

Evolución

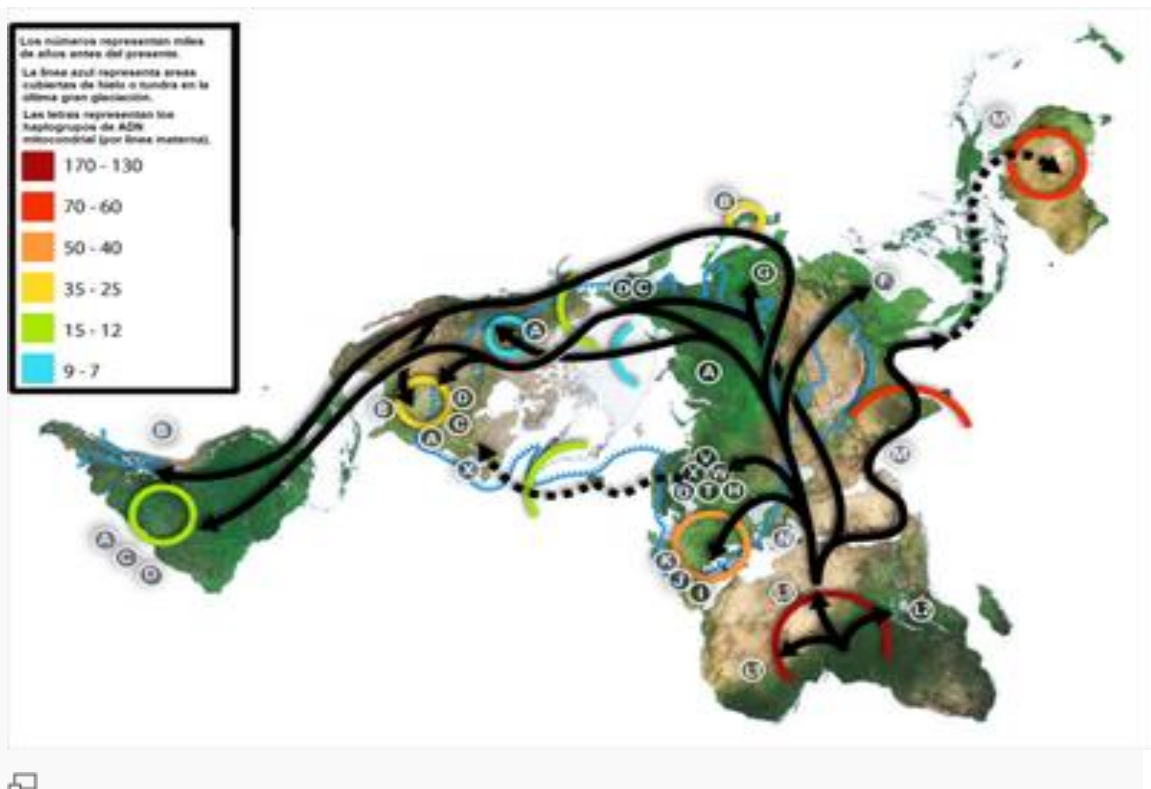
Los estudios de genómica comparada se basan en comparación de secuencias genómicas a gran escala, generalmente mediante herramientas [bioinformáticas](#). Dichos estudios permiten ahondar en el conocimiento de aspectos evolutivos de escala temporal y espacial muy diversa, desde el estudio de la evolución de los primeros seres vivos hace miles de millones de años o las radiaciones filogenéticas en mamíferos, hasta el estudio de las migraciones de seres humanos en los últimos 100.000 años, que explican la actual distribución de las distintas razas humanas

Genómica comparada entre distintas especies

Los estudios de genómica comparada con genomas de mamíferos sugieren que aproximadamente el 5% del genoma humano se ha conservado evolutivamente en los últimos 200 millones de años; lo cual incluye la gran mayoría de los genes y secuencias reguladoras. Sin embargo, los genes y las secuencias reguladoras actualmente conocidas suponen sólo el 2% del genoma, lo que sugiere que la mayor parte de la secuencia genómica con gran importancia funcional es desconocida. Un porcentaje importante de los genes humanos presenta un alto grado de conservación evolutiva. La similitud entre el genoma humano y el del chimpancé (*Pan troglodytes*) es del 98,77%. En promedio, una proteína humana se diferencia de su [ortóloga](#) de chimpancé en tan sólo dos [aminoácidos](#), y casi un tercio de los genes tiene la misma secuencia. Una diferencia importante entre los dos genomas es el cromosoma 2 humano, que es el producto de una fusión entre los cromosomas 12 y 13 del chimpancé¹⁴

Otra conclusión de la comparación del genoma de distintos primates es la notable pérdida de genes de receptores olfativos que se ha producido paralelamente al desarrollo de la visión en color (tricrómica) durante la evolución de primates.

Genómica comparada entre genomas humanos



Mapa de las migraciones humanas creado a partir de genómica comparada con los genomas mitocondriales de individuos actuales. Los números de la leyenda representan miles de años antes del presente. La línea azul rayada delimita el área cubierta de hielo o de [tundra](#) durante la última glaciación. Las letras englobadas por círculos indican los [halogrupos](#) de ADN mitocondrial; los halogrupos se usan para definir subpoblaciones genéticas, que frecuentemente tienen una correlación geográfica. Los principales halogrupos de ADNmt son: África: L, L1, L2, L3. Oriente próximo: J, N. Europa meridional: J, K. Europa (general): H, V. Europa septentrional: T, U, X. Asia: A, B, C, D, E, F, G (en el dibujo: M está compuesta por C, D, E, y G). Nativos Americanos: A, B, C, D y a menudo X. Véase el artículo: [Haplogrupos de ADN mitocondrial humano](#).

Durante décadas las únicas evidencias que permitían profundizar en el conocimiento del origen y la expansión del *Homo sapiens* han sido los escasos hallazgos arqueológicos. Sin embargo, en la actualidad, los estudios de genómica comparada a partir de genomas de individuos actuales de todo el mundo, están aportando información muy relevante. Su fundamento básico consiste en identificar un polimorfismo, una mutación, que se asume que se originó en un individuo de una población ancestral, y que ha heredado toda su descendencia hasta la actualidad. Además, dado que las mutaciones parecen producirse a un ritmo constante, puede estimarse la antigüedad de una determinada mutación en base al tamaño del [haplotipo](#) en el que se sitúa, es decir, el tamaño de la secuencia conservada que flanquea la mutación. Esta metodología se ve complicada por el fenómeno de [recombinación](#) entre los pares de cromosomas de un individuo, procedentes de sus dos progenitores. Sin embargo, hay dos regiones en las que no existe dicho inconveniente porque presentan una herencia uniparental: el [genoma mitocondrial](#) (de herencia matrilineal), y el [cromosoma Y](#) (de herencia patrilineal).

En las últimas décadas, los estudios de genómica comparada basada en el genoma mitocondrial, y en menor medida en el cromosoma Y, han reportado conclusiones de gran interés. En diversos estudios se ha trazado la filogenia de estas secuencias, estimándose que todos los seres humanos actuales comparten un antepasado femenino común que vivió en África hace unos 150.000 años. Por su parte, por razones aún poco conocidas, la mayor convergencia del ADN del cromosoma Y establece que el antepasado masculino común más reciente data de hace unos 60.000 años. Estos individuos han sido bautizados como [Eva mitocondrial](#) e [Y-cromosoma Adan](#).

La mayor diversidad de marcadores genéticos y en consecuencia, los haplotipos de menor longitud, se han hallado en África. Todo el resto de la población mundial presenta sólo una pequeña parte de estos marcadores, de modo que la composición genómica del resto de la población humana actual es sólo un subconjunto de la que puede apreciarse en África. Esto induce a afirmar que un pequeño grupo de seres humanos (quizá en torno a un millar) emigró del continente africano hacia las costas de Asia occidental, hace unos 50.000-70.000 años, según estudios basados en el genoma mitocondrial. Hace unos 50.000 años alcanzaron Australia y hace en torno a 40.000-30.000 años otras subpoblaciones colonizaron Europa occidental y el centro de Asia. Asimismo, se estima que hace 20.000-15.000 años alcanzaron el continente americano a través del estrecho de Bering (el nivel del mar era menor durante la última glaciación, o [glaciación de Würm o Wisconsin](#)), poblando Sudamérica hace unos 15.000-12.000 años. No obstante, estos datos sólo son estimaciones, y la metodología presenta ciertas limitaciones. En la actualidad, la tendencia es combinar los estudios de genómica comparada basados en el ADN mitocondrial con análisis de la secuencia del cromosoma Y.