

Revista Argentina de Antropología Biológica 5(1): 21 (2003)

DIVERSIDAD GENETICA, ENTRE Y ADENTRO LOS MAYORES GRUPOS HUMANOS.

Barbujani, Guido

Dipartimento di Biología. Università di Ferrara, Italia. E-mail: g.barbujani@unife.it

Varios estudios están de acuerdo cuando reportan que cerca del 85% de la diversidad del ADN autosomal y de los loci de las proteínas se debe a diferencias entre individuos dentro de la misma población, mientras que las diferencias entre los grupos de diferentes continentes son responsables de solamente 10% de la variación genética total. Estos resultados están en conflicto con nociones populares de razas humanas claramente distintas y relativamente homogéneas, y nos hacen cuestionar la utilidad de clasificaciones étnicas en diagnósticos médicos, en el campo forense y en genética farmacológica. Nuevos datos obtenidos de inserciones polimórficas de Alu y del cromosoma Y confirman los resultados previos, aunque indican una diversidad mayor en algunos (pero no todos) los loci del cromosoma Y. Estos datos nos permiten investigar dos preguntas: (1) si las diferencias continentales, aunque pequeñas, son suficientemente grandes como para asignar a individuos a sus continentes basados en sus genotipos; (2) si los genotipos observados se agrupan en grupos de población o continentales cuando el origen de la muestra se ignora. Usando varios métodos estadísticos, veremos que los errores de clasificación son por lo menos de un 30% para los polimorfismos autosomales bi-alélicos, y de un 27% para el cromosoma Y. Cuatro series de datos genéticos de todo el mundo sugieren la existencia de grupos de genotipos diferentes, pero que éstos cuatro grupos no coinciden el uno con el otro. Adicionalmente, estudios de bloques de ADN del genoma humano indican que la mayor parte de dichos bloques es compartida entre los continentes, con solamente un pequeño porcentaje siendo específico a ciertos continentes. Estos resultados no indican que haya una base clara para subdividir a los humanos en grupos biológicamente definidos. Este puede no ser un problema en áreas aplicadas de genéticas, dado que los métodos rápidos para obtener genotipos individuales posiblemente permita el obtener métodos diagnósticos individuales, y no basados en la raza.