas, hay una alta probabilidad de que las declaraciones que hace sean tomadas fuera de contexto y malinterpretadas. Esto, a su vez, desalienta la apreciación de la calidad única de credibilidad que está surgiendo con *El Libro de Urantia*, especialmente debido a los avances en el campo de la genética. En un esfuerzo por minimizar tales malentendidos, se ha preparado una revisión exhaustiva de las declaraciones de *El Libro de Urantia* sobre la eugenesia y las razas en el informe *Eugenesia, razas y El Libro de Urantia*. El informe del *Jardín del Edén* y el informe *Gobekli Tepe* documentan datos adicionales para la historia de

El Libro de Urantia sobre Adán y Eva.

Informe completo

Las afirmaciones fundamentales de *El Libro de Urantia*

La comprensión completa de la descripción de *El Libro de Urantia* de quiénes fueron Adán y Eva y la naturaleza de su contribución genética no se tratará en este documento. Hacerlo requeriría profundizar en los aspectos teológicos y cosmológicos del libro que aumentarían significativamente la duración del informe sin proporcionar material que haga que las correlaciones entre *El Libro de Urantia* y las investigaciones recientes sean más o menos válidas. Los aspectos teológicos y cosmológicos de *El Libro de Urantia* se entrelazan con su relato histórico sobre la civilización iniciada por Adán y Eva. Esto presenta ciertos desafíos cuando se trata de proporcionar y contextualizar citas de *El Libro de Urantia*. Las declaraciones en este informe que parecen aludir a otros temas o que parecen innecesariamente vagas o ambiguas probablemente se elaboren de esa manera para evitar entrar en los aspectos teológicos y cosmológicos de este tema. Por supuesto, las notas a pie de página lo llevarán directamente al capítulo de *El Libro de Urantia* que contiene esta información, si le interesa.

Al discutir la contribución genética y cultural introducida por Adán y Eva, *El Libro de Urantia* dice:

La evolución biológica y la civilización cultural no están necesariamente correlacionadas; en cualquier época, la evolución orgánica puede seguir adelante sin obstáculos en medio mismo de una decadencia cultural. Pero cuando se examinan largos períodos de la historia humana, se puede observar que al final la evolución y la cultura se encuentran conectadas como causa y efecto. La evolución puede avanzar en ausencia de la cultura, pero la civilización cultural no florece sin un trasfondo adecuado de progreso racial anterior. Adán y Eva no introdujeron ningún arte de la civilización ajeno al progreso de la sociedad humana, pero la sangre adámica aumentó la capacidad inherente de las razas y aceleró el ritmo del desarrollo económico y del progreso industrial. La donación de Adán mejoró la capacidad cerebral de las razas, acelerando así enormemente los procesos de la evolución natural.¹⁵

A los descendientes de Adán y Eva se les conoce en *El Libro de Urantia* como *adamitas* o la *raza violeta*. La mezcla de *adamitas* y *noditas* (una

¹⁵LU 81:5.1.

raza anterior) se conoce como *anditas*. (Si bien la comprensión de quiénes eran los noditas no es pertinente para este informe, aquellos familiarizados con el relato bíblico de Adán y Eva pueden recordar que Caín dejó el Edén y fue a la «tierra de Nod».) *El Libro de Urantia* afirma:

Los descendientes más puros de la raza violeta habían conservado la tradición adámica de buscar la paz, lo que explica por qué los primeros desplazamientos raciales habían tenido más bien el carácter de emigraciones pacíficas. Pero a medida que los adamitas se unieron con los linajes noditas, que ya eran entonces una raza belicosa, sus descendientes anditas se convirtieron, para su época, en los militaristas más hábiles y sagaces que hayan vivido jamás en Urantia. A partir de entonces, los desplazamientos de los mesopotámicos fueron teniendo un carácter cada vez más militar, y se asemejaron más a auténticas conquistas.¹⁶

Estos anditas eran aventureros; tenían inclinaciones errantes. [...] sus descendientes más tardíos no se detuvieron hasta haber circunnavegado el globo y descubierto el último continente lejano.¹⁷

Con respecto al tema de la salud general y, por lo tanto, de la ventaja reproductiva, vale la pena señalar que *El Libro de Urantia* sí comenta cómo la introducción de la genética de Adán y Eva mejoró la salud.

Los autores comentan sobre «[...] el retroceso de ciertas plantas primitivas hasta los niveles preclorofílicos de las bacterias parasitarias [...] a una escala tan grande e inesperada [...]»¹⁸ Esto se dice «[...] que ha causado muchas enfermedades desoladoras en los mamíferos superiores, principalmente en la especie humana más vulnerable»¹⁹. Los autores afirman que la contribución genética de Adán y Eva podría haber «reforzado los poderes resistentes» del cuerpo humano «para hacerlo prácticamente inmune a todas las enfermedades producidas por el tipo de organismo vegetal»²⁰. «Seríais mucho más resistentes a las enfermedades si vuestras razas llevaran más de la vida adámica»²¹.

El Libro de Urantia es explícito al afirmar que tanto el poder del cerebro como la salud mejoraron con la introducción de la genética de Adán y Eva, que eran «[...] iguales entre sí y sólo difieren en su naturaleza

¹⁶LU 78:4.5.

¹⁷LU 78:4.6.

¹⁸LU 65:5.2.

¹⁹LU 65:5.2.

²⁰LU 65:5.2.

²¹LU 76:4.7.

reproductora y en ciertas dotaciones químicas»²².

Descripción general de la investigación de la microcefalina y el cromosoma Y

Un artículo de septiembre de 2005 publicado por el Instituto Médico Howard Hughes proporciona un buen resumen, y por lo tanto un excelente punto de partida, para apreciar algo de lo que recientemente se descubrió sobre el gen microcefalina.

Los investigadores del Howard Hughes Medical Institute, que han analizado las variaciones de secuencia en dos genes que regulan el tamaño cerebral en poblaciones humanas, han encontrado evidencias de que el cerebro humano sigue evolucionando.

Especulan que si la especie humana continúa sobreviviendo, el cerebro humano puede seguir evolucionando, impulsada por las presiones de la selección natural. Sus datos sugieren que las variantes importantes en estos genes surgieron aproximadamente al mismo tiempo que el origen de la cultura en las poblaciones humanas, así como el advenimiento de la agricultura y la lengua escrita.

El equipo de investigación, dirigido por Bruce T. Lahn, un investigador del Instituto Médico Howard Hughes de la Universidad de Chicago, publicó sus resultados en dos artículos en la revista *Science* el 9 de septiembre de 2005.

Sus análisis se centraron en la detección de cambios en la secuencia en dos genes —la microcefalina y el ASPM, el gen responsable de la «microcefalia hereditaria primaria»— a través de diferentes poblaciones humanas. En los seres humanos, las mutaciones en cualquiera de estos genes puede convertir el gen en no funcional y causar microcefalia, un síndrome clínico en el que se desarrolla el cerebro de un tamaño mucho más pequeño de lo normal.

En los primeros estudios en primates no humanos y en humanos, Lahn y sus colegas determinaron que la microcefalina y el ASPM mostraron cambios significativos bajo la presión de la selección natural durante la realización de la especie humana. «Nuestros estudios anteriores mostraron que la microcefalina

²²LU 51:1.3.

dio evidencias de evolución acelerada a lo largo de todo el linaje de los primates que condujo a los seres humanos, durante los treinta a treinta y cinco millones de años que hemos incluido en la muestra», dijo. «Sin embargo, parece haber evolucionado un poco más lento después. Por el contrario, el ASPM ha evolucionado más rápidamente en los últimos seis millones de años de evolución de los homínidos, después de la divergencia de los seres humanos y los chimpancés.»

Con el fin de identificar la secuencia de cambios que se produjeron en la microcefalina y el ASPM en el linaje evolutivo que condujo a los humanos, Lahn y sus colegas realizaron el siguiente enfoque: se determinaron las secuencias de ADN de los dos genes entre un gran número de especies de primates y se buscaron las diferencias de secuencia entre los seres humanos y los primates no humanos. Al hacer el análisis estadístico de estas diferencias en la secuencia, se pudo demostrar que las diferencias se deben a la selección natural que impulsó importantes cambios de secuencia en el linaje que condujo a los seres humanos. Estos cambios se acumularon probablemente porque confería alguna ventaja competitiva.

La evidencia de que la microcefalina y el ASPM fueron evolucionando por selección natural fuerte en el linaje que condujo a los seres humanos ha llevado a Lahn y sus colegas a considerar la exploración de si estos dos genes se encuentran todavía en evolución por selección en las poblaciones humanas modernas. «En los estudios anteriores, nos fijamos en las diferencias que ya se habían establecido en el genoma humano», dijo. «La siguiente pregunta lógica era preguntarse si el mismo proceso continuaba todavía hoy en día, dado que estos genes han estado bajo una fuerte presión selectiva, lo que lleva a la acumulación de cambios ventajosos en el linaje humano. Si éste es el caso, pensamos que podríamos ser capaces de ver variaciones dentro de la población humana que están aumentando en frecuencia debido a la selección positiva, pero que no se han completado todavía».

Primero, los investigadores secuenciaron los dos genes en una selección étnica diversa de alrededor de 90 personas. Los investigadores también secuenciaron los genes en el chimpancé, para determinar el estado «ancestral» de polimorfismos en los genes y para evaluar el grado de divergencia humano-chimpancé.

En cada gen, los investigadores encontraron conjuntos distintivos de polimorfismos, que son las diferencias de secuencia entre los diferentes individuos. Bloques de polimorfismos ligados se llaman haplotipos, donde cada haplotipo es, en esencia, una variante genética distinta del gen. Encontraron que incluso podían romper los haplotipos en variantes relacionadas llamadas haplogrupos. Su análisis indicó que para cada uno de los dos genes, un haplogrupo ocurre con una frecuencia mucho más alta que la esperada por casualidad, indicando que la selección natural ha aumentado la frecuencia del haplogrupo. Se refirieron al haplogrupo de alta frecuencia como haplogrupo D.

Cuando los investigadores compararon los grupos étnicos en su muestra para el haplogrupo D del ASPM, se encontraron con que se presentaba con mayor frecuencia en las poblaciones europeas y afines, incluida íberos, vascos, rusos, africanos del Norte, Oriente Medio y asiáticos del sur. Ese haplogrupo se encontró con una incidencia menor en asiáticos del este, africanos al sur del Sahara y los indios del Nuevo Mundo. Para la microcefalina, los investigadores encontraron que el haplogrupo D era más abundante en las poblaciones fuera de África que en las poblaciones del África subsahariana.

Para producir datos estadísticos más informativos sobre la frecuencia del haplotipo D entre grupos de población, los investigadores aplicaron sus métodos a una muestra de población mayor de más de mil personas. Este análisis también mostró la misma distribución de haplogrupos.

El análisis estadístico indicó que el haplogrupo D de la microcefalina apareció hace unos 37.000 años, y el haplogrupo D del ASPM apareció hace aproximadamente 5.800 años –ambos mucho después de la aparición de los humanos modernos hace unos 200.000 años. «En el caso de la microcefalina, el origen de la nueva variante coincidió con la aparición de los humanos culturalmente modernos», dijo Lahn. «Y la nueva variante del ASPM se originó en un momento que coincidió con la expansión de la agricultura, el asentamiento de las ciudades, y el primer registro de la lengua escrita. Por lo tanto, una pregunta importante es si la coincidencia entre la evolución genética que vemos y la evolución cultural de los seres humanos era causal, o si existió sinergismo entre sí».

Lahn dijo que el origen geográfico y las circunstancias que rodean la propagación de los haplogrupos sólo se puede conjeturar por esa vía. «Uno puede hacer conjeturas, pero nuestro estudio no revela cómo surgieron estas variantes seleccionadas positivamente», dijo. «Es posible que hayan surgido en Europa o en Oriente Medio y se diseminaron más rápidamente hacia el este y el oeste debido a las migraciones humanas, a diferencia del sur de África por causa de las barreras geográficas. O, podrían haber surgido en África, y se incrementaron en frecuencia una vez los primeros humanos emigraron de África».

Mientras que los papeles de la microcefalina y el ASPM en la regulación del tamaño del cerebro sugieren que la presión selectiva sobre las nuevas variantes puede estar relacionada con la cognición, Lahn hizo hincapié en que esta posibilidad sigue siendo especulativa. «Lo que podemos decir es que nuestros resultados proporcionan evidencia de que el cerebro humano, el órgano más importante que distingue a nuestra especie, es evolutivamente plástico», dijo. Encontrar pruebas de selección en dos de estos genes hace que se refuercen mutuamente, señaló. «Encontrar este efecto en un gen podría ser anecdótico, pero encontrarlo en dos genes se convierte en una tendencia. Aquí tenemos dos genes de la microcefalia que muestran evidencias de selección en la historia evolutiva de la especie humana y que también muestran evidencias de selección en el desarrollo de los seres humanos».

Lahn hizo hincapié en que no sería correcto interpretar los resultados como una indicación de que un grupo étnico es más «evolucionado» que otro. Las diferencias entre los grupos serían menores en comparación con las grandes diferencias en rasgos como la inteligencia dentro de esos grupos, dijo. «Estamos hablando sobre el impacto promedio de las variantes de este tipo», dijo. «Todavía tenemos que tratar a cada uno como individuo. Sólo porque usted tiene un gen que hace más probable que sea un poco más alto, no significa que usted vaya a ser alto, dado el efecto conjunto de todos sus genes y del medio ambiente». Lahn también dijo que existen una multitud de otros genes que probablemente influyen el tamaño del cerebro y su desarrollo, y una mayor investigación podría revelar efectos mucho más complejos de la selección natural sobre dichos genes.

Lahn especuló que los nuevos hallazgos sugieren que el cerebro humano seguirá evolucionando bajo la presión de la selección natural. «Nuestros estudios indican que la tendencia es la característica definitoria de la evolución humana —el crecimiento del tamaño del cerebro y la complejidad— es probable que aún continúe. Si nuestra especie sobrevive durante otro millón de años más o menos, me imagino que el cerebro entonces presentaría importantes diferencias estructurales al del cerebro humano de hoy».

Para la microcefalina y el ASPM, Lahn y sus colegas están tratando de averiguar las características exactas que están bajo la selección natural. También están realizando estudios más detallados de los dos genes en las poblaciones humanas para comprender mejor su historia evolutiva. Y están buscando otros genes relacionados con el cerebro que han cambiado bajo la presión de la selección natural. «Queremos saber la amplitud de la tendencia que estos dos genes representan», dijo Lahn. «¿Tuvimos mucha suerte y dimos con dos raros ejemplos de dichos genes? O bien, son representativos de muchos otros genes en todo el genoma. Yo apostaría, sin embargo, que encontraremos evidencia de selección en muchos más genes».

Lahn y sus colegas están trabajando para entender cómo los cambios sutiles en las secuencias de estos dos genes pueden alterar su función de manera que resulte en la selección favorable. «Si bien hay algunas pruebas de estudios anteriores de que la microcefalina y el ASPM codifican proteínas que regulan la proliferación de las células cerebrales a partir de células madre neurales inmaduras, su función aún no ha sido determinado», dijo Lahn.²³

Dos estudios del cromosoma Y proporcionan apoyo a la historia de Adán y Eva que se encuentra en *El Libro de Urantia*. El primer estudio que vamos a revisar se realizó en la Escuela de Medicina de la Universidad de Stanford en 2000 (el «informe Stanford»).

Hemos considerado un conjunto de datos de la variación de secuencia de ADN en tres genes del cromosoma Y (SMCY, DBY, y DFFRY) en una muestra de todo el mundo de los cromosomas Y humanos [...] En particular, nos hemos cen-

²³ «El cerebro humano todavía está evolucionando» (*Human Brain Is Still Evolving*), *Howard Hughes Medical Institute*, sep. 2005, <http://www.hhmi.org/news/lahn4.html> [Artículo LAHN]

trado en la estimación de la fecha prevista para el ancestro común más reciente y las edades esperadas de ciertas mutaciones con interesantes distribuciones geográficas [...] Aunque los estudios anteriores han señalado que la variación del cromosoma Y muestra estructura geográfica extrema, se estima que la difusión de los cromosomas Y fuera de África es mucho más reciente de lo que se pensaba. También hemos mostrado que nuestros datos indican un crecimiento sustancial de la población en el número efectivo de los cromosomas Y humanos.

La mutación 1 define un clado, separado de los linajes africanos profundos. Dentro de este clado, un clado más joven, que consta de 21 linajes de los cuales sólo uno es africano, se define por la mutación 2 [...].

Es de interés para estimar la edad esperada de la mutación 1, que presumiblemente precedió a cualquier movimiento fuera de África, y de la 2, que habría estado presente en cualquier cuello de botella hipotético antes de la expansión global.

Estos resultados indican que el movimiento masculino fuera de África primero ocurrió alrededor de 47.000 años atrás. La edad de la mutación 2, de alrededor de 40.000 años, representa una estimación del momento de inicio de la expansión global.

En vista del hecho de que gran parte de los últimos 50.000 años los humanos se han dispersado ampliamente por todo el mundo, con un crecimiento rápido de la población de una fracción importante de ese tiempo, llama la atención que el tiempo estimado para el MRCA [ancestro común más reciente] sea tan corto. Del cromosoma Y, se podría concluir que el tamaño de la población ancestral hace 50.000 años era muy pequeña. Sin embargo, este punto de vista no concuerda con los resultados de otros loci, tales como b-globina, que tienen tiempos MRCA muy antiguos.

Una solución a esta aparente discrepancia es la posibilidad de que el cromosoma Y esté sujeto a una selección bastante fuerte, ya sea en la forma de selección positiva para las mutaciones ventajosas (autostop) o la selección negativa contra mutaciones levemente deletéreas (selección de fondo). El posible papel de la selección parece bastante plausible. [...] ²⁴

²⁴Russell Thomson, Jonathan K. Pritchard, Peidong Shen, Peter J. Oefner, y Marcus W. Feldman, «Ancestro común más reciente de los cromosomas Y humanos: evidencias

El otro estudio que vamos a considerar es el que trata con el haplogrupo F en el cromosoma Y («Y haplogrupo F»). La parte del cromosoma Y que es el objeto de estudio de Stanford es distinto del Y haplogrupo F. El microbiólogo Johnathan Storlie, PhD resume la investigación sobre el Y haplogrupo F como sigue:

Los descendientes de la rama del haplogrupo F se distinguen por marcadores en su ADN-Y llamados M89 y M213. La presencia de los marcadores M89 y M213 son únicos para todas las personas que descienden de esta línea y se puede confirmar con las pruebas de SNP.

El haplogrupo F es un haplogrupo importante antiguo cuyos descendientes son los responsables de la formación de la mayoría de las civilizaciones en el mundo de hoy. El fundador del haplogrupo F vivió hace 40.000 a 60.000 años en el actual Oriente Medio y sus descendientes se convirtieron en los fundadores de los haplogrupos G hasta R. Descendientes de los haplogrupos G a R representan más del 90 % de la población actual del mundo.

Hoy en día, el linaje del haplogrupo F original antiguo e indiferenciado se localiza principalmente en Oriente Medio. Los descendientes del haplogrupo F están casi ausentes en África al sur del Sahara, apoyando aún más la teoría de que el haplogrupo F se formó poco después de que sus antepasados emigraran de África.²⁵

Respecto a la edad del Y haplogrupo F, sin embargo, un estudio realizado en 2008 específicamente lo compara contra los resultados de los ensayos publicados en un estudio realizado en 2002 y afirma una mejor metodología para el cálculo de la MRCA. El estudio de 2002 puso la fecha de formalización para el Y haplogrupo F hacia 50.300 a. C. (± 6.500); el estudio de 2008 pone la fecha de formalización en 48.000 a. C. (38.700-55.700).²⁶

a partir de la secuencia de ADN» (*Recent common ancestry of human Y chromosomes: Evidence from DNA sequence data*), *Stanford University School of Medicine*, junio 2000, <https://www.pnas.org/content/97/13/7360.full>, [Informe Standford].

²⁵Johnathan Storlie, «Historia del cromosoma Y haplogrupo F», *Y-DNA Haplogroup History*, <https://sites.google.com/a/luther.edu/johnathan-storlie-phd/john-s-y-dna-haplogroup-history> [Artículo STORLIE]

²⁶Wei Wei, Qasim Ayub, Yuan Chen, Shane McCarthy, Yiping Hou, Ignazio Carbone, Yali Xue y Chris Tyler-Smith, «Una filogenia cromosómica Y humana calibrada basada en la resecuenciación», *A calibrated human Y-chromosomal phylogeny based on resequencing*, *Genome Research*, octubre 2012, <https://genome.cshlp.org/content/23/2/388.full>

Es importante observar que el método utilizado para calcular el MRCA, mientras que proporciona una indicación de cuándo se originó algo, no da una indicación de si había un solo progenitor. En la discusión de Wikipedia del MRCA se afirma: «La existencia de un MRCA (ancestro común más reciente) por tanto, no implica la existencia de un cuello de botella poblacional o una primera pareja».²⁷

Edad de la microcefalina y los cambios relacionados del cromosoma Y

Los avances en el campo de la genética están equipando a los genetistas con las herramientas para hacer especulaciones cada vez más precisas y específicas acerca de cuándo y cómo los cambios genéticos han ocurrido en el pasado. Algunas metodologías sólo producen resultados acerca de cuándo algo ocurrió, mientras que otras también pueden dar indicios acerca de cómo se produjo ese evento. La investigación de la microcefalina proporciona información acerca de cuándo y cómo, pero los estudios del cromosoma Y sólo se ocupan del cuándo.

Al aislar lugares en los cromosomas que son responsables de los rasgos específicos y luego cruzar las frecuencias de estos rasgos en una población dada con un antepasado de base genética, en este caso un chimpancé, los investigadores son capaces de calcular cuándo un rasgo apareció por primera vez en el gen humano. El chimpancé proporciona un punto de referencia, un «grupo externo», del que todas las muestras genéticas humanas se consideran suficientemente distantes.

Los resultados de la investigación de la microcefalina indican lo siguiente:

La edad de la [microcefalina] haplogrupo D resultó ser de 37.000 años, con un intervalo de confianza del 95 % de 14.000 a 60.000 años.²⁸

[Los] cromosomas D se unen a su antepasado común más reciente (MRCA) hace 37.000 años antes del presente, mientras que los cromosomas no-D se unen en una edad mucho más antigua de 990.000 años antes del presente.²⁹

²⁷http://en.wikipedia.org/wiki/Most_recent_common_ancestor

²⁸Patrick D. Evans, Sandra L. Gilbert, Nitzan Mekel-Bobrov, Eric J. Vallender, Jeffrey R. Anderson, Leila M. Vaez-Azizi, Sarah A. Tishkoff, Richard R. Hudson, Bruce T. Lahn, «La microcefalina, un gen que regula el tamaño del cerebro, continúa evolucionando adaptativamente en humanos» (*Microcephalin, a Gene Regulating Brain Size, Continues to Evolve Adaptively in Humans*), *Science*, sep. 2005, <https://science.sciencemag.org/content/309/5741/1717.full>, [Artículo Science]

²⁹Patrick D. Evans, Nitzan Mekel-Bobrov, Eric J. Vallender, Richard R. Hudson, y

El estudio de Stanford establece: «La edad de la mutación 2, hace unos 40.000 años atrás, representa una estimación del momento de inicio de la expansión global». ³⁰ Del mismo modo, el estudio de 2008 sobre el Y haplogrupo F pone la fecha de formalización en 48.000 (38.700-55.700) años atrás.

El Libro de Urantia dice: «Adán y Eva llegaron a Urantia 37.848 años antes del año 1934 de la era cristiana»³¹. En cuanto a los primeros seres humanos, dice: «El nacimiento de los dos primeros seres humanos se produjo exactamente 993.419 años antes del año 1934 de la era cristiana»³². Y también señala: «Estos dos seres maravillosos, los verdaderos padres de toda la humanidad, fueron superiores en todos los sentidos a muchos de sus descendientes inmediatos, y radicalmente diferentes a todos sus antepasados tanto cercanos como lejanos»³³.

En la versión de la historia humana de *El Libro de Urantia*, los dos cambios genéticos más importantes son la mutación que inició la humanidad y la mejora genética aportada por Adán y Eva. Fue publicado décadas antes de que los avances en el estudio de los genes hayan permitido hacer este tipo de investigaciones. La apreciación subjetiva de cuán cerca se alinean los resultados de la investigación con las fechas de *El Libro de Urantia* se dejan a la evaluación del lector, pero resultan patentes.

El progenitor único de la microcefalina haplogrupo D

La afirmación de *El Libro de Urantia* de que el cambio genético que ocurrió hace 37.000 años vino de un único par de individuos está apoyada por la investigación de la microcefalina, que indica que el haplogrupo D provino de un solo progenitor. Curiosamente, en una sección que trata la fisiología de Adán y Eva, *El Libro de Urantia* establece específicamente que eran «iguales entre sí, y sólo diferían en su naturaleza reproductora y en ciertas dotaciones químicas»³⁴.

El carácter específico de la investigación y el análisis que llevó a la conclusión de que el haplogrupo D se originó a partir de un solo progenitor también entra en cuestiones relacionadas con la proveniencia del haplogrupo D y si debe ser considerado como una «actualización» o «mejora»

Bruce T. Lahn; *Evidence that the adaptive allele of the brain size gene microcephalin introgressed into Homo sapiens from an archaic Homo lineage*, *Proceedings of the National Academy of Sciences* (PNAS); <http://www.pnas.org/content/103/48/18178.full>, [Artículo PNAS]

³⁰[Informe Standford]

³¹LU 74:0.1.

³²LU 62:5.1.

³³LU 63:1.1.

³⁴LU 51:1.3.

de la genética humana. La presentación de la investigación de la microcefalina inmediatamente suscitó una controversia y esto se abordará más adelante en este informe. Por ahora, se ofrecen más citas parciales para documentar que «el progenitor único» es, de hecho, la conclusión que se alcanzó.

El cálculo de que todas las copias modernas de los alelos D descenden de un solo progenitor de aproximadamente 37.000 años se basa en la medición de la diferencia de secuencia entre las diferentes copias de los alelos D.³⁵

Dentro de los humanos modernos, un grupo de haplotipos estrechamente relacionado en este locus [microcefalina], conocido como haplogrupo D, surgió de un solo ejemplar hace \approx 37.000 años [...].³⁶

Como vemos todos los informes presentados concuerdan en la afirmación de que existió un «progenitor único», y además en un entorno de fechas muy cercano al que ofrece *El Libro de Urantia*.

Euroasiáticos

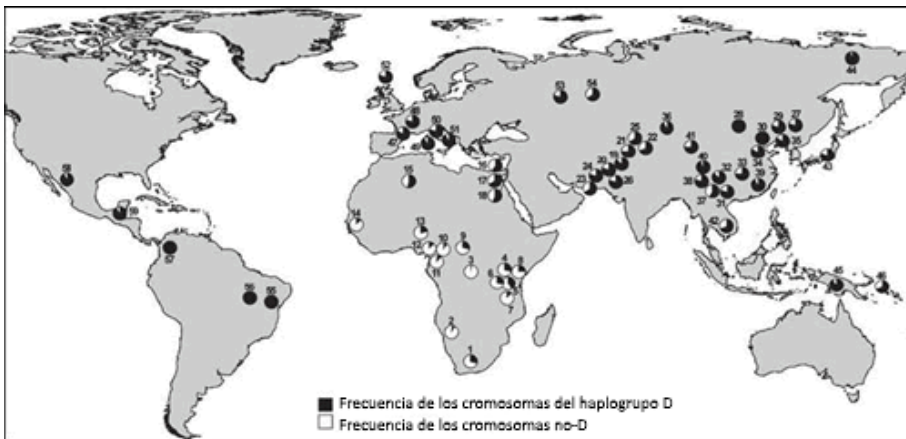


Figura 1: Frecuencias de aparición de los cromosomas

La microcefalina haplogrupo D se encuentra generalmente en altos porcentajes en Eurasia. Vea la figura 1. Esto apoya las afirmaciones hechas

³⁵Bruce T. Lahn; *Could Interbreeding Between Humans and Neanderthals Have Led to an Enhanced Human Brain?*; Instituto Médico Howard Hughes, 6/11/2006, <http://www.hhmi.org/news/lahn20061006.html> [Artículo LAHN2]

³⁶[Artículo PNAS]

en *El Libro de Urantia* con respecto a la migración de los descendientes de Adán y Eva. Los autores del libro relatan:

Algunos adamitas viajaron pronto hacia el oeste hasta el valle del Nilo; otros se dirigieron hacia el este y penetraron en Asia, pero éstos fueron una minoría. El movimiento en masa de las épocas más tardías se dirigió ampliamente hacia el norte y desde allí hacia el oeste. Se trató, en general, de un avance gradual pero continuo hacia el norte; la mayoría se dirigió hacia el norte, y luego dio la vuelta hacia el oeste alrededor del Mar Caspio hasta penetrar en Europa.³⁷

Hace aproximadamente veinticinco mil años, un gran número de los elementos adamitas más puros estaban de camino en su largo viaje hacia el norte. A medida que avanzaban en esta dirección se volvieron cada vez menos adámicos, y en la época en que ocuparon el Turquestán, se habían mezclado por completo con las otras razas, principalmente con los noditas. Muy pocos pueblos violetas de pura cepa penetraron profundamente en Europa o Asia.³⁸

Cuando el período de las primeras emigraciones adámicas terminó hacia el año 15.000 a. de J.C., ya había más descendientes de Adán en Europa y Asia central que en cualquier otra parte del mundo, incluida Mesopotamia. [...] Todas las regiones meridionales de los países que ahora se llaman Rusia y Turquestán estaban ocupadas por una gran reserva de adamitas mezclados con [...] [las razas] roja y amarilla.³⁹

[...] los adamitas formaban una verdadera nación que ascendía a cuatro millones y medio de habitantes, y ya habían derramado a millones de sus descendientes entre los pueblos de los alrededores.⁴⁰

Los nativos americanos

Los resultados de la investigación sobre la microcefalina haplogrupo D y el ASPM, al tiempo que revelan semejanzas que proporcionan apoyo general a la importancia de la microcefalina en la evolución del cerebro humano, también ponen de manifiesto diferencias que hacen que la comparación con *El Libro de Urantia* sea aún más relevante.

³⁷LU 78:3.2.

³⁸LU 78:3.3.

³⁹LU 78:3.5.

⁴⁰LU 78:2.5.

Los comentarios de Lahn acerca del significado de las similitudes entre los genes ASPM y microcefalina son éstos:

«Encontrar pruebas de selección en dos de estos genes se refuerzan mutuamente», señaló. «Encontrar este efecto en un gen podría ser anecdótico, pero encontrarlo en dos genes se convierte en una tendencia. Aquí tenemos dos genes de microcefalia que muestran evidencia de selección en la historia evolutiva de la especie humana y que también muestran evidencia de selección en el desarrollo de los seres humanos.»⁴¹

Sin embargo, la expansión repentina del ASPM haplogrupo D no siguió el mismo patrón que la propagación de la microcefalina haplogrupo D.

Cuando los investigadores compararon los grupos étnicos en su muestra para el haplogrupo D del ASPM, se encontraron con que se presenta con mayor frecuencia en las poblaciones europeas y afines, incluida íberos, vascos, rusos, africanos del Norte, personas de Oriente Medio y asiáticos del sur. Ese haplogrupo se encontró con una incidencia menor en asiáticos del este, africanos al sur del Sahara e indios del Nuevo Mundo. Para la microcefalina, los investigadores encontraron que el haplogrupo D es más abundante en las poblaciones fuera de África que en las poblaciones del África subsahariana.⁴²

Las pruebas realizadas en poblaciones de América del Sur y Central mostró una incidencia especialmente alta de la microcefalina haplogrupo D, teniendo las poblaciones de América Central un poco menos que la población de América del Sur. Esta distinción entre las poblaciones de América del Sur y América Central es consistente con *El Libro de Urantia*. En una sección que cubre el período desde 12.000 a. C. y 8.000 a. C., se relata que cierto número de descendientes de Adán y Eva navegaron en barco a América del Sur desde Asia.

Ciento treinta y dos miembros de esta raza [anditas] se embarcaron en una flotilla de barcos pequeños en el Japón y llegaron finalmente hasta América del Sur; por medio de matrimonios mixtos con los nativos de los Andes, dieron nacimiento a los antepasados de los soberanos posteriores de los Incas.⁴³

La propagación transoceánica de la microcefalina haplogrupo D, en contraste con la expansión más regional del ASPM haplogrupo D, resalta

⁴¹[Artículo LAHN]

⁴²[Artículo LAHN]

⁴³LU 78:5.7.

aún más las similitudes específicas con *El Libro de Urantia* en su explicación de la difusión de los descendientes de Adán y Eva por América del Sur.

Subsaharianos

El relato de *El Libro de Urantia* de las migraciones de los descendientes de Adán y Eva es consistente con los resultados de la investigación que muestran que la microcefalina haplogrupo D está presente en porcentajes significativamente más bajos en las poblaciones subsaharianas.⁴⁴

Aislados en África, los pueblos indígenas, al igual que los hombres rojos, recibieron poca o ninguna de la elevación racial que podrían haber obtenido de la inyección de la sangre adámica.⁴⁵

Los anditas no solamente emigraron hacia Europa sino también hacia el norte de China y la India, mientras que muchos grupos se desplazaron hasta los confines de la Tierra como misioneros, educadores y comerciantes. Efectuaron una aportación considerable a los grupos de pueblos sangiks del norte del Sahara. Pero sólo unos pocos instructores y comerciantes penetraron en África más al sur de la cabecera del Nilo. Más tarde, los anditas mestizos y los egipcios descendieron por las costas orientales y occidentales de África muy por debajo del ecuador, pero no llegaron hasta Madagascar.⁴⁶

Las conquistas migratorias de los anditas continuaron hasta sus últimas dispersiones entre los años 8000 y 6000 a. de J.C. A medida que salían en masa de Mesopotamia, agotaban continuamente las reservas biológicas de sus tierras natales, al mismo tiempo que fortalecían notablemente a los pueblos circundantes. A todas las naciones donde llegaron aportaron el humor, el arte, la aventura, la música y la manufactura. Eran unos hábiles domesticadores de animales y unos agricultores expertos. Al menos en esta época, su presencia mejoraba generalmente las creencias religiosas y las prácticas morales de las razas más antiguas. Así es como la cultura de Mesopotamia se difundió tranquilamente por Europa, la India, China, África del norte y las Islas del Pacífico.⁴⁷

⁴⁴[Artículo LAHN]

⁴⁵LU 64:6.26.

⁴⁶LU 78:5.5.

⁴⁷LU 78:5.8.

La migración mínima de los descendientes de Adán y Eva al África subsahariana también está apoyada por la investigación del cromosoma Y. El estudio de Stanford encontró lo siguiente: «La mutación 1 define un clado, separado de los linajes africanos profundos. Dentro de este clado, un clado más joven, que consta de 21 linajes de los cuales sólo uno es africano, se define por la mutación 2 [...]». ⁴⁸ Por lo que respecta al Y haplogrupo F: «Los descendientes del haplogrupo F están casi ausentes en África al sur del Sahara, apoyando aún más la teoría de que el haplogrupo F se formó poco después de que sus antepasados emigraran de África.» ⁴⁹

Aunque la presencia de la microcefalina haplogrupo D es considerablemente menor en el África subsahariana que en el resto del mundo, es algo más abundante en la región de las cabeceras del río Nilo, lo que, por supuesto, apoya específicamente la afirmación de *El Libro de Urantia* de que «sólo unos pocos instructores y comerciantes penetraron en África más al sur de la cabecera del Nilo». Véase la figura 2.



Figura 2: Área regada por el río Nilo y sus tributarios

El comentario de que «a todas las naciones donde llegaron aportaron el humor, el arte, la aventura, la música y la manufactura» pide ser analizado y estudiado, pero un estudio así excedería el enfoque puramente «científico» de informaciones que pudieran ser corroboradas. Por esta ra-

⁴⁸[Informe Standford]

⁴⁹[Artículo STORLIE]

zón, se deja a la propia evaluación de los lectores este comentario de los autores de *El Libro de Urantia*.

Ubicación original

Una de las similitudes entre el relato bíblico de Adán y Eva y el relato de *El Libro de Urantia* es que ambos afirman que Adán y Eva tuvieron algunos problemas en su ubicación original, lo que precipitó su partida. Al igual que estas narraciones de Adán y Eva los sitúan en Mesopotamia, los resultados de la investigación sobre el Y haplogrupo F también indican un origen en esta región.

El fundador del haplogrupo F vivió [...] en el actual Oriente Medio y sus descendientes se convirtieron en los fundadores de los haplogrupos G hasta el R [...].

Hoy en día, el antiguo linaje original indiferenciado del haplogrupo F se localiza principalmente en Oriente Medio. Los descendientes del haplogrupo F están casi ausentes en el África al sur del Sahara, apoyando aún más la teoría de que el haplogrupo F se formó poco después de que sus antepasados emigraran de África.⁵⁰

El relato de *El Libro de Urantia* ofrece las siguientes declaraciones:

La caravana de Adán necesitó casi un año entero para llegar al río Éufrates. Como lo encontraron crecido, permanecieron acampados casi seis semanas en las llanuras del oeste del río antes de atravesarlo para entrar en las tierras situadas entre los dos ríos, las cuales iban a convertirse en el segundo jardín.⁵¹

[...] Los dos ríos mismos formaban una buena defensa natural en aquellos tiempos; a poca distancia hacia el norte del segundo jardín, el Éufrates y el Tigris se acercaban mucho, de manera que se podía construir una muralla defensiva de noventa kilómetros para proteger el territorio hacia el sur y entre los mismos ríos.⁵²

El segundo Edén fue la cuna de la civilización durante cerca de treinta mil años. Los pueblos adámicos se mantuvieron allí en Mesopotamia, y enviaron a su progenie hasta los confines de la Tierra [...]⁵³

⁵⁰[Artículo STORLIE]

⁵¹LU 76:1.1.

⁵²LU 76:1.3.

⁵³LU 78:0.1.

El centro secundario o septentrional [...] [estaba] situada al este de la costa meridional del Mar Caspio, cerca de los montes Kopet. La cultura y el plasma vital que vivificaron inmediatamente a todas las razas se extendieron desde estos dos centros hacia los países circundantes.⁵⁴

Es importante recordar que relato de *El Libro de Urantia* de la historia de la humanidad está en desacuerdo con la teoría *fuera de África* de la evolución humana. Dice que los humanos evolucionaron hace millones de años en Mesopotamia.⁵⁵ La opinión académica actual, en su mayor parte, adopta una postura en favor de la teoría *fuera de África*. Por lo menos tácitamente, el equipo dirigido por Bruce Lahn acepta esta teoría, porque indican en sus informes:

Los registros fósiles indican que los humanos anatómicamente modernos surgieron por primera vez hace ≈ 200.000 años en África, y desde entonces se extendieron por todo el mundo.⁵⁶

La aparición de los humanos anatómicamente modernos se ha estimado en 200.000 años antes del presente. El haplogrupo D es, obviamente, mucho más joven, lo que indica que la selección positiva estuvo funcionando en un período considerablemente posterior a la aparición de los humanos anatómicamente modernos en África.⁵⁷

Qué es exactamente lo que significa ser un «hombre moderno» y dónde se originaron los humanos modernos son temas suficientemente controvertidos por sí mismos, tanto científica como socialmente. El equipo de Lahn responde a estos temas con una investigación sobre un gen que implica que el crecimiento del cerebro se ha propagado rápidamente a través de la mayor parte de la población, pero en porcentajes mucho más bajos en la población subsahariana. Naturalmente, este tipo de estudios y la interpretación de los datos deben manejarse con delicadeza por los profesionales que trabajan en ellos, como se puede ver en las siguientes declaraciones de la publicación en línea del Instituto Médico Howard Hughes:

Lahn hizo hincapié en que no sería correcto interpretar los resultados como una indicación de que un grupo étnico es más «evolucionado» que otro. Las diferencias entre los grupos serían menores en comparación con las grandes diferencias en rasgos como la inteligencia dentro de esos grupos, dijo. «Esta-

⁵⁴LU 78:1.3.

⁵⁵LU 62:4.3.

⁵⁶[Artículo PNAS]

⁵⁷[Artículo Science]

mos hablando sobre el impacto promedio de las variantes de este tipo», dijo. «Todavía tenemos que tratar a cada uno como individuo [...]». ⁵⁸

Curiosamente, el siguiente párrafo de este mismo artículo continúa diciendo:

Lahn especuló que los nuevos hallazgos sugieren que el cerebro humano seguirá evolucionando bajo la presión de la selección natural. «Nuestros estudios indican que la tendencia es que la característica definitoria de la evolución humana, el crecimiento del tamaño y la complejidad del cerebro, es probable que todavía continúen [...]». ⁵⁹

Cuando la metodología de la investigación –el muestreo estadístico de grupos raciales– apoya hacer las declaraciones anteriores, pero no puede ser «correctamente» utilizado como «indicación» de que «un grupo étnico es más» evolucionado «que otro», uno tiene que preguntarse cuál es la definición de «correcto» y si tiene algo que ver con ser «políticamente correcto». Señalar esto no pretende ser una crítica implícita con respecto a las diferentes formas en que se abordó el tema en estos dos informes o en otros informes y artículos. Más bien, la cuestión es poner de relieve la doble moral a la que se enfrentan los investigadores en cuanto a su elección de estudios, a su informe de los resultados y a sacar conclusiones: sé imparcial en tu trabajo, pero nunca ofendas a la versión actual de lo políticamente correcto.

La cautela, asociada a la interpretación de los datos de una manera que es inconsistente con la teoría predominantemente mantenida, se refleja en las diferencias sutiles entre las declaraciones de dos diferentes publicaciones que surgieron durante el segundo semestre de 2006.

Lahn dijo que el origen geográfico y las circunstancias que rodean la propagación de los haplogrupos sólo se puede conjeturar de esta forma. «Uno puede hacer conjeturas, pero nuestro estudio no revela cómo llegaron estas variantes seleccionadas positivamente», dijo. «Es posible que hayan surgido en Europa o en Oriente Medio y se diseminaran más rápidamente hacia el este y el oeste debido a las migraciones humanas, a diferencia del sur de África debido a las barreras geográficas. O, podrían haber surgido en África, y haberse incrementado en su frecuencia una vez los primeros humanos emigraron de

⁵⁸[Artículo LAHN]

⁵⁹[Artículo LAHN]

África.»⁶⁰

Por otra parte, la distribución de frecuencias en todo el mundo del alelo D, excepcionalmente alto fuera de África, pero bajo en el África subsahariana, sugiere, pero no requiere, una mezcla con una población arcaica de Eurasia.⁶¹

Es interesante observar que la primera cita proviene de un artículo publicado en el sitio web del Instituto Médico Howard Hughes que se ha escrito para «lectura general». Resume y contextualiza la investigación. La segunda cita es de la sección de debate erudito, informe revisado y publicado por el Proceedings de la Academia Nacional de Ciencias (PNAS). En el artículo de lectura general «uno sólo puede hacer conjeturas». Por el contrario, la interpretación académica de los datos justifica una declaración de «sugerir, pero no requerir» con respecto al origen euroasiático –Mesopotamia, por supuesto, ocupa la región central de Eurasia.

Mientras que *El Libro de Urantia*, al afirmar que ocurrió una mejora genética hace unos 38.000 años atrás que implicó una mejora de la función cerebral que no migró mucho al África subsahariana, no está bien alineado con la versión actual de lo que significa ser políticamente correcto, se alinea muy bien con los resultados de la investigación en la microcefalina.

Progreso cultural y la microcefalina haplogrupo D

Entrar en un análisis de las calidades relativas de las diversas culturas establecidas por las diferentes razas no está dentro del alcance de este informe. Sin embargo, teniendo en cuenta las correlaciones directas entre *El Libro de Urantia* y los comentarios en los informes y artículos acerca de la investigación de la microcefalina con respecto a los cambios importantes en el desarrollo humano, están dentro del alcance de este informe. Ejemplos de tales observaciones son las siguientes:

«En el caso de la microcefalina, el origen de la nueva variante coincide con la aparición de los humanos culturalmente modernos», dijo Lahn. «[...] Por lo tanto, una pregunta importante es si la coincidencia entre la evolución genética que vemos y la evolución cultural de los seres humanos era causal, o si existió sinergismo entre sí».⁶²

Ellos [el equipo de investigación de Lahn] especulan que si la especie humana continúa sobreviviendo, el cerebro humano

⁶⁰[Artículo LAHN]

⁶¹[Artículo PNAS]

⁶²[Artículo Science]

puede seguir evolucionando, impulsado por las presiones de la selección natural. Dichos datos sugieren que variantes importantes en estos genes surgieron aproximadamente en los mismos tiempos que el origen de la cultura en las poblaciones humanas, así como la aparición de la agricultura y el lenguaje escrito.⁶³

La distinción entre el «origen de la cultura» y la «llegada de la agricultura y la lengua escrita» pretende ser paralelo a los cambios del «progenitor único» que se produjeron con la microcefalina haplogrupo D y el ASPM, aproximadamente 37.000 y 5.800 años atrás, respectivamente.

En cuanto a la contribución a la cultura de Adán y Eva, *El Libro de Urantia* dice:

[...] La evolución puede avanzar en ausencia de la cultura, pero la civilización cultural no florece sin un trasfondo adecuado de progreso racial anterior. Adán y Eva no introdujeron ningún arte de la civilización ajeno al progreso de la sociedad humana, pero la sangre adámica aumentó la capacidad inherente de las razas y aceleró el ritmo del desarrollo económico y del progreso industrial. La donación de Adán mejoró la capacidad cerebral de las razas, acelerando así enormemente los procesos de la evolución natural.⁶⁴

[...] En resumidas cuentas, Adán y Eva contribuyeron poderosamente a favorecer la civilización y a acelerar el progreso biológico de la raza humana. Dejaron una gran cultura en la Tierra, pero esta civilización tan avanzada no pudo sobrevivir en presencia de la dilución prematura y la sumersión final de la herencia adámica. Son los pueblos los que hacen las civilizaciones; las civilizaciones no hacen a los pueblos.⁶⁵

Estas declaraciones acerca de una civilización superior empezando en Mesopotamia, pero luego experimentando una «dilución prematura» y una «sumersión final», no sólo se apoyan en los descubrimientos arqueológicos que se siguen realizando en el enclave de Gobekli Tepe en Turquía, sino que también explican un aspecto del sitio que en otro caso sería muy misterioso —las estructuras datan de por lo menos doce mil años, pero fueron enterradas intencionalmente hace ocho mil años. Véase el informe de *Gobekli Tepe*.

⁶³[Artículo LAHN]

⁶⁴LU 81:5.1.

⁶⁵LU 76:6.4.

Velocidad

La velocidad a la que se han extendido la microcefalina haplogrupo D, la mutación 2, y el Y haplogrupo F está en armonía con las descripciones de *El Libro de Urantia* sobre las intenciones de Adán y Eva y el grado en que sus descendientes siguieron adelante. Los comentarios en la sección anterior sobre el desarrollo cultural se complementan también, por supuesto, con los resultados de las investigaciones relacionadas con la rapidez con que los cambios genéticos se propagaron.

Cuando un nuevo desarrollo genético se extiende rápidamente en una población, los genetistas, como es natural, se inclinan a creer que hay una razón, para teorizar sobre ella, y luego tratar de probarla. Qué dicen los investigadores acerca de la propagación de estos cambios genéticos se revisará después de ver la explicación dada en *El Libro de Urantia*.

En la descripción de las intenciones y la sabiduría que guió a Adán en el establecimiento de una nueva civilización, los autores relatan que originalmente pretendía:

[...] no iniciar el programa de mejoramiento y mezcla de las razas hasta que su propia familia no contara con medio millón de miembros. Nunca se tuvo la intención de que el Jardín fuera el hogar permanente de los adamitas. Tenían que convertirse en los emisarios de una nueva vida para el mundo entero; tenían que movilizarse para llevar a cabo una donación desinteresada a las razas necesitadas de la Tierra.⁶⁶

[...] debería establecer unos centros raciales, continentales y divisionarios que estarían a cargo de sus hijos e hijas inmediatos, mientras que él y Eva tendrían que repartir su tiempo entre estas diversas capitales del mundo como consejeros y coordinadores del ministerio mundial para el mejoramiento biológico, el progreso intelectual y la rehabilitación moral.⁶⁷

Los problemas asociados con la necesidad de encontrar una nueva ubicación también requirieron un nuevo plan.

Después de haberse establecido en el segundo jardín junto al Éufrates, Adán decidió dejar tras él la mayor cantidad posible de su plasma vital para que el mundo se beneficiara después de su muerte. [...] antes de la muerte de Adán, [...] 1.682 mujeres [...] fueron fecundadas con el plasma vital adámico [a través de inseminación artificial]. Todos sus hijos llegaron hasta la ma-

⁶⁶LU 73:7.3.

⁶⁷LU 73:7.4.

durez, a excepción de 112, de manera que el mundo se benefició así de la adición de 1.570 hombres y mujeres superiores. [...] ⁶⁸

La ubicación y el impacto de los centros culturales que surgieron a raíz de la contribución genética de Adán y Eva se resume de la siguiente manera:

1. *La raza violeta — los adamitas y los adansonitas.* El centro principal de la cultura adamita se encontraba en el segundo jardín, ubicado en el triángulo de los ríos Tigris y Éufrates; ésta fue realmente la cuna de las civilizaciones occidental e india. El centro secundario o septentrional de la raza violeta era la sede adansonita, situada al este de la costa meridional del Mar Caspio, cerca de los montes Kopet. La cultura y el plasma vital que vivificaron inmediatamente a todas las razas se extendieron desde estos dos centros hacia los países circundantes. ⁶⁹

Los mestizajes y las implicaciones culturales de estos cambios también son específicamente señalados:

La cultura del segundo jardín sobrevivió durante veinte mil años, pero sufrió un declive continuo hasta cerca del año 15.000 a. de J.C., cuando la regeneración del clero setita y la jefatura de Amosad inauguraron una era brillante. Las oleadas masivas de civilización que se extendieron más tarde por Eurasia siguieron de cerca al gran renacimiento del Jardín, que fue una consecuencia de las numerosas uniones de los adamitas con los noditas mixtos circundantes, lo cual dio origen a los anditas.

Estos anditas introdujeron nuevos progresos en toda Eurasia y África del norte. La cultura andita dominaba desde Mesopotamia hasta el Sinkiang, y las emigraciones constantes hacia Europa eran continuamente compensadas con la nueva gente que llegaba de Mesopotamia. Pero no es muy exacto hablar de los anditas como de una raza en la propia Mesopotamia hasta cerca del comienzo de las emigraciones finales de los descendientes mixtos de Adán. Para entonces, las razas mismas del segundo jardín se habían mezclado de tal manera que ya no se podían considerar como adamitas.

La civilización del Turquestán se avivaba y renovaba constantemente gracias a la gente que llegaba de Mesopotamia, y principalmente a los jinetes anditas posteriores. [...] [Su lengua]

⁶⁸LU 76:4.8.

⁶⁹LU 78:1.3.

era una mezcla del dialecto andónico de aquella región con el idioma de los adansonitas y los anditas posteriores. Muchas lenguas modernas se derivan de este lenguaje primitivo de las tribus de Asia central que conquistaron Europa, la India y las regiones superiores de las llanuras de Mesopotamia. [...] ⁷⁰

Hay tres capítulos, o «documentos», como los llama *El Libro de Urantia*, que cubren ampliamente la migración de los descendientes de Adán y Eva. Los lectores que deseen información adicional pueden revisar los documentos 78 a 80. Las declaraciones anteriores sobre su impacto general, genética y culturalmente, son parte de un largo relato de las migraciones de sus descendientes y las interacciones con las personas que encontraron. Todo lo cual es, por supuesto, en armonía con la evidencia genética que indica que, aunque se produjo, hubo una expansión especialmente rápida de algunos genes nuevos, probablemente originados cerca de Mesopotamia en la época en la que *El Libro de Urantia* dice que vivieron Adán y Eva: «contando desde el año 1934, 37.848 años atrás».

En genética los términos de selección positiva, selección negativa, y deriva se utilizan, respectivamente, para describir las circunstancias que indican una propensión a extenderse, un obstáculo para la difusión, o una propagación neutral / aleatoria. Naturalmente, la selección positiva fuerte –rápida propagación–, reclama una explicación. He aquí algunos de los comentarios relacionados con la microcefalina haplogrupo D:

El gen microcefalina (MCPH1) regula el tamaño del cerebro durante el desarrollo y ha experimentado una selección positiva en el linaje que conduce al *Homo sapiens*. Dentro de los humanos modernos, un grupo de haplotipos estrechamente relacionados en este locus, conocido como el haplogrupo D, surgió de un solo ejemplar hace ≈ 37.000 años y se extendió con frecuencia excepcionalmente alta ($\approx 70\%$ en la actualidad en todo el mundo), debido a la selección positiva [...]. Además, se refuerza la noción importante de que, a través de una mezcla tal, nuestra especie se ha beneficiado evolutivamente mediante la obtención de nuevos alelos ventajosos. ⁷¹

La edad mucho más joven de la coalescencia de los cromosomas D, a pesar de su frecuencia mucho más alta, es consistente con la acción de la selección positiva en el alelo D como se informó anteriormente. ⁷²

⁷⁰LU 78:5.1-3.

⁷¹[Artículo PNAS]

⁷²[Artículo PNAS]

Este rápido aumento en la frecuencia indica que los alelos D se sometieron a selección positiva en la historia reciente de los seres humanos. Esto significa que estos alelos confieren una ventaja física sobre los que poseía uno de ellos de tal manera que estas personas tenían éxito reproductivo ligeramente mayor que las personas que no poseen los alelos, dijo Lahn.⁷³

Reflexiones en torno a la difusión de la mutación 2 se encuentran en las siguientes declaraciones del estudio de Stanford:

Aunque los estudios anteriores han señalado que la variación del cromosoma Y muestra la estructura geográfica extrema, se estima que la difusión de los cromosomas Y fuera de África es mucho más reciente de lo que se pensaba. También mostramos que nuestros datos indican un crecimiento sustancial de la población en el número efectivo de los cromosomas Y humanos.

La edad de la mutación 2, hace alrededor de 40.000 años, representa una estimación del momento de inicio de la expansión global.⁷⁴

En vista del hecho de que gran parte de los últimos 50.000 años los humanos se han dispersado ampliamente por todo el mundo, con un crecimiento rápido de la población de una fracción importante de ese tiempo, llama la atención que el tiempo estimado para el MRCA sea tan corto. Desde el cromosoma Y, se podría concluir que el tamaño de la población ancestral hace 50.000 años era muy pequeña. Sin embargo, este punto de vista no concuerda con los resultados de otros loci, tales como b-globina, que tienen tiempos muy antiguos de MRCA.

Una solución a esta aparente contradicción es la posibilidad de que el cromosoma Y esté sujeto a la selección bastante fuerte, ya sea en la forma de selección positiva para las mutaciones ventajosas (autostop) o a la selección negativa contra mutaciones levemente deletéreas (selección de fondo). El posible papel de la selección parece bastante plausible [...].⁷⁵

Consideraciones sobre la propagación del Y haplogrupo F se reflejan en estas declaraciones:

El haplogrupo F es un antiguo haplogrupo importante cuyos descendientes son los responsables de la formación de la mayoría de las civilizaciones del mundo de hoy [...]. Los descen-

⁷³[Artículo LAHN2]

⁷⁴[Informe Standford]

⁷⁵[Informe Standford]

dientes de los haplogrupos G a R representan más del 90 % de la población actual del mundo.

[...] Los descendientes del haplogrupo F están casi ausentes en África al sur del Sahara, apoyando aún más la teoría de que el haplogrupo F se formó poco después de que sus antepasados emigraran de África.⁷⁶

La microcefalina haplogrupo D, la mutación 2, y el Y haplogrupo F se extendieron rápidamente en la mayor parte de la humanidad. La rápida expansión durante el período relacionado es del todo armoniosa con *El Libro de Urantia* y su explicación de la difusión de los descendientes de Adán y Eva.

¿De dónde vinieron los cambios rápidamente propagados hace 40.000 años?

La investigación sobre la microcefalina haplogrupo D y la mutación 2 en el estudio de Stanford ambos producen resultados que son difíciles de explicar. Debido a que la investigación llevada a cabo en la microcefalina haplogrupo D indica un solo progenitor, la dificultad en la interpretación de los resultados es un poco más interesante y se le da más atención. Sólo unas pocas observaciones sobre la cuestión ocurren en el estudio de Stanford. «Una solución a esta aparente discrepancia es la posibilidad de que el cromosoma Y esté sujeto a la selección bastante fuerte [...]. El posible papel de la selección parece bastante plausible [...]».⁷⁷

Cuando una introducción genética proviene aparentemente de «la nada» y se propaga rápidamente en la reserva genética humana, los científicos adecuadamente permanecen en el mundo material al especular sobre estas cosas. ¿Es una mutación o es un mestizaje lo que ocurrió, tal vez entre un *Homo sapiens* y un *Homo neanderthalensis*? Mientras que una «completa» comprensión de la perspectiva de *El Libro de Urantia* sobre Adán y Eva requeriría aventurarse en áreas cosmológicas y teológicas, estos detalles no son en absoluto necesarios para apreciar cómo estos nuevos descubrimientos en genética están prestando apoyo a lo que dice el libro acerca de Adán y Eva. Entender que se dice que Adán y Eva provienen de «la nada» es suficiente. Los detalles de la explicación teológica y cosmológica de *El Libro de Urantia* no aportan nada sustancial a la intriga general que se deriva de haber hecho estas afirmaciones antes de que este tipo de investigación haya sido posible.

⁷⁶[Artículo STORLIE]

⁷⁷[Informe Standford]

Debido a su complejidad y la repentina aparición, los genetistas se inclinan a pensar que la microcefalina haplogrupo D tuvo que venir de alguna parte, en comparación con ser una mutación. Esta tendencia se refleja en la notable ausencia de especulaciones acerca de si una mutación ocurrió. El problema es que la evidencia con respecto a la aparición de la microcefalina haplogrupo D admite una teoría «de la nada» o teoría de la mutación, pero la complejidad del haplogrupo D exige una explicación diferente. Así que un mestizaje insólito se convierte en la posibilidad más intrigante para los investigadores.

En este estudio, investigamos el origen del alelo microcefalina D en los seres humanos modernos. Se demuestra que el alelo D es poco probable que haya surgido dentro de una población panmíctica.⁷⁸ En su lugar, nuestros datos son consistentes con un modelo de subdivisión de la población seguido de introgresión⁷⁹ para tener en cuenta el origen del alelo D [...]. Estos dos alelos se distinguen por un gran número de diferencias de secuencia acumulados durante el aislamiento prolongado de las dos poblaciones. Hace ≈ 37.000 años o antes, un evento de entrecruzamiento (posiblemente raro) se produjo entre los dos linajes, trayendo una copia del alelo D en los seres humanos anatómicamente modernos. Aunque la población Homo D-portadora original haya sido desde entonces extinta, esta copia introgresada del alelo D en los seres humanos se ha extendido posteriormente con una frecuencia excepcionalmente alta por gran parte del mundo debido a la selección positiva.

[...]

La especulación sobre la identidad de la población Homo arcaica de la que el alelo D microcefalina introgresó en los modernos genes humanos apunta al linaje neandertal como un potencial (aunque de ninguna manera único) candidato [...].

Nuestros resultados no sólo proporcionan evidencias genéticas en apoyo a la posibilidad de mezcla entre los humanos modernos y un arcaico linaje Homo sino también en apoyo a la idea

⁷⁸Una población panmíctica es una donde todos los individuos son socios potenciales. Esto supone que no hay restricciones de acoplamiento, ni genético o de comportamiento, sobre la población, y que por tanto todas las combinaciones son posibles. <http://en.wikipedia.org/wiki/Panmictic>

⁷⁹En biología, la introgresión es el movimiento de genes de una especie a otra a consecuencia de un proceso de hibridación interespecífica seguido de retrocruzamiento, es decir, de cruzamiento de un descendiente con alguien de la raza paterna. <https://es.wikipedia.org/wiki/Introgresión>

de que la evolución biológica de los seres humanos modernos podría haberse beneficiado de la contribución de los alelos de nuestros familiares arcaicos. En el caso de la microcefalina, es tanto más interesante dado el hecho de que el alelo adaptativo está asociado con un gen importante para el desarrollo del cerebro.

Bajo este escenario, al igual que en el primer escenario, dos poblaciones subdivididas se aislaron reproductivamente unos de otros por un período prolongado, de manera que una población fue fijada con el alelo D, mientras que la otra población se fijó con el alelo no-D. A diferencia de la primera hipótesis, sin embargo, las dos poblaciones no se mezclaron completamente. Más bien, un raro evento de entrecruzamiento ocurrió entre las dos poblaciones hace ≈ 37.000 años, lo que resultó en la introgresión de una copia del alelo D de la población D-portadora en la población no-D. La población D-portadora posteriormente se extinguió, pero la introgresión del alelo D se extendió con una frecuencia excepcionalmente alta en el resto de la población debido a la selección positiva. Debido a que este escenario invoca a la selección positiva específicamente en el locus de la microcefalina, no se espera que tenga un efecto en todo el genoma. Otras regiones del genoma que fueron traídas por el evento de mestizaje se espera que estén perdidas por deriva genética, a menos que también confieran una ventaja selectiva. Como se discute más adelante, la genealogía desequilibrada y profundamente dividida observada en el locus de la microcefalina es muy atípica del genoma, que es coherente con este escenario de introgresión.⁸⁰

Esta investigación apoya el único progenitor. En esencia, esto requiere que el mestizaje sea una ocurrencia rara. Y debido a que no pueden encontrar el haplogrupo D en ningún otro sitio, viniera de donde fuera está ahora aparentemente extinta. Naturalmente, no tiene mucho sentido sugerir que el *Homo neanderthalensis*, que se considera una especie inferior en comparación con el *Homo sapiens*, hubiera contribuido al haplogrupo superior en el gen microcefalina, como lo sugiere la rápida propagación en el 70% de la población de *Homo sapiens*. Pero para el «científico puro» no hay un montón de alternativas acerca de qué especular.

La afirmación de *El Libro de Urantia* de que Adán y Eva vinieron de la nada y empezaron intencionalmente una civilización con un plan de

⁸⁰[Artículo PNAS]

progreso genético de la humanidad encaja bien y de forma sencilla con la evidencia. Además, esto explica por qué los científicos tienen problemas para encontrar cualquier evidencia del «linaje Homo arcaico». Y, naturalmente, esto explica por qué tendrían tantos problemas en la interpretación de los datos de manera que se ajusten estrictamente a otras teorías científicas. La cosmología de *El Libro de Urantia* no puede aportar nada a modo de prueba, pero sí aportar algo a modo de explicación; es consistente con la ciencia y tiene el mérito de hacer avanzar una explicación en anticipo del apoyo de la ciencia.

Las lenguas tonales

A raíz de la investigación de la microcefalina dirigida por Lahn, se desarrolló un interés para determinar si la difusión de la microcefalina haplogrupo D se puede seguir con cualquier otra cosa relacionada con la función cerebral. Esta investigación llevó a la documentación de una fuerte relación con el uso de las lenguas no tonales. Un artículo de mayo de 2007, titulado *¿Hablando en tonos? La culpa es de sus genes*, resume el asunto de esta manera:

Las diferencias genéticas entre poblaciones humanas pueden haber influido en los idiomas que se hablan en el mundo de hoy, según ha sugerido una investigación.

Las personas portadoras de determinadas variantes de dos genes implicados en el desarrollo del cerebro tienden a hablar idiomas no tonales como el inglés, mientras que aquellos con un perfil genético diferente son más propensos a hablar lenguas tonales, como el chino.

En las lenguas tonales, que son más comunes en el sudeste de Asia y en el África sub-sahariana, las diferencias sutiles en el tono pueden cambiar el significado de las vocales, las consonantes y sílabas. Los idiomas no tonales, que prevalecen en Europa, Oriente Medio y África del Norte, usan tonos más altos sólo como una forma de transmitir emoción o énfasis.

[...]

Todos los seres humanos tienen la capacidad innata para hablar con fluidez ambos tipos, pero la investigación indica que los genes pueden hacer una clase un poco más fácil de aprender.

[...]

«Esto no significa que las personas con un conjunto de genes no pueda hablar el otro tipo de lenguaje, o que haya que ser más listo para aprender uno de estos grupos de lenguas en lugar del otro», dijo Robert Ladd, quien dirigió la investigación. «Lo que hemos encontrado, sin embargo, sugiere que estos genes podrían tener un efecto muy pequeño en las personas, y un mayor efecto en las poblaciones en las que viven. A medida que el lenguaje es transmitido culturalmente, tendría entonces más probabilidades de desarrollarse a lo largo de una ruta de acceso que de otra».

Advirtió, sin embargo, que la investigación había encontrado hasta ahora sólo una asociación que parece ser más que el azar, y que era necesario trabajar más para confirmar un efecto causal.⁸¹

El informe de investigación original, publicado en las Actas de la Academia Nacional de Ciencias, se mete en los detalles, por supuesto:

En este sentido, consideramos la relación entre las frecuencias de los alelos y las características lingüísticas tipológicas. En concreto, nos centramos en los haplogrupos derivados del crecimiento del cerebro y los genes relacionados con el desarrollo, microcefalina y ASPM, que muestran señales de selección natural y una estructura geográfica marcada, y respecto al tono lingüístico, en el uso del tono de voz para transmitir las distinciones léxicas o gramaticales. Se postula que existe una relación entre la frecuencia de la población de estos dos alelos y la presencia de tono lingüístico [...] que no es debido a los factores habituales explicativos representados por la geografía y la historia.

Las lenguas tonales son la norma en el África subsahariana y son muy comunes en el territorio continental e insular del sudeste asiático. Son raros en el resto de Eurasia, África del Norte y Australia. Son relativamente comunes en América Central, el Caribe y la cuenca del Amazonas, y ocurren esporádicamente en otros lugares entre las lenguas aborígenes de las Américas.

En el presente estudio, hemos realizado pruebas estadísticas de esta hipótesis sobre la base de un gran conjunto de datos que comprende 983 alelos y 26 rasgos lingüísticos recogidos por

⁸¹Mark Henderson, «¿Hablas con tonos? Culpa a tus genes», (*Speaking in tones? Blame it on your genes*), *The Times*, mayo 2007, <https://www.thetimes.co.uk/article/speaking-in-tones-blame-it-on-your-genes-ctkjvh7qnv>

49 poblaciones del mundo (ver Materiales y Métodos), controlando los factores geográficos e históricos. Se consideraron los rasgos lingüísticos más que agrupaciones lingüísticas (dialectos, lenguas, familias lingüísticas, o filos), debido a que nuestra hipótesis se refiere específicamente a la interacción entre la diversidad lingüística y la diversidad tipológica genética de la población. Hemos encontrado que, en general, la relación entre estas dos diversidades se explica completamente por factores geográficos e históricos, mientras que, en el caso específico del tono, ASPM-D y D-MCPH, existe una correlación importante y significativa entre sus distribuciones, incluso después de controlar la geografía y la historia. Por lo tanto, proponemos que esta relación es causal, es decir, la estructura genética de una población puede ejercer una influencia en el idioma(s) hablado(s) de esa población. Más apoyo experimental será necesario, pero estos hallazgos sugieren una orientación fundamental para futuras investigaciones dirigidas a la comprensión de la compleja relación entre los factores genéticos, la evolución cultural, y los fenómenos lingüísticos.

[La investigación demuestra] que, en general, las características lingüísticas no se correlacionan con alelos [...] [Sino que] tomados individualmente, el tono y ASPM-D y el tono y MCPH-D están muy significativamente correlacionados y la fortaleza de su relación es $>98,5\%$ del total de los 25.558 correlaciones entre rasgos lingüísticos y alelos en nuestra base de datos.⁸²

Curiosamente, los autores de *El Libro de Urantia* mencionan específicamente la relación entre la difusión de los descendientes de Adán y Eva y el desarrollo global de las similitudes lingüísticas.

La civilización del Turquestán se avivaba y renovaba constantemente gracias a la gente que llegaba de Mesopotamia, y principalmente a los jinetes anditas posteriores [...] [Su idioma] era una mezcla del dialecto andónico de esa región con el idioma de los adansonitas y anditas posteriores. Muchas lenguas modernas se derivan de este lenguaje primitivo de las tribus de Asia central que conquistaron Europa, la India y las regiones

⁸²Dan Dediu y D. Robert Ladd, «El tono lingüístico está relacionado con la frecuencia de la población de los haplogrupos adaptativos de dos genes del tamaño del cerebro, ASPM y Microcefalina» (*Linguistic tone is related to the population frequency of the adaptive haplogroups of two brain size genes, ASPM and Microcephalin*), *PNAS*, junio 2007, <http://www.pnas.org/content/104/26/10944.full.pdf>, [Artículo PNAS2]

superiores de las llanuras de Mesopotamia.⁸³

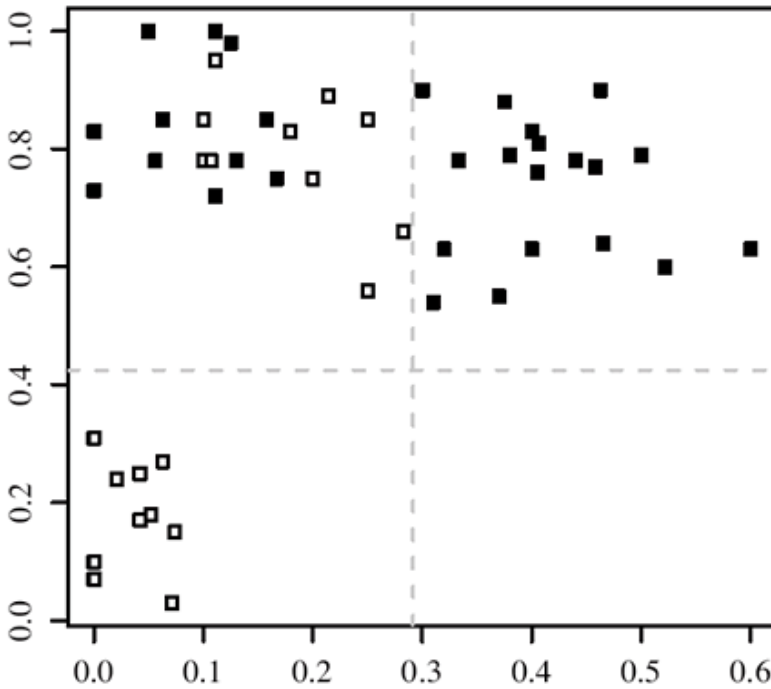


Figura 3: Tono lingüístico versus frecuencia de la población de haplogrupos ASPM y microcefalina. El eje horizontal representa la frecuencia de ASPM-D, donde el eje vertical representa la frecuencia de MCPH-D. Los cuadros negros representan lenguajes no tonales y los huecos lenguajes tonales. Las líneas grises ralladas se corresponden con 0,292 ASPM-D y 0,425 MCPH-D.

Antes de ofrecer una última anotación al informe sobre la relación entre lenguas no tonales y la microcefalina haplogrupo D y haber llegado al final de la presentación de la investigación reciente que apoya a *El Libro de Urantia* acerca de la narrativa sobre Adán y Eva, es importante hacer frente al contexto cultural en el que se realiza este tipo de trabajo de investigación. Queda en evidencia en este punto que los autores de *El Libro de Urantia* relatan una historia integrada de los nuevos desarrollos genéticos y culturales que fueron intencionalmente orquestados.

La donación del plasma vital adámico a las razas mortales tiene como resultado una elevación inmediata de la capacidad

⁸³LU 78:5.3.

intelectual y una aceleración del progreso espiritual.⁸⁴

La evolución puede avanzar en ausencia de la cultura, pero la civilización cultural no florece sin un trasfondo adecuado de progresión racial anterior. Adán y Eva no introdujeron ningún arte de la civilización ajeno al progreso de la sociedad humana, pero la sangre adámica aumentó la capacidad inherente de las razas y aceleró el ritmo del desarrollo económico y del progreso industrial. La donación de Adán mejoró la capacidad cerebral de las razas, acelerando así enormemente los procesos de la evolución natural.⁸⁵

Ellos son directos al afirmar que: 1) a pesar de la importancia preeminente de nuestra igualdad espiritual y las exigencias morales que van asociadas a esto, somos fisiológicamente e intelectualmente diferentes y 2), en cierta medida, estas diferencias están relacionadas con una introducción de Adán y Eva de genética superior. Este aspecto de *El Libro de Urantia*, por muy bien alineado con la ciencia que esté, está haciendo declaraciones audaces sobre un tema muy controvertido y sensible de una manera que mucha gente consideraría «políticamente incorrecto».

Por lo tanto, antes de presentar lo que el equipo de Ladd (que no debe confundirse con Lahn) dijo en 2007 sobre los resultados de la investigación del lenguaje tonal y su relación con las razas, revisaremos primero una parte del artículo de 2.300 palabras que apareció el 16 de junio de 2006 en el Wall Street Journal sobre los aspectos controvertidos de la investigación de Lahn en microcefalina.

En septiembre pasado, Bruce Lahn, profesor de genética humana en la Universidad de Chicago, apareció ante un auditorio repleto y reportó los resultados de un análisis de ADN nuevo: había encontrado indicios de la evolución reciente en los cerebros de algunas personas, pero no de otros.

Fue un momento triunfal para el joven científico. Él disponía de una tenencia y su investigación fue la atracción entre los artículos en la revista de ciencia del país de mayor prestigio. Sin embargo, hoy, el Dr. Lahn dice que se está alejando de la investigación. «Se está haciendo demasiado controvertida», dice.

El Dr. Lahn había tocado un nervio sensible en la ciencia: la raza y la inteligencia.

⁸⁴LU 52:3.6.

⁸⁵LU 81:5.1.

Lo que el Dr. Lahn dijo a su audiencia fue que los cambios genéticos en los últimos miles de años podrían estar relacionados con el tamaño del cerebro y la inteligencia. Mostró mapas que detallaban los cambios que se habían apoderado y extendido por toda Europa, Asia y las Américas, pero no eran comunes en el África sub-sahariana.

Los sitios web y revistas que promueven el «racismo» blanco rápidamente aprovecharon la sugerente visión científica del Dr. Lahn. Una revista que culpa a los negros e hispanos de los males sociales aclamó su descubrimiento como «el momento que los antirracistas e igualitarios habían temido».

El Dr. Lahn ha generado críticas agudas de otros importantes investigadores en genética. Dicen que las diferencias genéticas que ha encontrado pueden no significar una evolución reciente –e incluso si lo han hecho, es un salto demasiado grande para sugerir cualquier vínculo con la inteligencia. «Este no es el lugar en el que deseas informar de una asociación débil que pudo o no ocurrir», dijo Francis Collins, director del programa del genoma de los Institutos Nacionales de Salud.

Varios grupos de científicos han propuesto refutar o cuestionar los descubrimientos del Dr. Lahn. Su propia universidad ahora dice que ha abandonado una solicitud de patente que presentó para cubrir un test de inteligencia basado en el ADN que se inspiró en su obra.

A medida que las herramientas científicas para sondear genes son cada vez más poderosas, la investigación sobre las diferencias humanas se ha disparado. La mayor parte del tiempo, los científicos están buscando pistas sobre las causas de las enfermedades. Sin embargo, algunas investigaciones están levantando tensiones cuando científicos como el Dr. Lahn se arriesgan en los estudios sobre las diferencias genéticas en la conducta o la inteligencia.

[...]

El Dr. Lahn, de 37 años de edad, dice que sus trabajos de investigación, publicados en Science en septiembre pasado, no ofrecieron ninguna opinión sobre razas e inteligencia. Él, personalmente, cree que es posible que algunas poblaciones tengan genes de inteligencia más ventajosos que las de los demás. Y cree que «la sociedad tendrá que lidiar con algunos hechos muy

difíciles» a medida que los datos científicos se acumulan. Sin embargo, el Dr. Lahn, quien salió de China después de participar en las protestas pro democracia, dice que la «policía» intelectual en los EE.UU. hace algunas cuestiones difíciles de perseguir.

La precisión del trabajo del Dr. Lahn y sus puntos de vista sobre la raza se pusieron sobre la mesa en la revisión de su tenencia en otoño pasado, dijo una persona familiarizada con ella. Tras un largo debate, su departamento votó por unanimidad a su favor, de acuerdo con otro miembro de la facultad. Un comité de mayor jerarquía acordó y otorgó al Dr. Lahn el cargo de profesor titular, aunque no fue unánime, dijo esta misma persona.

El Dr. Lahn apoya su trabajo, pero dice que debido a la controversia se está moviendo hacia otros proyectos.[...]

El Dr. Lahn dice que no está tan ansioso como antes de continuar el estudio de las diferencias cerebrales.[...]

La oficina de la universidad de patentes también está teniendo segundos pensamientos. Su director, Alan Thomas, dijo que su oficina está revocando una solicitud de patente presentada el año pasado que se apoyaría en el trabajo del Dr. Lahn como una prueba de inteligencia basado en el ADN. «Realmente no quiero terminar en la primera página [...] por hacer eugenesia», dice el Sr. Thomas.

Más recientemente, el Dr. Lahn dijo que se emocionó cuando un estudiante le preguntó si cierto conocimiento es mejor no tenerlo. Se trata de una perspectiva que se ha ido poniendo candente. El Dr. Lahn dice que una vez trató de testar en sí mismo a qué versión de los genes del cerebro tiene. El resultado del experimento fue borroso y «no se veía bien», dice. No ha intentado probar con sí mismo de nuevo.⁸⁶

Este es el mundo real al tratar de hacer investigación genética con el órgano más importante del cuerpo humano. La gente está preocupada por el descubrimiento de ciertos tipos de información y cómo esa información será interpretada. Esta preocupación es lo suficientemente potente como para afectar el curso de la investigación y la interpretación que se le atribuye.

⁸⁶ Antonio Regalado, «El estudio científico de los genes cerebrales provoca una reacción violenta» (*Scientist's Study Of Brain Genes Sparks a Backlash*), *Wall Street Journal*, 6/6/2006, <https://www.wsj.com/articles/SB115040765329081636>

Teniendo todo esto en cuenta, el informe sobre las lenguas tonales establece lo siguiente:

Nuestros hallazgos por tanto no apoyan ninguna interpretación racial o determinista. Por último, hay que tener en cuenta que este sesgo puede estar a favor o no del tono, pero el hecho de que la no tonalidad se asocia con los haplogrupos derivados [...] sugiere que el tono es filogenéticamente más antiguo y el sesgo a favor de la no tonalidad. El sesgo es presumiblemente un subproducto selectivamente neutral de los dos haplogrupos derivados, que no están conectados a las presiones selectivas sobre ellos, ya que no hay evidencia de que el tono por sí mismo aporte alguna ventaja o desventaja en los hablantes. No podemos, por supuesto, descartar el escenario en el que la selección natural detectada en estos haplogrupos esté parcialmente debida a sus efectos lingüísticos.⁸⁷

Irónicamente, las claras diferencias raciales relacionadas con la propagación de la microcefalina haplogrupo D, que eran parte de la intriga para hacer este estudio, en primer lugar, son una base insuficiente para apoyar ninguna conclusión de que están relacionadas con las razas, a pesar de que las correlaciones entre idiomas tonales, la ausencia de microcefalina haplogrupo D y el África subsahariana son evidentes e indiscutibles. Al parecer, los autores de este informe se muestran tan restringidos en su interpretación del tema, que no están dispuestos a especular incluso sobre el valor relativo de las lenguas tonales y no tonales.

¿Se necesita un doctorado en lingüística para estar calificado en la afirmación de que la flexibilidad lingüística asociada a los idiomas no tonales –es decir, poder impregnar cualquier palabra con cualquier énfasis tonal o inflexión– es superior y ventajosa? ¿Se supone que un sistema más restrictivo de la combinación de la fonética y la flexión debe ser simplemente aceptado como de igual valor, sin discusión de la cuestión en absoluto? ¿Es esto lo que la objetividad académica es?

Comentarios

Por todo tipo de razones este tema se está convirtiendo cada vez más en oportuno y pertinente. La activación de este tema inmediatamente nos enfrenta con complejidades y desafíos en los planos científico y social. Las cuestiones genéticas conducen a problemas de eugenesia. La declaración contundente por parte del director de la oficina de patentes de la Universidad de Chicago simplifica el problema muy bien, «Realmente no quiero

⁸⁷[Artículo PNAS2]

terminar en la primera página [...] por hacer eugenesia». Los autores de *El Libro de Urantia* son igual de buenos en ser contundentes. «La donación de Adán mejoró la capacidad intelectual de las razas, acelerando así en gran medida los procesos de evolución natural»⁸⁸.

La humanidad aprende y crece y cambia con el tiempo. Nuevos descubrimientos y avances científicos nos traen cada vez una comprensión más exacta de nuestro mundo, pasado y presente. *El Libro de Urantia* no cambia con el tiempo y pone su credibilidad al afirmar que «los hechos históricos [...] de esta serie de presentaciones reveladoras permanecerán en los registros de las eras por venir»⁸⁹. Cuando se publicó en 1955, el tipo de técnicas de investigación que dieron origen al presente informe no se había inventado todavía.

Afortunadamente, *El Libro de Urantia* también ofrece amplias explicaciones y puntos de vista para que nos apoyen en el aprendizaje de cómo manejar los hechos y mantener una conversación sobre ellos desde una perspectiva significativamente más «evolucionada». Por favor, lea el informe *Eugenesia, razas, y El Libro de Urantia* para un examen completo de este tema. Si vamos a dejar de temer el descubrimiento de hechos y aprender a utilizarlos para fines colectivos y altruistas, tenemos que abordar las preocupaciones que dan origen a esos miedos de una manera nueva. *El Libro de Urantia* ofrece una perspectiva que no sólo es actual y oportuna, sino también unívocamente creíble de forma incremental desde hace más de cincuenta años.

Naturalmente, basándonos en la tendencia general hacia corroboraciones de información histórica y científica en *El Libro de Urantia*, es muy posible que vayamos a continuar asistiendo a descubrimientos que impliquen otros cambios genéticos que generalmente se corresponden con el tiempo y los patrones de la época y la migración asociada con la historia de Adán y Eva y sus descendientes de *El Libro de Urantia*. Este es un campo que se está desarrollando muy rápidamente, y los estudios mencionados en este informe comenzaron a salir en 2004. La primera vez que se escribió este informe, en 2007, no se tenía aún ninguna de la información sobre los cromosomas Y o los idiomas tonales. La investigación sobre si los resultados de otros estudios han producido paralelos similares a *El Libro de Urantia* está en una etapa temprana de desarrollo.

⁸⁸LU 85:5.1.

⁸⁹LU 101:4.2.

Para profundizar más

Problemas políticos

La Barossa, Australia del Sur: Sólida evidencia de genes relacionados con el Coeficiente Intelectual de las razas al descubierto

El momento en que los racistas y anti-igualitaristas han temido ha llegado.

En septiembre, genetistas de la Universidad de Chicago publicaron los datos en la prestigiosa revista Science que relaciona dos conjuntos de variaciones genéticas (alelos) con el tamaño del cerebro, la raza, y los progresos en la evolución humana. En particular, estas variaciones genéticas supuestamente responsables de una mayor inteligencia fueron relativamente comunes en Europa y Asia, pero mucho menos comunes en el África subsahariana. Anteriormente, los mismos investigadores habían demostrado que estas variaciones eran mucho más frecuentes en el hombre que en otros mamíferos, aunque nuestros parientes más cercanos, los chimpancés, mostraron niveles que sugieren cierta evolución en la dirección de los seres humanos. Este nuevo trabajo excelente de Chicago se ha llevado a cabo bajo la dirección de un joven chino, el Dr. Bruce Lahn. Su equipo había estudiado la prevalencia de variantes de dos genes que están discapacitados o dañados en los casos humanos de microcefalia severa, en la que el cerebro se desarrolla a sólo el 30 por ciento de su tamaño normal. El hecho de que se dañan en microcéfalos sugiere que son necesarias para el crecimiento normal del cerebro.

<http://www.barossa-region.org/Australia/Strong-evidence-for-Race-related-IQ-gene-discovered.html>

Royal Society Publishing, 22 de abril 2007: No hay evidencia de que los polimorfismos de los genes reguladores del cerebro microcefalina y ASPM se asocien con la habilidad mental general, la circunferencia de la cabeza, o el altruismo

Resumen: Probamos la hipótesis de que los polimorfismos de los genes reguladores del cerebro MCPH1 y ASPM contribuyen a las variaciones en el tamaño del cerebro humano y sus correlatos. Se midió la capacidad mental general, la circunferencia de la cabeza y la inteligencia social en 644 adultos canadienses (496 caucásicos, 36 orientales, 84 de descendencia mixta y otros, y 28 negros; 257 hombres y 387 mujeres). Los polimorfismos de genes se evaluaron a partir de ADN bucal; la capacidad mental por el Test Personal de Wonderlic y la Batería de Aptitudes Multidimensional; la circunferencia de la cabeza con cinta rígida, y la inteligencia social a través de cuestionarios de actitud prosocial. A pesar de que todas las medidas

se construyeron válidas y las frecuencias de los alelos mostraron diferencias esperadas de la población, no se encontró relación entre los genes y cualquiera de los criterios. Entre caucásicos de edad entre 18-25 años, por ejemplo, las dos pruebas de la capacidad mental se correlacionaron entre sí ($r = 0,78$, $N = 476$, $p < 0,001$), con las circunferencia de la cabeza ($r = 0,17$, $N = 182$, $p < 0,05$) y con las actitudes pro-sociales ($r = 0,23$, $N = 182$, $p < 0,001$).

<http://rsbl.royalsocietypublishing.org/content/3/2/157.full>

Gene Expression citando un artículo del Wall Street Journal, 16 de junio 2006

La cobertura de la controversia: «En septiembre pasado, Bruce Lahn, profesor de genética humana en la Universidad de Chicago, se apareció ante un auditorio repleto y reportaron los resultados de un análisis de ADN nuevo: había encontrado indicios de la evolución reciente en los cerebros de algunas personas, pero no de otros. Fue un momento triunfal para el joven científico. Él estaba en su tenencia y su investigación fue la atracción en los artículos en la revista de ciencia del país de mayor prestigio. Sin embargo, hoy, el Dr. Lahn dice que se está alejando de la investigación. ‘Se está haciendo demasiado controvertido’, dice el Dr. Lahn había tocado un nervio sensible en la ciencia: las razas y la inteligencia. Lo que el Dr. Lahn dijo a su audiencia fue que los cambios genéticos en el pasado de varios miles de años podría estar relacionada con el tamaño del cerebro y la inteligencia».

<http://www.gnpx.com/blog/2006/06/bruce-lahn-moving-on-to-non-iq.php>

Lenguajes tonales

Replicated Typo, 24 de enero de 2009: ASPM, microcefalina y Tono

Descargo de responsabilidad: Yo sé que este post es sobre un artículo publicado hace un año, sin embargo, aún así voy a escribir sobre ello por tres razones: 1) Hice una presentación al respecto a principios de esta semana (20/01/08); 2) creo que se refiere a un reciente rumor en torno a co-evolución de genes y cultura y, 3) es un documento impresionante.

<http://replicatedtypo.wordpress.com/2009/01/24/aspm-microcephalin-tone/>

PLoS Biol, julio de 2008: Al otro lado del paralelo curioso de la Lengua y la evolución de las especies

Recientemente, la genética se ha unido a la lista de posibles influencias sobre cómo las lenguas cambian. El año pasado, Dan Dediu y Robert Ladd,

dos lingüistas que trabajan en la Universidad de Edimburgo, ha publicado un documento que muestra que la distribución geográfica de las formas variantes de dos genes activos durante el desarrollo del cerebro, llamados ASPM y microcefalina, se correlaciona con la distribución de las lenguas tonales, donde la inflexión de una palabra cambia su significado. En los lugares donde la forma ancestral de los genes es más común, como en el sudeste de Asia y en África sub-sahariana, los idiomas, como el chino y yoruba, tienden a ser tonales. Cuando la forma derivada predomina, como en Europa, Asia occidental y África del Norte, los idiomas, como el español y el alemán, son no tonales. «El cambio cultural y el cambio biológico comparten las mismas propiedades fundamentales de variación, selección y herencia».

<http://www.pubmedcentral.nih.gov/articlerender.fcgi?artid=2475544>

PNAS, 26 de junio de 2007: el tono lingüística está relacionada con la frecuencia poblacional de los haplogrupos de adaptación de los dos genes del cerebro de tamaño, ASPM y microcefalina

Resumen: Las correlaciones entre la diversidad genética entre poblaciones y lingüística son en su mayoría no causales, se deben a los procesos históricos y los factores geográficos que les dan forma de manera similar. Los estudios de tales correlaciones suelen tener en cuenta las frecuencias alélicas y agrupaciones lingüísticas (dialectos, lenguas, familias lingüísticas o filos), a veces controlados por factores geográficos, topográficos o ecológicos. En este sentido, consideramos que la relación entre las frecuencias de los alelos y lingüísticas características tipológicas. En concreto, nos centramos en los haplogrupos derivados del crecimiento del cerebro y los genes relacionados con el desarrollo y microcefalina ASPM, que muestran señales de selección natural y una estructura geográfica marcada, y en tono lingüístico, el uso del tono de voz para transmitir las distinciones léxicas o gramaticales. Se postula que existe una relación entre la frecuencia de la población de estos dos alelos y la presencia de tono lingüística y prueba de esta hipótesis relativa a una gran base de datos (983 alelos y 26 rasgos lingüísticos en 49 poblaciones), mostrando que no se debe a la habituales factores explicativos representados por la geografía y la historia. La relación entre la diversidad genética y la lingüística en este caso puede ser causal: algunos alelos pueden adquisición sesgo de idioma o de transformación y de este modo influir en la trayectoria del cambio lingüístico a través de la transmisión reiteró cultural.

<http://www.pubmedcentral.nih.gov/articlerender.fcgi?tool=pmcentrez&artid=1904158>

Anthropology.net, 29 de mayo de 2007: Papel de ASPM y microcefalina

en tono lingüístico

Quiero compartir con ustedes algunas noticias sobre la investigación aún por publicar del papel de dos genes, ASPM y microcefalina, en el tono del lenguaje, que acaba de llegar a las notas de prensa. ASPM y microcefalina se sabe que juegan un papel en el desarrollo del cerebro de los primates. El papel de estos dos genes en idiomas tonales no se ha investigado hasta ahora.

El tono del lenguaje tiene tangentes directas con la evolución humana y la antropología lingüística. Ahora que lo pienso de ella, incluso la antropología cultural tiene mucho que ver con el tono del lenguaje.

<http://anthropology.net/2007/05/29/role-of-aspm-and-microcephalin-on-linguistic-tone/>

The Telegraph, 30 de abril de 2007: Aprender chino te hace musicales, afirman los científicos

Aprender a hablar mandarín y vietnamita como un niño ayuda a que se sienta más musical, afirma un estudio que sugiere que ser fluido en los idiomas le ayuda a tener una afinación perfecta.

<http://www.telegraph.co.uk/news/newstopics/howaboutthat/5245655/Learning-Chinese-languages-makes-you-musical-claim-scientists.html>

Información adicional

Inter activo Fly: GeneBrief, microcefalina

Una vista general, pero amplia, del gen microcephalin.

<http://www.sdbonline.org/fly/genebrief/microcephalin.htm>

Gráficos circulares de haplogrupos Y y el ADN mitocondrial

Tenga en cuenta que la diversidad genética es mayor en el área en la que *El Libro de Urantia* dice que se produjeron los cambios más importantes de la humanidad.

<http://www.scs.uiuc.edu/~mcdonald/WorldHaplogroupsMaps.pdf>

Wikipedia: microcefalina

Una buena fuente de información general y vínculos de referencia.

<http://en.wikipedia.org/wiki/Microcephalin>

Wikipedia: F haplogrupo del cromosoma Y

Wikipedia mantiene una base de datos del desarrollo de la investigación genética. F haplogrupo del cromosoma Y, en particular, desempeña un papel clave en el paralelismo con *El Libro de Urantia* acerca de Adán y Eva.

[http://en.wikipedia.org/wiki/Haplogroup_F_\(Y-DNA\)](http://en.wikipedia.org/wiki/Haplogroup_F_(Y-DNA))

Science, julio de 2006: Respuesta a un comentario sobre «La evolución permanente de adaptación de ASPM, un determinante tamaño del cerebro del Homo sapiens» y «Microcefalina, un gen que regula el tamaño del cerebro sigue evolucionando de forma adaptativa en los seres humanos»

Resumen: Currat et al. presentan simulaciones por ordenador para argumentar que la estructura de haplotipos encontrados en la microcefalina y los genes ASPM se explican mejor por la historia demográfica y no por selección. Los modelos demográficos que se proponen, sin embargo, contradicen fuertemente una década de investigación empírica sobre la historia demográfica humana y no tienen en cuenta las características críticas de los datos en que se basa nuestro argumento para la selección.

<http://www.sciencemag.org/cgi/content/full/313/5784/172b>

Universidad de Chicago Chronicle, 22 de septiembre de 2005: El análisis de Lahn de los genes indica que cerebro humano sigue evolucionando

La evolución humana de lo que se ha convertido en nuestro órgano más importante, el cerebro, todavía está en curso, informan investigadores de la Universidad en dos artículos relacionados publicados en el Viernes, 9 de septiembre de la revista Science. Los estudios muestran dos genes relacionados con el tamaño del cerebro están evolucionando rápidamente en los seres humanos.

«Nuestros estudios indican que la tendencia es que la característica definitoria de la evolución humana, el crecimiento del tamaño del cerebro y la complejidad, es probable que aún continúe», dijo el investigador principal, Bruce Lahn, profesor asistente en genética humana y un investigador en el Howard Hughes Medical Institute.

<http://chronicle.uchicago.edu/050922/brainevolution.shtml>

Science News, 9 de septiembre de 2005: University Of Chicago - Investigadores encuentran que el cerebro humano sigue evolucionando

La evolución humana, informaron los investigadores de la Universidad de Chicago, está todavía en curso en lo que se ha convertido en nuestro órgano más importante: el cerebro. En dos artículos relacionados, publicados en la edición de 9 de septiembre, 2005, de Science, muestran que dos genes relacionados con el tamaño del cerebro están evolucionando rápidamente en los seres humanos.

<http://www.sciencedaily.com/releases/2005/09/050909221043.htm>

Oxford Journal, 24 de febrero de 2004: La reconstrucción de la historia evolutiva de la microcefalina, un gen que controla el tamaño del cerebro humano

Resumen: El proceso definitorio en la evolución de los primates y los seres humanos en particular, es la dramática expansión del cerebro. Junto a muchos tipos de genes que potencialmente podrían contribuir a este proceso, los genes que regulan específicamente el tamaño del cerebro durante el desarrollo puede ser especialmente relevantes. A continuación, se analiza la evolución del gen microcefalina, cuya mutación nula en los humanos causa microcefalia primaria, un defecto congénito caracterizado por una severa reducción en el tamaño del cerebro, sin otras alteraciones macroscópicas. Se demuestra que la evolución de la secuencia de la proteína microcefalina está muy acelerado en todo el linaje de sus antepasados simios a los humanos y los chimpancés, con la aceleración más pronunciada se observa en los períodos iniciales de este linaje. Además, demostramos que esta evolución acelerada está unida a las firmas de selección positiva. El análisis estadístico indica que cerca de 45 cambios ventajosos de aminoácidos en la microcefalina podrían haber ocurrido durante los 25-30 millones de años de evolución desde principios de progenitores simios a los humanos modernos. Estas observaciones apoyan la idea de que la evolución molecular de la microcefalina puede haber contribuido a la expansión del cerebro en el linaje simio que conduce a los humanos. Recientemente hemos demostrado que el ASPM, otro gen relacionado con la microcefalia primaria, experimentó una fuerte selección positiva en el linaje símico que conduce a los humanos. Por tanto, proponemos que los genes que regulan el tamaño del cerebro durante el desarrollo puede tener la tendencia general de contribuir a la evolución del cerebro en los primates y los seres humanos en particular.

<http://hmg.oxfordjournals.org/cgi/content/full/13/11/1139>