



Institut Hospital del Mar
d'Investigacions Mèdiques

Los resultados se acaban de publicar en la revista BMC Genomics.

Identificados cerca de 200 genes que han evolucionado más rápido en los humanos que en otros primates

La lista incluye varios genes que codifican proteínas neuronales

El objetivo es buscar las bases moleculares de lo que nos hace humanos

Barcelona, 21 de julio de 2014. Un estudio realizado por investigadores del Programa de Investigación en Informática Biomédica (GRIB) del IMIM (Instituto Hospital del Mar de Investigaciones Médicas) y la Universidad Pompeu Fabra (UPF), ha utilizado nuevos datos genéticos humanos para conocer más sobre las mutaciones que podrían haber conferido una ventaja selectiva a los seres humanos, en los últimos 5 millones de años de evolución. Esto permite a los investigadores obtener una nueva visión de la evolución humana.

La disponibilidad de las variantes genéticas de un gran número de personas, a través de iniciativas como el [Proyecto 1000 Genomas](#), no sólo es útil para comprender la base genética de las enfermedades, sino también para investigar sobre la evolución humana. Según Mar Albà, profesora ICREA y coordinadora del grupo de investigación en Genómica Evolutiva del IMIM **"Esta variación nos da una medida de la proporción de cambios de aminoácidos que una proteína típicamente tiene mientras conserva su función. Una vez que tenemos este valor, podemos contar las diferencias con la proteína ancestral de humanos y chimpancés y, si encontramos que ha habido más cambios de los esperados, es porque la función de la proteína posiblemente ha cambiado durante la evolución de los humanos"**.

"Si una mutación o cambio incrementa las posibilidades de supervivencia del individuo que la lleva, esta mutación tendrá tendencia a hacerse prevalente en la población. La nueva proteína habrá cambiado su función respecto a la proteína ancestral. Estos son los tipos de cambios que nos interesa identificar para entender cómo los humanos se han adaptado al entorno" comenta Magdalena Gayà antes investigadora del grupo de la Dra. Albà y actualmente investigadora del Instituto de Biotecnología y de Biomedicina (IBB) de la Universidad Autónoma de Barcelona (UAB). El uso de secuencias codificantes de proteínas de humanos, chimpancés, macacos y ratones ha permitido a los investigadores identificar cerca de 200 genes que habrían acumulado cambios adaptativos en los humanos. La lista incluye varios genes que codifican proteínas neuronales.

Las autoras de este trabajo han demostrado que los datos de variación genética son útiles para investigar el pasado remoto del hombre. Ahora será interesante ver si otras especies de humanos, como los neardentales, tenían la misma versión de la proteína que los humanos modernos.

Artículo de referencia:

Gayà-Vidal M & Albà MM (2014). Uncovering adaptive evolution in the human lineage. BMC Genomics 15:599. <http://www.biomedcentral.com/1471-2164/15/599>.

Para más información::

Servicio de Comunicación IMIM: Marta Calsina 93 316 0680 mcalsina@imim.es.