

## ANTROPOLOGIA MOLECULAR Y EVOLUCION DE HOMINOIDEA: ALGUNOS COMENTARIOS

José Luis Fernández Torres\*

“La sequía había durado ya diez millones de años, y el reinado de los terribles saurios tiempo ha que había terminado. Aquí en el ecuador, en el continente que había de ser conocido un día como Africa, la batalla por la existencia había alcanzado un nuevo clímax de ferocidad, no avistándose aún al victorioso.”

Arthur C. Clarke: 2001 Una Odisea Espacial.

Con la creación de la Teoría Sintética de la Evolución, se logra integrar a la genética, la paleoantropología y la sistemática para explicar el proceso de la evolución biológica en su totalidad, (Washburn, 1968, Mayr, 1977).

En 1953, otro descubrimiento produce un nuevo cambio en los enfoques del estudio de la evolución; la determinación del modelo de la doble hélice del DNA por Watson, Crick y Wilkins, sustancia que es responsable de transmitir la herencia en los seres vivos. Gracias a estos avances, en 1962 Emile Zuckerkandl en el “Burg Warstein Symposium on Classification and Human Evolution”, utilizó públicamente el término Antropología Molecular para referirse al estudio del lugar que ocupa el hombre en la taxonomía y evolución de los primates, a partir de la información genética contenida en proteínas y polinucleótidos pertenecientes a estas especies, (Zuckerkandl, 1963; Lasker, 1976; Washburn, 1978).

### *Primates y Taxonomía*

Para los investigadores de la evolución humana, el estudio de los primates presenta dos puntos de interés: en primer lugar, arroja luz sobre la naturaleza bioquímica, fisiológica y anatómica de nuestra especie en relación con los otros primates; y en segundo término, estos estudios permiten inferir datos valiosos para encontrar la historia filogenética del género *Homo*, (Strauss, 1970).

En taxonomía, (por definición ciencia de la clasificación) existen en general dos tipos de sistemas clasificatorios; el artificial y

\* Escuela Nacional de Antropología e Historia.

el natural. En el primero, se agrupan los organismos en base a criterios arbitrariamente determinados, es decir, no existen niveles de relación en sentido de descendencia común o emparentada (v. g. el pingüino y el gorrión, por tener ambos plumas, pico y alas se colocan entre las aves, sin que esto implique parentesco cercano o ascendencia común). Mientras el segundo, se apoya en las relaciones naturales o evolutivas que existen entre los organismos (v.g. la anatomía, genética y etología comparadas). Este sistema es el más empleado en taxonomía pues refleja, hasta donde es posible, la probable evolución de organismos particulares.

Los criterios básicos tomados en cuenta en un sistema de clasificación natural son: el número de características o rasgos morfológicos y genéticos más comunes entre los organismos agrupados como pertenecientes a un tronco común (Nason, 1968). La unidad de clasificación en este tipo de estudios es la especie, la cual se considera como un grupo de organismos con características morfo-genéticas comunes entre sí y que es capaz de reproducirse y dejar descendencia fértil (Dobzhasky, 1975; Ruffié, 1976; Stebbins, 1978). La siguiente unidad clasificatoria importante es el género, categoría taxonómica que podemos definir como un grupo de especies semejantes o relacionadas filogenéticamente.

Desde el punto de vista taxonómico el orden de los primates se divide en dos subórdenes: *Prosimia* y *Anthropoidea*, los prosimios se dividen en tres infraórdenes; *Lorisiformes*, *Lemúridos* y *Tarsi-formes*. Por otra parte, los miembros de *Anthropoidea* se dividen en dos infraórdenes Platorinos (monos del Nuevo Mundo) y *Catarrinos* (monos del Viejo Mundo).

La transición en la evolución de los primates desde el nivel más primitivo hasta el nivel pitecoide, tuvo lugar en el Viejo Mundo probablemente hacia el fin del Eoceno o principios del Oligoceno, (Hill, 1964; Eirmel y DeVore, 1976). Actualmente los platorinos se consideran una rama colateral del árbol filogenético del tronco que conduce a los antropoides y al hombre (Szalay, 1975).

El grupo de los *Anthropoidea* son los primates actuales que más nos interesan en estudios de evolución a nivel cromosómico y molecular. Este grupo pertenece a la Superfamilia *Hominoidea* a la cual pertenecemos nosotros. Esta se conforma por 11 géneros; 3 Familias y 3 Subfamilias, en la tabla 1 se ilustra esta clasificación.

Estas clasificaciones se han hecho fundamentalmente en base a criterios morfológicos y reafirmados mediante métodos genéticos, secuenciando y comparando moléculas protéicas e infiriendo parentesco para los miembros extintos. Mediante estos métodos, Fitch y Margoliach (1967), han elaborado árboles filogenéticos estableciendo distancias mínimas de mutación entre 20 especies distintas.

TABLA 1

## CLASIFICACION DE LA SUPERFAMILIA HOMINOIDEA

<i>NOMBRE TAXONOMICO</i>		<i>NOMBRE COMUN</i>
Familia	<i>Oreopithecidae</i> *	
Género	<i>Oreopithecus</i> *	
Familia	<i>Hylobatidae</i>	
Subfamilia	<i>Hylobatinae</i>	
Género	<i>Hylobates</i>	Gibón
	<i>Synphalangus</i>	Siamang
Familia	<i>Dryopithecidae</i> *	
Subfamilia	<i>Dryopithecinae</i> *	
Género	<i>Dryopithecus</i> *	
	<i>Gigantopithecus</i> *	
Familia	<i>Pongidae</i>	
Subfamilia	<i>Ponginae</i>	
Género	<i>Pongo</i>	Orangután
	<i>Pan</i>	Chimpancé
	<i>Gorilla</i>	Gorila
Familia	<i>Hominidae</i>	
Género	<i>Ramapithecus</i> *	
	<i>Australopithecus</i> *	
	<i>Homo</i>	Hombre

\* Los asteriscos indican miembros extintos. Modificado de Campbell (1974: 69).

Dado el estado fragmentario y escaso del registro fósil, éstos y otros métodos se han elaborado para establecer el tiempo de separación evolutiva de nuestros ancestros y los monos antropoides. En este tipo de problemas, en los últimos años de la década de los sesentas del presente siglo, los antropólogos físicos, trabajando en unión con biólogos moleculares, han intentado establecer el lugar que ocupa el hombre entre los primates a nivel filogenético. Los resultados han indicado que la línea humana se distingue de la antropoide en sólo cuatro o cinco millones de años, mientras que la filogenia obtenida y aceptada por la paleoantropología para estas líneas es de treinta millones de años, lo que representa una antigüedad seis veces mayor a la obtenida por métodos moleculares (Krantz, 1975).

El análisis del registro fósil nos provee en cierta medida, de evidencias para inferir el comportamiento de nuestros remotos an-

cestros, así como para reconstruir la filogenia de nuestra especie; pero ¿qué pasa cuando el registro fósil es tan escaso y fragmentario? La bioquímica y la genética molecular son fundamentales en este problema.

### *Antropología y Ciencia Experimental*

Los científicos interesados en el estudio de la evolución a nivel molecular, han observado que si se calcula el número de cambios en la secuencia de nucleótidos de dos especies emparentadas, es posible medir las diferencias evolutivas de éstas. Al comparar DNA de un hombre y el de un chimpancé, el grado de relación evolutiva existente entre ellos es mensurable; el resultado es que el hombre difiere del chimpancé en sólo 2.5%; del gorila aproximadamente en 2.9% y del resto de los primates en más del 10%. No obstante, la taxonomía molecular concuerda con la taxonomía morfológica al ubicar a los primates en la misma línea filogenética.

Las unidades medidas con métodos moleculares son las mismas sin importar el tipo de individuos que se tomen como muestra; es decir, las moléculas de cualquier hombre o de cualquier mujer independientemente de su origen racial tendrán la misma secuencia de bases. Por ejemplo, los genes que codifican para la hemoglobina normal del adulto están constituidos por la misma secuencia en cualquier ser humano (excepto las moléculas polimórficas, las variantes raras y los casos patológicos), lo mismo es válido para las distintas moléculas de DNA en los primates. Así, para comparar el DNA humano y el del chimpancé, basta como muestra un sólo individuo de cada especie.

Secuenciar proteínas es otro poderoso método para obtener distancias evolutivas entre las especies. En general, existen tres métodos para estudiar relaciones evolutivas a nivel molecular: 1) hibridación del DNA; 2) por secuencia de aminoácidos y 3) fijación de complemento.

#### *1) Hibridación del DNA*

Mediante el método de hibridación, es posible determinar si el DNA de dos especies distintas tiene secuencias complementarias y de qué extensión pueden ser éstas. La doble hélice del DNA al ser desnaturalizada tiende a aparearse de nuevo, debido a la interacción de diversas fuerzas electrostáticas. Al calentarse el DNA arriba del punto de fusión y dejarse enfriar con lentitud, cada hélice que tenga secuencias complementarias formará un DNA híbrido, es decir sólo las secuencias homólogas se aparean normalmente mientras que las no homólogas, por no tener afinidades

electrostáticas, no lo hacen. La extensión del híbrido se determina marcando una de las especies del DNA con fósforo radioactivo ( $p^{32}$ ), posteriormente por centrifugación en gradiente de densidades, las distintas hélices dobles y sencillas se pueden separar de la mezcla, y la cantidad de radioactividad encontrada en el híbrido recién formado se mide por electroforesis, (Lehninger, 1975). La longitud del DNA híbrido depende por tanto, de la cercanía evolutiva de las especies.

## 2. *Secuencias de aminoácidos*

Un segundo método para obtener distancias evolutivas es comparando proteínas de diferentes especies. Mientras más similares sean las secuencias de aminoácidos en las cadenas comparadas, más cercano será el parentesco evolutivo de las especies. Por ejemplo, la hemoglobina del hombre y el chimpancé son idénticas en cuanto a secuencias de aminoácidos; entre el hombre y el gorila existen sólo dos diferencias en esta proteína mientras que entre el canguro y el hombre existen cerca de 43 aminoácidos diferentes en la misma cadena (Edey, 1975). Estas determinaciones se hacen a partir de métodos electroforéticos (Jamusch y Hill, 1965) y de computación (Dayhoff, 1969).

## 3. *Fijación de complemento*

Este método se elabora en base a la capacidad que tienen los animales para formar anticuerpos ante una sustancia extraña (Bellanti, 1970). Si por ejemplo se extrae seroalbúmina de la sangre humana y se inyecta a algún conejo, éste produce anticuerpos antihumanos; el suero con anticuerpos antihumanos reacciona con la proteína fijando mucho complemento, es decir que se forma una gran cantidad de precipitado, lo cual se puede observar si el experimento se efectúa *in vitro*. Si por otra parte, se mezcla seroalbúmina de chimpancé y suero con anticuerpos antihumanos del conejo, también se formará mucho precipitado en el tubo de ensaye. Pero si este procedimiento se sigue con proteína de caballo y suero de conejo el precipitado será mínimo o casi nulo ya que los anticuerpos antihumanos contenidos en el suero de conejo no reaccionan o lo hacen muy débilmente. Dado que el caballo es diferente en muchos aspectos al hombre, al chimpancé y al gorila, pues la distancia evolutiva entre el caballo y estos primates es enorme.

*Taxonomía Molecular y Filogenia*

Empleando los métodos antes descritos es posible construir la llamada quimiotaxonomía o taxonomía molecular. Esta coloca a los hilobátidos (gibón y siamang) en una posición separada en la escala filogenética con respecto a los póngidos (gorila, orangután y chimpancé), ambos grupos pertenecen a la superfamilia Hominoidea (Goodman y Lasker, 1975). También se observa que el orangután difiere del gorila y del chimpancé y éstos a la vez son más cercanos al hombre. La tabla 2 muestra estas diferencias a partir de secuencias de proteínas y de hibridación de DNA.

TABLA 2

DIFERENCIAS MOLECULARES ENTRE PONGIDOS Y HOMBRE.  
TOMADO DE GOODMAN Y LASKER (1975)

<i>Género</i>	<i>Molécula</i>	<i>Diferencias respecto a Homo</i>
Pan	anhidrasa carbónica	1 aa*
Pongo	anhidrasa carbónica	4 aa*
Pan	fibrinopéptico A y B	0 aa*
Gorilla	fibrinopéptico A y B	0 aa*
Pongo	fibrinopéptico A y B	2 aa*
Pan	hemoglobina alfa y beta	0 aa*
Gorilla	hemoglobina alfa y beta	1 y 1 aa*
Pan	mioglobina	1 aa*
Pan	citocromo C	0 aa*
Pan	DNA	pocas diferencias
Gorilla	DNA	pocas diferencias
Pongo	DNA	mayor diferencia

\* aa indica aminoácidos.

En 1972 Kohome y cols., efectuaron experimentos de hibridación de DNA usando tipos homólogos entre el hombre y el mono verde. Hoyer y cols., simultáneamente hicieron el mismo tipo de experimentos con DNA de orangután, hombre y mono verde; y los resultados de ambos experimentos fueron ajustados en una sola tabla por Goodman y Lasker (1975).

TABLA 3

DISTANCIAS DE DNA NO REPETITIVO EN DIFERENTES ESPECIES DE PRIMATES (DATOS AJUSTADOS DE HOYER Y COLS., 1972, Y KOHNE Y COLS., 1972). EN: GOODMAN Y LASKER (1975)

<i>Especie</i>	<i>Hombre</i>	<i>Orangután</i>	<i>Mono Verde</i>
Hombre	0	4.9	9.6
Chimpancé	1.8	4.7	9.6
Gorila	2.3	5.8	— —
Orangután	4.9	0	— —
Gibón	4.9	6.2	9.6
Mono verde	9.5	11.0	0
Macaco	— —	— —	3.5
Mono Capuchino	15.8	— —	16.5
Galago	42.0	— —	42.0

Los resultados de la tabla anterior proporcionan una evidencia más de que el chimpancé y el gorila son cladísticamente más cercanos al hombre que el orangután y otros primates.

De acuerdo con el dogma central de la biología molecular, la evolución de la estructura protéica es el reflejo más fiel de la evolución de los genes (Dyles, 1976). Varios autores han propuesto posibles mecanismos de evolución a este nivel (Ohono; 1980): Por ejemplo, Ingram (1963) tomando en cuenta el tiempo transcurrido a partir de la evolución de los primeros vertebrados (500 millones de años) sugiere que los genes que codifican las cuatro cadenas de hemoglobina sufrieron, en su proceso evolutivo, cuatro duplicaciones a partir de un ancestro común mioglobinoide; la separación entre la mioglobina y las cadenas de hemoglobina, se infiere de la similitud en las secuencias de aminoácidos entre tales moléculas.

### *Inmunofilogenia*

Los resultados obtenidos respecto a la filogenia de los primates mediante el método de fijación de complemento, antes descrito, presentan grandes diferencias con los obtenidos por los paleoantropólogos a partir del registro fósil. Sarich y Wilson (1967a) plantean que el registro fósil es poco adecuado para estimar los tiempos de separación entre las líneas evolutivas que conducen a los primeros homínidos, puesto que tales fechas fluctúan entre 4 y 30 millones de años. La argumentación, la hacen en los siguientes términos: "La ausencia de un registro fósil adecuado ha forzado a los investi-

gadores de la evolución a evaluar la significancia filogenética de características anatómicas y conductuales en las especies de primates vivientes para intentar resolver esta controversia. La naturaleza del problema es tal, que aún no se ha dado una respuesta definitiva. Las estimaciones actuales fluctúan entre principios del Mioceno y finales del Plioceno, para fechar el origen de los homínidos" (p. 1200). Este gran intervalo conduce a dos tipos de interpretaciones: 1) que estas líneas evolutivas son cercanas a los prosimios y 2) que el ancestro común de los póngidos y los homínidos fue un ser parecido a un chimpancé; mientras que con el uso de la información molecular se puede hablar de un ancestro común a nivel protéico.

Usando el método del complemento se ha obtenido la distancia inmunológica (ID) de la albúmina del chimpancé y del hombre, ambas moléculas, aunque evolucionaron independientemente, son homólogas. A partir de estos datos se construyó el árbol filogenético de la figura 1.

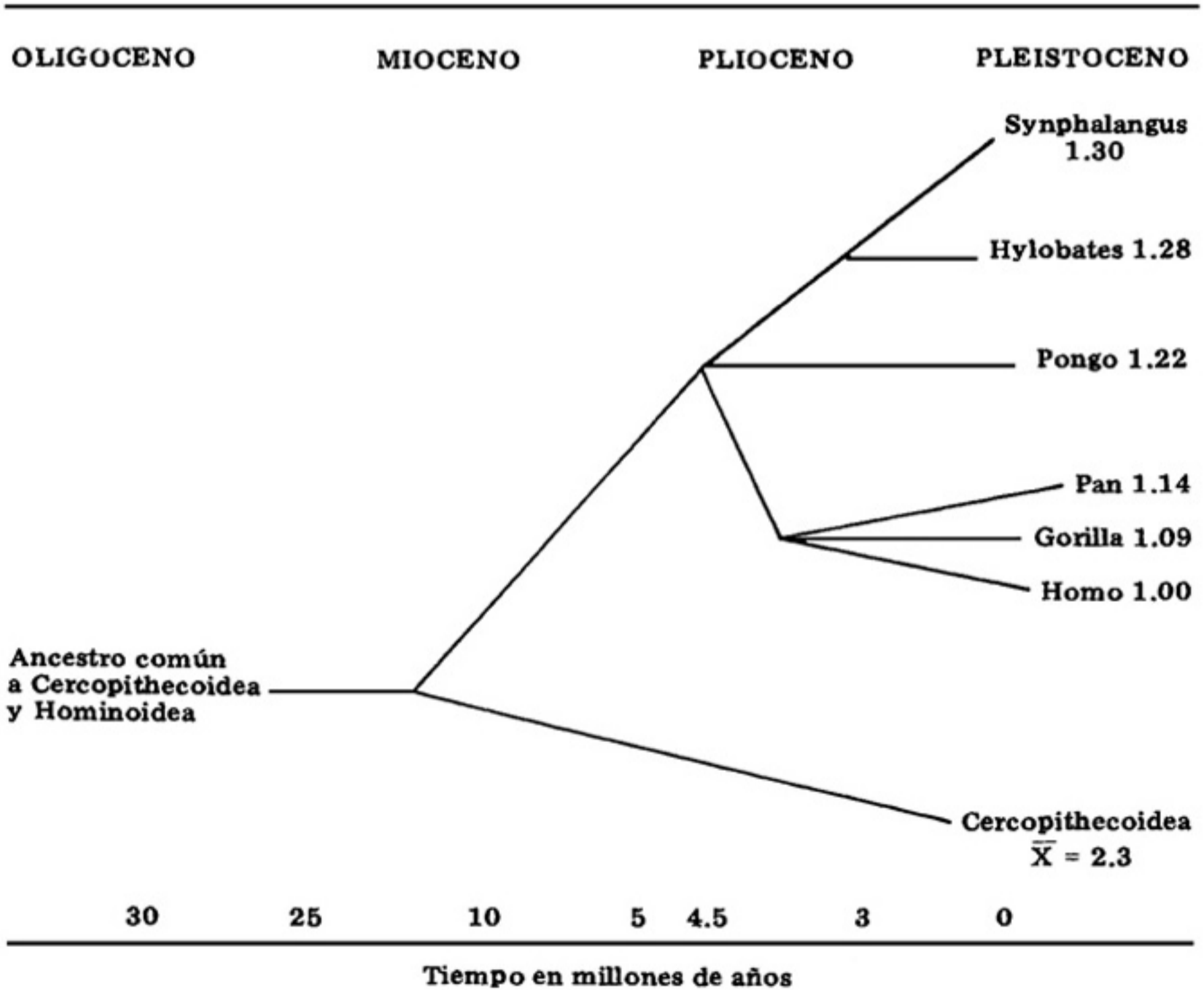


Fig. 1. Tiempos de divergencia propuestos a partir de datos inmunológicos. Suponiendo una divergencia de 30 millones de años entre Hominoidea Y Cercopithecoidea. Los números a la derecha indican la ID respecto a Homo a partir de los valores mostrados en la tabla 8. Modificado de Sarich y Wilson (1967 a).



De esta figura, se desprenden las siguientes escalas evolutivas: En el Oligoceno medio, todos los primates catarrinos (monos del Viejo Mundo y antropoides) compartían un ancestro común; hacia finales de esta época (unos 30 millones de años) se separan en dos líneas: una origina a la superfamilia *Cercopithecoidea* y la otra origina a la *Hominoidea*. En el primer tercio del Plioceno, la superfamilia *Hominoidea* se ramifica en cuatro Familias; la *Dryopithecidae* (extinta), la *Hylobatidae*, la *Pongidae* y la *Hominidae*.

Nuevamente los datos inmunológicos muestran un estrecho parentesco entre el gorila, el chimpancé y el hombre, mientras que para el orangután la distancia inmunológica es mayor, lo cual sugiere que éste se separó de los otros póngidos mucho antes de que finalizara el Plioceno; lo que explica las diferencias tanto a nivel cromosómico (DeGrouchy y cols., 1978) como a nivel molecular.

Sarich y Wilson (1967b) obtuvieron las ID experimentalmente, preparando albúminas para inmunización a partir de plasma sérico de 11 especies de primates, pertenecientes al suborden *Anthropoidea*, haciendo reaccionar la albúmina de un prosimio (Gálago) con las de tres especies de *Anthropoidea*, los resultados se muestran en la tabla 4.

TABLA 4

<i>ID de Gálago con respecto a:</i>			
Gálago	1.0*	Homo	10.8
Gálago	1.0	Macaca	9.0
Gálago	1.0	Cebus	11.3

\* El valor de la albúmina homóloga de Gálago por definición es 1.0. Tomado de Sarich y Wilson (1967b).

Los valores de la tabla 4 se acercan a 10.0, lo que significa que la evolución de *Anthropoidea* se ha efectuado monofiléticamente, produciéndose un tiempo de divergencia casi idéntico entre cada línea evolutiva a partir del gálago.

Cuando se efectuó el experimento recíproco con antisueros de dos prosimios para albúmina de hombre (*Homo*); macaco rhesus (*Macaca*) y mono capuchino (*Cebus*), las ID obtenidas fueron, nuevamente cercanas a 10.0 como lo indica la tabla 5.

TABLA 5

## ID

<i>Albúmina</i>	<i>antisuero para Homo</i>	<i>antisuero para Macaca</i>	<i>antisuero para Cebus</i>
Galago	8.6	8.7	11.0
Tarsius	10.0	9.8	9.0

ID obtenidas cuando las albúminas de gálago y tarsio se hicieron reaccionar con antisueros para *Homo*, *Macaca* y *Cebus*.

Fuente: Sarich y Wilson (1967b).

Posteriormente, se obtuvo la ID de especies más emparentadas. Se hizo reaccionar la albúmina de 11 especies de monos del Nuevo Mundo (Superfamilia *Ceboidea*), con antisueros preparados contra cinco especies de monos catarrinos y los valores fueron cercanos a 4.0 (tabla 6).

TABLA 6

<i>Antisuero contra albúmina de:</i>	<i>ID <math>\bar{X}</math></i>
Homo	4.2
Pan	3.9
Macaca	3.8
Cercopithecus	3.6
Presbitis	4.2

Fuente: Sarich y Wilson (1976b).

Estos valores sugieren que las albúminas de *Homo* y *Pan* han cambiado de manera más similar que las de *Macaca*, *Cercopithecus* y *Presbitis*, desde la época en que compartieron un ancestro común.

Finalmente, usando antisuero para las albúminas de *Cercopithecoidea*, los valores de la ID fueron cercanos a 2.0 (tabla 7).

TABLA 7  
 REACTIVIDAD DE ALBUMINAS DE *CERCOPITHECOIDEA*  
 CON ANTISUERO DIRIGIDO A *HOMINOIDEA*.

<i>Albúmina</i>	<i>antisuero Homo</i>	<i>para Pan</i>	$\bar{X}$ ID
Macaca	2.23	2.0	2.11
Papio	2.44	2.02	2.24
Cercocebus	2.30	2.07	2.19

Fuente: Sarich y Wilson (1976b).

En los resultados de las tablas 6 y 7, observamos que mientras más emparentadas están las especies entre las que se efectúa la reacción cruzada, la ID es menor y lo contrario se observa en las tablas 4 y 5. La ID parece seguir una tasa constante por lo que se puede expresar como una relación matemática entre ésta y el tiempo de divergencia según las fechas determinadas por los estudios paleontológicos. Si el registro fósil indica que las líneas evolutivas de *Hominoidea* y *Cercopithecoidea* se separaron hace 30 millones de años (Simons, 1964; Washburn, 1960), la relación se puede expresar como  $\log. ID = Kt$  (donde K = constante; t = tiempo de divergencia e ID = distancia inmunológica), y el resultado se obtiene a partir de los valores de la tabla 8.

TABLA 8

<i>ESPECIES DE ALBUMINA</i>	<i>ANTISUERO PARA</i>		
	<i>HOMO</i>	<i>PAN</i>	<i>HYLOBATES</i>
Homo	1.0	1.09	1.28
Pan (throglodites)	1.14	1.00	1.40
Pan (paniscus)	1.14	1.00	1.40
Gorilla	1.09	1.17	1.31
Pongo	1.22	1.24	1.29
Synphalangus	1.30	1.25	1.07
Hylobates	1.28	1.25	1.00
ID $\bar{X}$ para Hominoidea =			
ID $\bar{X}$ en seis especies de Cercopithecoidea =	2.46	2.22,	2.29
ID $\bar{X}$ total =	2.3		

ID  $\bar{X}$  (ID promedio) obtenidas en *Anthropoidea* y *Cercopithecoidea* según Sarich y Wilson (1967a).

A partir de estos valores, se obtiene la fecha de divergencia entre antropoides y homínidos.

$$ID \bar{X} \text{ de Hominoidea} = 1.13$$

$$ID \bar{X} \text{ de Cercopithecoidea} = 2.3$$

$$\log. 2.3 = 0.3617$$

$$\log. 1.13 = 0.531$$

$$t = 30 \times 10^6$$

$$K = 0.012$$

$$\log. ID = Kt$$

$$K = \frac{\log. ID}{t} = \frac{0.3617}{30 \times 10^6} = 0.012$$

$$K = 0.012$$

Si dividimos la ID promedio obtenida para *Cercopithecoidea* entre K, obtenemos t; es decir  $\frac{\log. ID}{K} = t = \frac{0.531}{0.012} = 4,425,000$  años.

Estos resultados concuerdan con los de la filogenia representada en la fig. 1.

Hasta aquí, se ha mostrado en base a datos experimentales, que en perspectiva molecular, los póngidos africanos están más emparentados con el hombre y la divergencia entre estas dos líneas evolutivas ha ocurrido hace solamente cinco millones de años; mientras que con la Taxonomía tradicional, basada en criterios morfológicos, el tiempo de la divergencia es mayor. Goodman y Lasker (1975: 96) afirman que: "Los antropoides africanos y el hombre forman un grupo natural en perspectiva molecular en vez de las enormes diferencias en patrones conductuales y diferencias asociadas con cerebros, mandíbulas y otras estructuras adaptativas". En este aspecto, se toca un punto débil de la antropología molecular; puesto que los datos moleculares y los morfológicos no son los mismos y querer explicar la divergencia evolutiva de una especie sólo con datos bioquímicos es caer en una reducción fisicoquímica, como en otro tiempo se cayó en el reduccionismo morfológico.

### Conclusión

A lo largo de este trabajo, he intentado mostrar que los datos moleculares enfocan el problema de la evolución de los primates desde otro punto de vista; el experimental. Además, estos datos nos desdeñan a los del registro fósil para efectuar estudios filogenéticos sino que se apoyan en él, mientras que lo contrario no ocurre, parece ser como si los paleontólogos estuvieran demasiado seguros de sus juicios respecto a la evolución del género Homo. Pienso que es indispensable que se establezca un mecanismo de

retroalimentación mediante el cual se complementen ambos tipos de datos y que éstos a la vez, se comparen con los obtenidos por los investigadores del comportamiento de los primates.

Finalmente es pertinente aclarar que la antropología molecular no posee la panacea del conocimiento respecto a la evolución humana; puesto que existen algunos rasgos importantes que sólo pueden ser estudiados a partir de los fósiles y del comportamiento. Por ejemplo, la posición del *foramen magnum* y las impresiones óseas dejadas por los músculos de la nuca en el occipital, son buenos marcadores de adquisición paulatina de la postura erecta a través de las diferentes etapas evolutivas de los primates. Otro rasgo importante que no nos proporciona el estudio molecular, es la talla o las posibles proporciones corporales, que en los casos en que el registro fósil es completo, se pueden obtener por Osteometría. Una característica más que no puede ser estudiada con biología molecular, es la evolución y complejización de las estructuras jerárquicas al interior de un grupo y sus posibles hábitos y conductas alimenticias, así como el patrón de conducta general, datos que sólo pueden proporcionar estudios etológicos y paleoecológicos. Porque en última instancia, lo que diferencia a las especies no es la naturaleza de las moléculas sino el papel que juegan éstas en las diferentes vías metabólicas y la forma en que son producidas, utilizadas y sometidas a presiones mesoambientales en el transcurso de la evolución.

## REFERENCIAS

- BELLANTI, J.  
1970 *Inmunology*. Saunders, Philadelphia.
- BUETTNER-JANUSH, J. y R. C. HILL  
1965 "Molecules and Monkeys". *Science*; 147: 836.
- BYLES, R.  
1976 "Different rates in evolution of proteins and phenotypes"  
*Ann. Rev. of Anthr.*, vol. 5
- CAMPBELL, B.  
1974 *Human Evolution* 2a. Ed. Aldine Co., Chicago.
- DAYHOFF, M. O.  
1969 "Computer Analisis of Protein Evolution". *Sci. Am.* julio.
- DE GRAUCHY, J. y COLS.  
1978 "Chromosomal phylogeny of the primates". *Ann. Rev. of Genetics*, 12: 289.
- DOBZHANSKY, T.  
1975 *Genética del proceso evolutivo*. Ed. Extemporáneos, México.
- FITCH, M. W. y E. MARGOLIASH  
1967 "Construction of phylogenetic trees". *Science*: 155: 279.
- GOODMAN, M. y G. W. LASKER  
1975 "Molecular evidence as to man's place in nature". En: *Primate functional morphology and evolution*, Russell H. Tuttle (ed.) Mouton P. Chicago.
- HILL, C. O.  
1964 *El hombre como animal*. EUDEBA, Buenos Aires, Argentina.
- INGRAM, V.  
1963 "Gene evolution and the haemoglobins", En: *Papers of Human Genetics*. Samuel H. Hoyer (ed.). Prentice Hall International.
- KRANTZ, G. S.  
1975 "The double descent of man". En: *Morphology, Paleoanthropology and Paleoecology*, Russell H. Tuttle (ed.). Mouton Pub. Chicago.
- LASKER, W. G.  
1976 "What is Molecular Anthropology?". En: *Molecular Anthropology*, M. Goodman y R. E. Tashian (eds). Plenum Press, N. Y.
- LEHENINGER, A. L.  
1975 *Biochemistry*. 2a. ed. Worth Publ.
- MAYR, E.  
1977 *Populations, species and evolution*. Cambridge Univ. Press.
- NASON, A.  
1968 *Biología*. Ed. Limusa Wiley, México.

- OHNO, S.  
1980 "Evolution des gènes". *La Recherche*, 11: 5.
- RUFFIE, J.  
1976 *De la Biologie à la culture*. Flammarion éditeurs, Paris.
- SIMONS, E. L.  
1964 "The Early relatives of man". *Sci. Am.*, julio.
- STRAUSS, W. L.  
1970 "Los primates" *El concepto de hombre fósil*. En: A. L. KROEBER (ed.) Ed. Libros Básicos. Buenos Aires, Argentina.
- SARICH, V. y A. C. WILSON  
1967a "Immunological time scale for Hominid evolution". *Science*: 158: 1200.  
1967b "Rates of albumen evolution in primates". *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 58: 142.
- SZALAY, F. S.  
1975 "Phylogeny and the status of the Anthropeoidea". En: *Primate functional morphology and evolution*, Russell, H. Tuttle (ed.). Mouton Pub., Chicago.
- WASHBURN, S. L.  
1960 "Tools and human evolution" *Sci. Am.*, septiembre.  
1968 "One hundred years of biological anthropology". En: *One hundred years of anthropology*, J. O. 'Brew (ed.). Cambridge Univ. Press.  
1978 "The evolution man". *Sci. Am.* septiembre.
- ZUCKERKANDLL, E.  
1963 "Perspectives on molecular anthropology". En: *Classification and Human Evolution*, S. L. Washburn (ed). Vicking Fund. in Anthropology, no. 37.

