

# Menselijke DNA-variantie gelinkt aan bijbelse tijdslijn

door Jeffrey Tomkins, Ph.D.\* <http://www.icr.org/article/6927/>, 23-7-2012

<http://www.thebereancall.org/content/human-dna-variation-linked-biblical-timeline>, 7-9-2012

\* Dr. Tomkins is Research Associate at the Institute for Creation Research and received his Ph.D. in Genetics from Clemson University.

Alle Schriftaanhalingen komen uit de Statenvertaling (1977 of HSV)  
Vertaling, plaatjes en voetnoten door M.V.

Elke persoon is verschillend, en ieder, uitgezonderd een identieke tweeling, heeft unieke DNA-verschillen. Deze verschillen kunnen getraceerd worden doorheen de bevolking en etnische groepen in de wereld. Bovendien heeft recent onderzoek interessante inzichten opgeleverd over het benaderende tijdstip dat deze DNA-verschillen het menselijke ras zijn binnengekomen.

Een nieuw studieverslag in het blad *Science*<sup>1</sup> heeft onze kennis verdiept over zeldzame DNA-variantie geassocieerd met genenregio's in het menselijke genoom<sup>2</sup>.<sup>[1]</sup> Door toepassing van een demografisch gebaseerd model op de data hebben onderzoekers ontdekt dat het menselijke genoom snel begon te diversifiëren ongeveer 5000 jaar geleden. Opmerkelijk is dat deze datering overeenstemt met bijbelse modellen van snelle diversificatie van mensen na de wereldomvattende vloed.

De grote meerderheid van DNA basen sequenties<sup>3</sup> tussen gelijk welke twee mensen zijn haast identiek, zodat de weinige verschillen traceerbaar zijn onder menselijke groepen. Het menselijke genoom project heeft een analyse gedaan van duizenden mensen over de hele wereld voor de variatie van hun DNA sequenties. Onderzoekers linken deze variatie met vele menselijke trekken en erfelijke kwalen.<sup>[2]</sup>

Typisch wordt deze variatie geëvalueerd met gebruikmaking van enkelvoudige DNA basen verschillen of enkelvoudige nucleotide polymorfieën tussen individuen en populaties. Wegens het type van gestandaardiseerde “gen-chip” technologie die gewoonlijk gebruikt wordt, evalueren de meeste polymorfie-analyses enkel de meest variabele delen van het menselijke genoom en, daarom, sluiten zij de veel minder variabele proteïne-codering regio's uit

De recente *Science* studie analyseerde de DNA sequenties van 15.585 proteïne-codering genenregio's in het menselijke genoom voor 1351 Europese Amerikanen en 1088 Afrikaanse Amerikanen.

De data bewezen ideaal te zijn voor het onderzoeken van de koers van menselijke genetische variatie over tijd.

Het is typisch dat evolutionaire wetenschappers *hypothetische* diepe tijdschalen incorporeren, betrokken van de paleontologie of gewoon ontleend van andere auteurs om modellen te ontwikkelen van genetische verandering over tijd.<sup>[3]</sup> In contrast hiermee gebruikte deze *Science* studie demografische modellen van menselijke populaties over gekende historische tijd en gekende geografische ruimte. De resulterende data toonden **een erg recente, massale uitbarsting van genetische diversificatie**.

De auteurs schreven: “De maximum waarschijnlijke tijd voor geaccelereerde groei was **5115 jaar geleden**”. Oude-aarde proponenten hebben nu een nieuwe uitdaging: te verklaren waarom - na miljoenen jaren van nauwelijks enige genetische variatie onder moderne mensen - menselijke genomische diversiteit explodeerde in de laatste vijfduizend jaren!

---

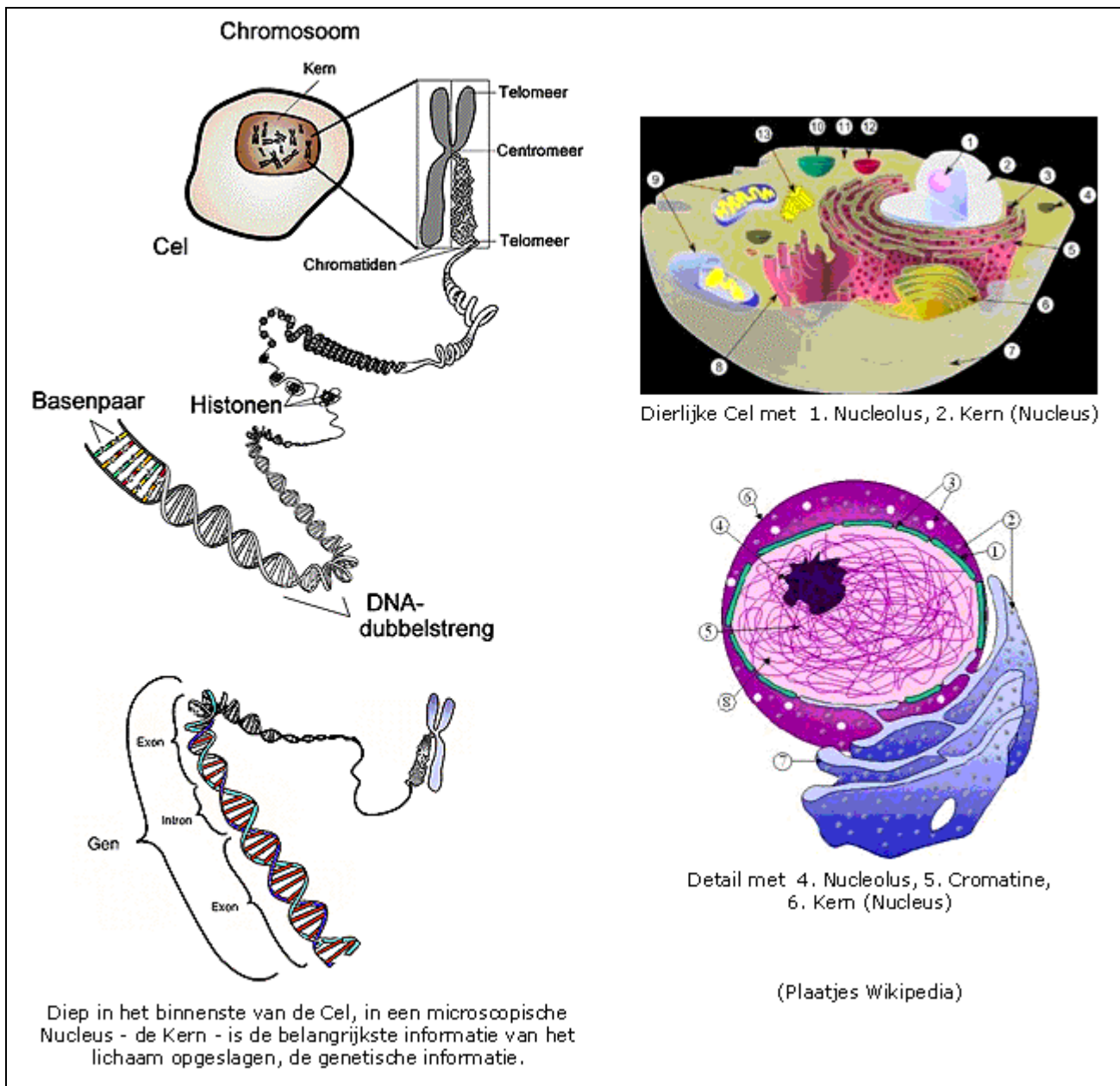
<sup>1</sup> <http://nl.wikipedia.org/wiki/Science>.

<sup>2</sup> Het genoom van een organisme is het geheel van erfelijke informatie in een cel. <http://nl.wikipedia.org/wiki/Genoom>.

<sup>3</sup> Met de sequentie wordt in de biologie de volgorde van nucleotiden in een DNA- of RNA-molecuul bedoeld; of de volgorde van aminozuren in een eiwit. <http://nl.wikipedia.org/wiki/DNA-sequentie>.

Bijzonder is dat deze zelfde data de bijbelse geschiedenis bevestigen.

De Bijbel leert dat moderne mensen afstammen van Noachs drie zonen - Sem, Cham en Jafeth - en hun drie vrouwen. Zo'n dramatische reductie (flessenhals) in de algemene grootte van de menselijke populatie kon zeker gevolgd zijn door een uitbraak van genetische diversiteit, zoals zich ook voordoet in veel dierlijke populaties.<sup>[4]</sup> De genetische data van dit onderzoek bevestigen op spectaculaire wijze bijbelse sleutelgebeurtenissen en hun op de bijbel gebaseerde tijdslijnen.



## Eindnoten:

[1] Tennesen, J. et al. 2012. Evolution and Functional Impact of Rare Coding Variation from Deep Sequencing of Human Exomes. *Science* . 337 (6090): 64-69.

[2] McCarthy, M. et al. 2008. Genome-wide association studies for complex traits: consensus, uncertainty and challenges. *Nature Reviews Genetics* . 9: 356-369.

[3] Thomas, B. Circular Reasoning in Polar Bear Origins Date. *ICR News* . Posted on icr.org May 9, 2012, accessed July 13, 2012.

[4] Custance, A. 1980. *The Seed of the Woman*. Brockville, Ontario: Doorway, 73. Also available online at [custance.org](http://custance.org).

<http://www.icr.org/article/6927/>