

El significado del concepto de raza

Párrafos tomados del Capítulo 12 del último libro de Arthur Jensen publicado en 1998, *The G Factor: The Science of Mental Ability*, Praeger Publishers, 664 Págs., \$62.95

Hoy día se lee a menudo en la prensa popular (y en algunos libros de texto antropológicos) que el concepto de las razas humanas es una ficción (o, como dijese un antropólogo famoso: "un mito peligroso"), que las razas no existen en la realidad, sino que son construcciones sociales creadas por grupos dominantes económicamente y políticamente con el propósito de mantener su estatus y poder en una sociedad. Lo que naturalmente implica este punto de vista, es que debido a que las razas no existen en ningún sentido real o biológico, no tiene sentido investigar la base biológica de cualquier diferencia racial. Yo creo que este argumento está motivado por cinco cosas, ninguna de ellas relacionadas con la ciencia:

- La negación del concepto de la raza es considerada como una forma efectiva para combatir el racismo - definido aquí como el credo de que los individuos que difieren visiblemente en ciertas características vistas como "raciales" pueden ser ordenados en una dimensión de "valor humano" que va de inferior a superior, y que por consiguiente, varios derechos civiles y políticos, así como también los privilegios sociales, deben ser concedidos o negados de acuerdo al supuesto origen racial de la persona.
- La filosofía Neo-Marxista (que todavía tiene exponentes en las ciencias sociales y en los medios de comunicación) cree que las diferencias individuales y grupales en características que son importantes psicológicamente y socialmente son el resultado de la desigualdad económica, la clase social, o de la opresión de las clases trabajadoras en una sociedad capitalista. Por consiguiente excluye la consideración de factores biológicos o genéticos (excepto aquellos que son puramente exógenos) en la explicación de las diferencias conductuales entre humanos. Esta posición ve al concepto de la raza como una invención social creada por aquellos con poderes económicos y políticos para justificar la división y la opresión de las clases desfavorecidas.
- Decir que el concepto de la raza (no solo las mal interpretaciones sobre él) está desacreditado científicamente es visto como una herramienta para lograr relaciones más armoniosas entre los grupos que en nuestra sociedad son percibidos como diferentes "racialmente."
- La repulsión universal al Holocausto, el cual fue provocado por las doctrinas racistas del régimen Nazi de Hitler, produjo una repugnancia por parte de las sociedades democráticas hacia las investigaciones sobre los aspectos biológicos de la raza en relación a cualquiera de las variables del comportamiento, o al menos las más importantes.
- La frustración con las concepciones populares equivocadas sobre la raza llevó a algunos expertos en genética de poblaciones a abandonar el concepto de en vez de informarle al público como es visto el concepto de la raza por la mayoría de los científicos actuales.

Concepciones equivocadas sobre el concepto de la raza.

La causa principal de las concepciones equivocadas sobre el concepto es el punto de vista platónico que ve a las razas humanas como *tipos distintos*, es decir como categorías totalmente discretas y mutuamente exclusivas. De acuerdo a este punto de vista, cualquier variación observada entre los miembros de una categoría racial particular meramente representa una desviación individual del arquetipo, o el tipo ideal de esa "raza." Ya que de acuerdo a esta idea platónica de la raza, cada persona puede ser asignada a una o a otra categoría racial, lo que naturalmente sigue es que hay un *numero definitivo* de razas, cada una con su juego único de características físicas distintivas, tales como el color de piel, la textura del cabello, y los rasgos faciales. El numero tradicional ha sido tres: Caucasoide, Mongoloide y Negroide, en parte derivado del punto de vista creacionista pre-darwiniano de que "las razas de la humanidad" trazan su origen a los tres hijos de Noé: Sem, Cam y Jafet.

La causa de la variación biológica.

Todo lo que se conoce actualmente sobre la distribución geográfica de las diferencias raciales en características físicas humanas puede ser entendido en los términos de la síntesis de la teoría evolutiva darwiniana y la genética de poblaciones desarrollada por R. A. Fisher, Sewall Wright, Theodosius Dobzhansky, y Ernst Mayr. Las razas son definidas en este contexto como poblaciones reproductoras que difieren unas de otras en frecuencias de genes y que varían en un numero de características intercorrelacionadas que son altamente heredables.

Las diferencias raciales son producto del proceso evolutivo al que estuvo sujeto el genoma humano, el cual consiste de 100.000 genes polimorficos (es decir, genes que contribuyen a la variación genética entre miembros de una especie) localizados en 23 pares de cromosomas que existen en cada célula del cuerpo humano. Los genes, cada uno con su propio locus (sitio) en un cromosoma particular, contienen toda la información necesaria para crear un organismo. Además de los genes polimorficos, también existen muchos otros genes que no son polimorficos (es decir, que son iguales en todos los individuos en la especie) y por ende no contribuyen a la variación humana. Los genes que producen variación son llamados genes *polimorficos*, debido a que tienen dos o mas formas diferentes llamadas *alelos*, cuyos códigos difieren en la información genética que contienen. Alelos diferentes, por consiguiente, producen efectos diferentes sobre la característica fenotípica determinada por el gen en un sitio cromosomático particular. Se dice que los genes que no tienen alelos diferentes (y por consiguiente no tienen efectos fenotípicos variables) se han ido a la *fijación*; es decir, que los alelos alternativos han sido eliminados hace tiempo por la selección natural durante la evolución mamífera o humana. Las funciones fisiológicas son controladas en su mayoría por los genes básicos "conserje" quienes son tan cruciales para el desarrollo del organismo y su viabilidad que casi cualquier mutación en ellos es letal para el individuo que la sufre; por ende sólo una forma de esos genes es poseída por todos los miembros de una especie. De hecho, una gran cantidad genes esenciales como esos es compartida por especies muy relacionadas; el numero de genes comunes en especies diferentes esta inversamente relacionado con la distancia evolutiva entre esas especies. Por ejemplo, dos especies muy cercanas al *Homo sapiens* en su distancia evolutiva: los chimpancés y los gorilas, tienen el 97% (del código genético total) de sus genes en común con los humanos actuales, solo un poco menos de lo que los chimpancés y los gorilas tienen en común. Esto significa que el pequeño porcentaje (< 3%) de genes que los humanos y los grandes monos no

comparten es responsable de todas las profundas diferencias fenotípicas que existen entre los monos y los humanos. La diferencia aparece como pequeña solo si es vista desde la escala de diferencias entre todas las especies animales.

El código genético de un gen particular está determinado por las secuencias únicas de las cuatro bases químicas del ADN, acomodadas en la estructura de la doble hélice del gen. Un cambio en el código del gen (una base par), sin importar si es pequeño, puede producir un alelo nuevo o diferente que manifieste un efecto fenotípico diferente. (Muchas mutaciones, sin embargo, no tienen efecto fenotípico debido a la redundancia del ADN). Esos cambios en el ADN resultan de la mutación espontánea. Aunque las mutaciones ocurren aleatoriamente, algunos sitios genéticos tienen tasas de mutación mucho mayores que otros, yendo desde menos de uno por sitio diferente a uno por millón a quizás más de 500 millones en las células sexuales -- uno número que no es trivial al considerar que cada eyaculación masculina contiene desde 200 a 500 millones de espermatozoides. Mientras que las mutaciones naturales o espontáneas tienen causas desconocidas, a menudo consideradas como "ruido biológico," ha sido mostrado de forma experimental que las mutaciones pueden resultar de la radiación (rayos X, rayos gamma, rayos cósmicos, y radiación ultravioleta). Ciertas sustancias químicas también son mutagénicas.

La creación de nuevos alelos por mutación espontánea junto a la recombinación de alelos en gametogénesis son condiciones necesarias para la evolución de todas las formas de vida. Un nuevo alelo con efectos fenotípicos que reduzcan la eficiencia individual en un ambiente dado, comparado con el alelo que no ha mutado que normalmente ocuparía el mismo sitio del cromosoma, pasará a unos pocos descendientes y eventualmente se extinguirá. El gen es eliminado de la existencia, al perder la competencia con otros alelos que aseguran la eficiencia del individuo. La *eficiencia Biológica* (también conocida como *eficiencia darwiniana*), como un término técnico en la genética evolutiva, se refiere solamente al éxito reproductivo individual, a menudo definido operacionalmente como el número de prole fértil superviviente de ese individuo. (Un caballo con un asno, por ejemplo, podría producir muchas crías supervivientes pero porque todas ellas son estériles, el caballo y el asno han tenido una eficacia de cero). La frecuencia de un gen particular en todos los parientes de un individuo es llamada la eficiencia inclusiva de ese gen. La eficiencia inclusiva de un gen es una medición de su efecto sobre la supervivencia y el éxito reproductivo del individuo portador del gen y de sus parientes que también portan el gen. Técnicamente hablando, una eficacia biológica individual denota nada más que la contribución genética individual a la composición genética de la próxima generación relativa al promedio de la población. El término no implica necesariamente a cualquiera de las características que uno podría encontrar personalmente deseables como el vigor, la fortaleza física, o un cuerpo hermoso, aunque algunos de esos rasgos, en la magnitud en que ellos son heredables, indudablemente fueron seleccionados genéticamente a lo largo de la evolución solo porque, como sabemos en retrospectiva, ellos incrementaron la eficacia reproductiva en las generaciones sucesoras. La supervivencia de cualquier alelo nuevo y su tasa de distribución entre las generaciones siguientes **depende del grado en el que su expresión fenotípica incrementa la eficacia inclusiva de aquellos individuos que hereden el alelo**. Un alelo con cualquier efecto fenotípico ventajoso, en este aspecto, se distribuye a una cantidad cada vez mayor de la población reproductora en cada generación sucesiva.

Los alelos nuevos creados por la mutación son sujetos a la *selección natural* de acuerdo al grado de eficacia que ellos confieran en un *medio ambiente particular*. Las condiciones ambientales cambiantes pueden alterar la presión selectiva para un alelo determinado, dependiendo de la naturaleza de su expresión fenotípica, por consiguiente incrementando o reduciendo su frecuencia en una población reproductora. Dependiendo de su eficacia en un medio ambiente dado, podría extinguirse en la población o podría irse a la fijación (con cada miembro de la población portando

eventualmente el alelo). Muchos sitios de genes polimorficos contienen uno u otro alelo en un *polimorfismo balanceado*, en los que dos o más alelos con valores comparables de eficacia (en un ambiente particular) son mantenidos en equilibrio en la población. Así la mutación genética espontánea y la recombinación, junto a la selección diferencial, son mecanismos cruciales del entero proceso evolutivo. La variación en todas las características humanas heredadas ha resultado de este proceso, en combinación con cambios aleatorios causados por la deriva génica y cambios en la frecuencia de genes causados por la inmigración y los patrones de mestizaje.

Las razas como poblaciones reproductoras con límites difusos.

La mayoría de los antropólogos y genetistas de poblaciones hoy creen que la preponderancia de la evidencia de la datación de los fósiles y el análisis de distribución de muchos genes polimorficos en las actuales poblaciones indígenas argumenta que el género *Homo* es originario de África. Los estimados indican que nuestro predecesor directo homínido se separó de los grandes monos hace cuatro o seis millones de años atrás. El consenso de los paleontólogos humanos (de 1997) acepta el siguiente escenario básico de la evolución humana.

El *Australopithecus afarensis* fue un homínido pequeño (de 3'6" pies) parecido a los monos que parece haber sido ancestro de todos los homínidos posteriores. Fue bípedo, caminaba más o menos erguido, y tuvo una capacidad craneana de 380 a 520 cm³ (casi la misma que la del chimpancé, pero relativamente grande para su tamaño corporal). Esta especie se ramificó en al menos dos linajes, uno de los cuales produjo un nuevo género, el *Homo*.

El *Homo* también tuvo varias ramificaciones (especies). Aquellas que son precursoras de los humanos modernos incluyen al *Homo habilis*, que vivió hace 2.5 a 1.5 millón de años atrás. Usó herramientas e incluso creó herramientas, y tuvo una capacidad craneana de 510 a 750 cm³ (alrededor de la mitad del tamaño de los humanos modernos). El *Homo erectus* vivió desde hace 1.5 millón hasta hace 300.000 años atrás y tuvo una capacidad craneana de 850 a 1.100 cm³ (alrededor de tres cuartos del tamaño de los humanos modernos). Fue el primer homínido cuyos restos fósiles han sido encontrados fuera de África, emigró a lugares tan lejanos como Oriente Medio, Europa y Asia Occidental y Sudoriental. Ningún resto de *Homo erectus* ha sido encontrado en Asia Septentrional, cuyo clima helado probablemente fue demasiado severo para su supervivencia.

El *Homo sapiens* se separó del linaje del *Homo erectus* en África al menos hace 100 mil años atrás. Durante un periodo de alrededor de setenta a diez mil años atrás ellos se dispersaron desde África a Oriente Medio, Europa, toda Asia, Australia, y Norte y Sudamérica. Para distinguir ciertas especies arcaicas del *Homo sapiens* (Ej., el Hombre de Neanderthal) que se extinguieron durante este periodo de sus contemporáneos que eran humanos anatómicamente modernos, los últimos ahora son llamados *Homo sapiens sapiens* (u *Homo s. sapiens*); es este linaje quien se separó del *Homo erectus* en África y emigró a todos los continentes durante los últimos 70.000 años. Esos humanos prehistóricos sobrevivieron viviendo en pequeños grupos que frecuentemente emigraban en búsqueda de comida.

Distancia genética

Como las poblaciones pequeñas de *Homo s. sapiens* se separaron y emigraron fuera de África, las mutaciones genéticas siguieron ocurriendo a una tasa constante, como ocurre con todas las criaturas vivientes. La separación geográfica y las diferencias climáticas, con sus diferentes desafíos a la supervivencia, proporcionaron una base creciente para que las poblaciones se volvieran diferentes genéticamente a través de la selección natural. Las mutaciones genéticas que ocurrieron luego de cada separación geográfica de una población hubiera tomado lugar fueron seleccionadas diferentemente en cada subpoblación de acuerdo a la eficacia que el gen mutante confería en los ambientes respectivos. Muchas mutaciones y una gran cantidad de selección natural y deriva génica ocurrieron durante las cinco o seis mil generaciones en las que los seres humanos gradualmente se dispersaron alrededor del planeta.

La magnitud de la diferencia genética, llamada *distancia genética*, entre poblaciones reproductoras proporciona una medida aproximada de la cantidad de tiempo desde su separación y de la distancia geográfica entre ellas. Además del tiempo y la distancia, los obstáculos naturales al flujo de genes (es decir, el intercambio de genes entre poblaciones), tales como las montañas, ríos, mares, y desiertos, también reducen el flujo génico entre poblaciones. Tales grupos relativamente aislados son llamados *poblaciones reproductoras*, porque ocurre una frecuencia muy alta de matrimonios entre individuos que pertenecen a la misma población que entre individuos de diferentes poblaciones. (La proporción de las frecuencias de los matrimonios endogámicos/mixtos en dos poblaciones reproductoras determina el grado del aislamiento genético entre una y otra). Por ende los efectos combinados de la separación geográfica [o separación cultural], mutación genética, deriva génica, y la selección natural para lograr la eficiencia en diferentes ambientes tienen como resultado diferencias poblacionales en las frecuencias de diferentes alelos en muchos sitios genéticos.

También hay otras causas del relativo aislamiento genético resultante de las diferencias en lenguaje, así como también de ciertas sanciones sociales, culturales, o religiosas contra las personas que se casan fuera de su propio grupo. Esas restricciones del flujo génico podrían ocurrir incluso entre poblaciones que ocupan el mismo territorio. Luego de muchas generaciones esas formas sociales de aislamiento genético producen poblaciones reproductoras separadas (incluyendo ciertos grupos étnicos) que muestran diferencias relativamente ligeras en frecuencias de alelos al ser comparadas con otros grupos que viven en la misma localidad.

Cuando dos o más poblaciones difieren marcadamente en frecuencias de alelos en muchos sitios genéticos cuyos efectos fenotípicos les distinguen visiblemente por una configuración particular de características físicas, esas poblaciones son llamadas *subespecies*. Virtualmente cada especie viviente en la tierra tiene dos o más subespecies. La especie humana no es una excepción, pero en este caso las subespecies son llamadas *razas*. Como todas las otras subespecies, las razas humanas son poblaciones reproductoras con un nivel mediano de diferenciación cuyos individuos difieren en promedio en características físicas distinguibles.

Porque todas las poblaciones distinguibles de humanos modernos derivaron de la misma rama evolutiva del género *Homo*, llamada *Homo s. sapiens*, y porque las poblaciones reproductoras tienen fronteras relativamente permeables (no biológicas) que permiten el flujo génico (mestizaje) entre ellas, las razas humanas pueden ser consideradas como "grupos genéticos difusos." Es decir, una raza es una de un número de grupos estadísticamente distinguibles en el que la pertenencia individual a ella no es mutuamente exclusiva por un solo criterio, y los individuos en un grupo determinado difieren solo estadísticamente unos de otros y de la tendencia central del grupo en cada una de las muchas características genéticas imperfectamente correlacionadas que distinguen a los grupos como tales. El punto importante es que la diferencia *promedio* en todas esas características

que difieren entre individuos *dentro* del grupo es menor que la diferencia *promedio entre* los grupos en esas características genéticas.

Lo que se denomina una *clina* resulta donde los grupos son similares en sus límites difusos en alguna característica, con gradaciones intermedias de la característica fenotípica, a menudo haciendo la clasificación de muchos individuos ambigua o incluso imposible, al menos que ellos sean clasificados por alguna regla arbitraria que ignore la biología. El hecho de que existan gradaciones intermedias o poblaciones mixtas entre grupos raciales, no contradice el concepto genético y estadístico de la raza. Los diferentes colores de un arcoiris no consisten de bandas discretas sino que son un continuo perfecto, pero aún podemos distinguir a las diferentes regiones de este continuo como azul, verde, amarillo, y rojo, y efectivamente clasificamos muchas cosas de acuerdo a esos colores. La validez de tales distinciones y las categorías basadas en ellas obviamente no necesita que ellas formen categorías platónicas perfectamente discretas.

Debe ser enfatizado que las poblaciones biológicas reproductoras llamadas razas solo pueden ser definidas estadísticamente, como poblaciones que difieren en la tendencia central (o promedio humano) en un número grande de características diferentes que están bajo algún grado de control genético y que están correlacionadas unas con otras por haberse originado de los ancestros comunes quienes son relativamente recientes en la escala de tiempo de la evolución (es decir, aquellos que vivieron hace diez mil años atrás, en un tiempo en el que todos los continentes y la mayoría de las principales islas del mundo estuvieron habitadas por poblaciones reproductoras relativamente aisladas de *Homo s. sapiens*).

Por supuesto, cualquier regla concerniente al *número* de genes que deban mostrar diferencias en frecuencias de alelos (o cualquier regla concerniente al *tamaño medio* de diferencias en frecuencia) entre diferentes poblaciones reproductoras para que estas sean consideradas como *razas* es necesariamente arbitraria, porque la distribución de las diferencias absolutas promedio en frecuencias de alelos en la población total mundial es una variable perfectamente continua. Por consiguiente, el número de categorías diferentes, o razas, dentro de las que este continuo puede ser dividido, es en principio, bastante arbitrario, porque depende del grado de diferencia genética que un investigador particular elija como criterio para la clasificación o del grado de confianza que uno está dispuesto a aceptar con respecto a la identificación correcta del área de origen de los ancestros de uno.

Algunos científicos creen que el *Homo Sapiens* tan solo tiene dos categorías raciales, mientras que otros han declarado que existen tantas como setenta. Esas probablemente representan las posiciones más extremas en el espectro que delimita grupos extensos y grupos pequeños muy específicos. Lógicamente, podríamos seguir delimitando grupos de individuos basándonos en sus diferencias genéticas hasta que alcancemos a cada par de gemelos monozigóticos, quienes son genéticamente idénticos. Pero como cualquier par de gemelos monozigóticos son siempre del mismo sexo, ellos no pueden constituir una población reproductora. (Si hipotéticamente ellos pudieran, la correlación genética promedio entre todos los hijos de cualquier par de gemelos monozigóticos sería de $\frac{2}{3}$; la correlación genética promedio entre los hijos de los individuos comparados aleatoriamente en la población total es de $\frac{1}{2}$; los hijos de varias formas de relaciones genéticas, tales como los matrimonios entre primos [una forma de pareja preferida en algunas partes del mismo], estaría entre $\frac{2}{3}$ y $\frac{1}{2}$.) Sin embargo, como explicare más adelante, ciertos métodos estadísticos multivariados pueden proporcionar un criterio objetivo para decidir el número y la composición de los diferentes grupos raciales que pueden ser determinados por un número determinado de datos genéticos. Pero antes debo explicar otra fuente causante de variación genética entre poblaciones

Deriva Génica

Además de la mutación, la selección natural, y la migración, otro medio por el cual las poblaciones reproductoras podrían diferenciarse en frecuencias de alelos es a través de un proceso puramente estocástico (es decir, aleatorio) llamado *deriva génica*. La deriva tiene más consecuencias durante la formación de nuevas poblaciones cuando sus números son todavía muy pequeños. Aunque la deriva ocurre en todos los sitios genéticos, los caracteres mendelianos (es decir, los caracteres fenotípicos), los cuales son controlados por un solo sitio genético, son más afectados por la deriva que los caracteres poligénicos (aquellos que son controlados por muchos genes). La razón es puramente estadística.

Los cambios en las frecuencias de alelos de una población atribuidos a la deriva génica pueden ser distinguidos de los cambios producidos por la selección natural por dos razones: (1) Muchos genes son *neutrales* en el sentido de que sus frecuencias de alelos permanecen sin ser afectadas por la selección natural, porque ellas no incrementan ni reducen la eficacia; durante el tiempo en el que ellos se mueven entre las fronteras difusas de las diferentes poblaciones reproductoras. (2) Cuando una pequeña banda de individuos emigra y se separa de la población reproductora de origen para fundar una nueva población reproductora; lleva consigo solo una *muestra aleatoria* de todos los alelos, incluyendo los alelos neutrales, que existían en la población original. Es decir, que las frecuencias de alelos en todos los sitios genéticos en la banda de emigrantes no serán iguales a las frecuencias en la población original. La banda de emigrantes y todos sus descendientes (quienes eventualmente formaran una población reproductora estable y más numerosa), por consiguiente difieren genéticamente de la población originaria como resultado de un proceso puramente aleatorio. Este proceso aleatorio se llama *efecto fundador*. Transforma todos los sitios genéticos. Durante todo el tiempo en el que la deriva génica ocurre, las mutaciones de genes continúan ocurriendo, y la selección natural continua produciendo cambios en las frecuencias de alelos en muchos sitios. Así los efectos combinados de la deriva génica, la mutación y la selección natural aseguran que muchos alelos sean mantenidos en diferentes frecuencias en varias poblaciones reproductoras relativamente aisladas. Este proceso no sucede una vez y finaliza. Sigue ocurriendo, pero de forma muy lenta como para ser percibido en el corto tiempo intermedio que hay entre unas pocas generaciones.

Debe ser notado que las diferencias fenotípicas entre poblaciones que se deben a la deriva génica son considerablemente más pequeñas que las diferencias en esas características fenotípicas que estuvieron sujetas fuertemente a la selección natural, especialmente aquellas características que reflejan adaptaciones a condiciones climáticas marcadamente diferentes, tales como el color oscuro de piel (del que se piensa que evolucionó como una protección contra los rayos tropicales del sol que causan cáncer de piel y para proteger la piel contra la descomposición **folate** producida por la luz solar), el color claro de piel (para admitir más rayos ultravioletas necesarios para formación de la vitamina D en la piel en las regiones del norte; también porque la vestimenta en las latitudes del norte hacía irrelevante selectivamente la presencia de la piel oscura y esta fue perdida a través de la mutación aleatoria y la deriva), y la forma redondeada o alargada del cuerpo y de la cabeza (la primera siendo más adecuada para conservar o disipar el calor del cuerpo en climas fríos y la segunda para hacer lo mismo en climas calientes, respectivamente).

Debido a que la deriva génica de los genes neutrales es un proceso puramente aleatorio, y al ser dada una tasa constante de deriva, las frecuencias diferentes de alelos de muchos genes neutrales en varias poblaciones contemporáneas pueden ser utilizadas como un reloj genético para determinar

el tiempo aproximado de su divergencia. El mismo método ha sido utilizado para estimar la magnitud de la separación genética, llamada *distancia genética*, entre poblaciones.

La medición y el análisis de la distancia genética entre grupos.

La tecnología genética moderna ha hecho posible medir objetivamente la distancia genética entre diferentes poblaciones con precisión considerable, o fiabilidad estadística. Esta medición esta basada en un numero grande de polimorfismos genéticos de los que se piensa que son genes relativamente neutrales, es decir, genes cuyas frecuencias de alelos difieren entre poblaciones debido mayormente a las mutaciones y a la deriva génica que a la selección natural. Las frecuencias de alelos en las poblaciones pueden ser tan bajas como cero o tan altas como 1.0 (así como existen ciertos alelos que tienen altas frecuencias en algunas poblaciones pero que no son encontrados en otras poblaciones). Los genes neutrales son preferidos para este trabajo porque ellos proporcionan un "reloj" evolutivo mas estable y mas cuidadoso que los genes cuyos caracteres fenotípicos han estado sujetos a los tipos de diversas condiciones externas que son la base de la selección natural. Aunque los genes neutrales proporcionan un estimado mas exacto de los tiempos de divergencia y separación de las poblaciones, debería ser notado que, por definición, ellos no reflejan completamente la magnitud de las diferencias genéticas entre poblaciones que son atribuidas a la selección natural.

La razón y las formulas técnicas para calcular la distancia genética están explicadas en otros lugares. Para nuestros propósitos actuales, la distancia genética, D , entre dos grupos es simplemente la diferencia promedio en frecuencia de alelos entre dos poblaciones, Con D yendo desde cero (es decir, sin diferencias en alelos) a uno (diferencias en todos los alelos). Uno también puede pensar de D como el complemento del cociente de correlación r (es decir, $D = 1 - r$, y $r = 1 - D$). Esta conversión de D a r es especialmente útil, porque muchos de los mismos métodos estadísticos objetivos multivariantes que originalmente fueron diseñados para analizar grandes matrices de correlación (Ej., análisis de componentes principales, análisis de factor, análisis de grupos jerárquico, multidimensional scaling) también pueden ser usados para analizar la matriz total de distancias genéticas (luego de que son convertidas a correlaciones) entre un numero grande de poblaciones con frecuencias de alelos conocidas basadas en algún numero grande de genes.

El estudio mas comprensible de las diferencias en frecuencias de alelos entre poblaciones hasta la fecha es el realizado por el genetista de la Universidad de Stanford Luigi Luca Cavalli-Sforza y sus colegas. Su reciente libro de 1.046 Págs. que reporta los resultados detallados de su estudio es una de las principales contribuciones a la ciencia de la genética de poblaciones. El análisis principal estuvo basado en especímenes sanguíneos obtenidos de muestras representativas de cuarenta y dos poblaciones de cada continente (y las islas del Pacifico) en el mundo. Todos los individuos en esas muestras eran aborígenes o indígenas a las áreas de las que se eligieron las muestras; sus ancestros han vivido en la misma área geográfica desde tiempos anteriores a 1492, una fecha familiar que generalmente marca el comienzo de las exploraciones europeas alrededor del mundo y los posteriores movimientos poblacionales intercontinentales. En cada una de las muestras de población del estudio de Stanford, fueron determinadas las frecuencias de alelos de 120 alelos en cuarenta y nueve sitios genéticos.

La mayoría de esos genes determinan varios grupos sanguíneos, enzimas, y proteínas involucradas en el sistema inmunológico, tales como los linfocitos antígenos humanos (HLA) y las inmunoglobinas. Esos datos fueron utilizados para calcular la distancia genética (D) entre cada grupo y todos los

grupos. (La secuenciación del ADN también fue usada en análisis separados de algunos grupos; otorgo una discriminación genética más fina entre ciertos grupos que los polimorfismos genéticos usados en el análisis principal.) De la matriz total de $(42 \times 41)/2 = 861$ valores D , Cavalli-Sforza y asociados construyeron un *árbol de relaciones genéticas*. El valor D entre dos grupos cualquiera esta representado gráficamente por la longitud total de la línea que conecta a los grupos en el árbol. (Vease la Figura 12.1.)

La distancia genética mas grande, es decir, el D más grande, es la que existe entre los cinco grupos Africanos (listados al tope de la Figura 12.1) y todos los grupos restantes. El próximo D más grande es el de los grupos Australianos + Neoguineanos y los demás grupos; la siguiente separación es entre los Asiáticos meridionales + Isleños del Pacífico y los demás grupos, y así sucesivamente. Los clusters en el nivel mas bajo (es decir, en la derecha en la Figura 12.1) también pueden ser agrupados para mostrar los valores D entre grandes grupos, como en la Figura 12.2. Note que esos clusters producen la misma imagen que las clasificaciones raciales tradicionales que estaban basadas en las características esqueléticas y las muchas características visibles que son usadas por los no-especialistas para distinguir a las "razas."

Es notable, pero quizás no tan sorprendente, que el agrupamiento de varias poblaciones humanas en términos de polimorfismos genéticos invisibles para muchos genes relativamente neutrales proporcione resultados que son muy similares a los que dan los métodos clásicos de clasificación racial basados en características anatómicas observables directamente.

Otro rasgo importante del estudio de Stanford es que las distancias *geográficas* entre los territorios de los grupos que están separados por menos de 5.000 millas están altamente correlacionados ($r \sim .95$) con las distancias genéticas respectivas entre esos grupos. Esto implica que la distancia *genética* proporciona un medición bastante buena de la tasa de flujo génico (mestizaje) entre poblaciones en fechas anteriores a 1492 a.C.

Ninguno de los 120 alelos usados en este estudio tuvo frecuencias iguales a lo largo de todas las cuarenta y dos poblaciones. Esto demuestra la ubicuidad de la variación genética entre las poblaciones y subpoblaciones del mundo.

Todos los estudios de las poblaciones humanas modernas basados en análisis genéticos (incluyendo análisis basados en marcadores y secuencias del ADN) concuerdan al mostrar que la divergencia/distancia genética mas antigua, y por ende la más grande, dentro de la especie humana es la que existe entre los africanos y los no-africanos (véase las Figuras 12.1 y 12.2).

Cavalli-Sforza y asociados transformaron la matriz de distancia en una matriz de correlación que consistía de 861 cocientes de correlación entre las cuarenta y dos poblaciones, así que ellos pudieron aplicar un análisis de los componentes principales (PC) a sus datos genéticos. (El análisis de PC es similar al análisis de factor; la distinción esencial entre ambos es explicada en el capítulo 3, Nota 13.) El análisis PC es un procedimiento matemático totalmente objetivo. No requiere de decisiones o juicios de parte de nadie y proporciona datos idénticos para todo aquel que realice los cálculos correctamente (Hoy día los cálculos son realizados por un programa de ordenador específicamente diseñado para el análisis de PC.) El punto importante es que si las varias poblaciones eran bastante homogéneas en su composición genética, diferenciándose no mas genéticamente de lo que puede ser atribuido solamente a la variación aleatoria, un análisis PC no estaría capacitado para agrupar a las poblaciones en un numero de grupos de acuerdo a su propinuidad genética. De hecho, un análisis PC muestra que la mayoría de las cuarenta y dos poblaciones se agrupo de forma muy distinta en los cuadrantes formados por el uso de los primeros

y segundos componentes principales como ejes (Véase la Figura 12.3). En el PC las poblaciones formaron grupos ampliamente separados que se parecían a los grupos raciales "clásicos" - Caucásicos en la derecha superior, Negroides en la derecha inferior, Asiáticos Nororientales en la izquierda superior, y Asiáticos sudorientales (incluyendo Chinos meridionales) e Isleños del Pacífico en la izquierda inferior. El primer componente (que constituye 27 % de la variación genética total) corresponde a las distancias geográficas de las migraciones (o el tiempo desde la divergencia) desde África sub-Sahariana, reflejando en alguna magnitud las diferencias en frecuencias de alelos que se deben a la deriva génica. El segundo componente (que constituye el 16% de la variación) parece separar a los grupos climáticamente, ya que las posiciones de los grupos en el PC2 están altamente correlacionadas con la latitud de sus locaciones geográficas. Esto sugiere que no todos los genes usados para determinar las distancias genéticas son enteramente neutrales, sino que algunos de ellos difieren en frecuencias de alelos en alguna magnitud debido a la selección natural para diferentes condiciones climáticas. Yo he usado otros métodos objetivos de agrupamiento sobre los mismos datos (rotación varimax de los componentes principales, análisis de factor común, y el análisis de grupos jerárquico). Todos esos tipos de análisis dieron el mismo resultado e identificaron los mismos grupos raciales principales.