

Científicos publican el gran mapa de la diversidad genética mexicana

El Ciudadano · 28 de octubre de 2023

La revista Nature dedica su portada al Biobanco Mexicano, la base de datos más completa de datos genéticos del país



Un grupo internacional de investigación, encabezado por la **Unidad de Genómica Avanzada (UGA-Langebio)** del **Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del Instituto Politécnico Nacional (Cinvestav)**, identificó genéticamente el **ADN** de más de 6 mil individuos pertenecientes a las 32 entidades federativas del país. Esto dio origen al llamado **Biobanco Mexicano**, la primera base de datos genómicos de escala nacional con 1.8 millones de **marcadores genéticos** pertenecientes a los habitantes de alrededor de 900 localidades.

Los resultados iniciales de esta iniciativa han sido publicados en la revista **Natur**, cuya portada del 26 de octubre está inspirada en el **arte indígena huichol**, representando un mapa de **México** basado en datos que reflejan la **diversidad genética del país**.

¿Qué es el genotipo?

Es la manera en que están organizadas las instrucciones en nuestro cuerpo que determinan cómo somos. Estas instrucciones se encuentran en pequeñas unidades llamadas **genes**, que están hechas de ADN. Nuestro genotipo es como un conjunto de recetas en un libro de cocina, y cada receta (o gen) contiene información específica sobre cosas como el color de nuestros ojos, la altura que tendremos, e incluso qué enfermedades podríamos ser más propensos a tener.

Por ejemplo, si hablamos del color de los ojos, hay diferentes versiones de la receta que determina el color de los ojos. Algunas personas tienen la receta para ojos azules, otras para ojos verdes, marrones y así sucesivamente. La combinación única de todas estas recetas en nuestro cuerpo es lo que hace que cada persona sea única y diferente de los demás. Esa combinación es lo que llamamos nuestro **genotipo**.

Así, el equipo encabezado por el doctor **Andrés Moreno Estrada, de la UGA-Langebio**, genotipó a 6,057 personas de los 32 estados de México, asegurándose de que se incluyeran representantes de las comunidades indígenas del país. Los investigadores utilizaron los datos para realizar estudios de asociación de todo el genoma para 22 rasgos complejos y evaluar qué tan bien las puntuaciones poligénicas predecían el riesgo de desarrollar enfermedades.

¿Por qué se realizó?

Actualmente, más del 95% de los participantes en estudios genéticos para estudios médicos a nivel mundial son de ascendencia europea, lo que limita el conocimiento del **genoma humano** de otras poblaciones del mundo. Para corregir este sesgo, a diferencia de estudios previos sobre información genética de la población mexicana, se trata del primero en contemplar la totalidad del territorio nacional, por lo que se convierte en una herramienta fundamental para la investigación, tanto **biomédica** como poblacional, en el país.

Con esta información, los científicos pudieron entender cómo las poblaciones ancestrales en diferentes regiones de México han cambiado con el tiempo, desde la época **precolonial** hasta la actualidad. También descubrieron que hay diferencias en ciertas regiones del genoma que reflejan historias demográficas distintas. Esto significa que algunas partes del genoma tienen variantes **genéticas** raras que podrían estar relacionadas con ciertas enfermedades.

Además, llevaron a cabo estudios que intentaban entender cómo ciertos rasgos, como el índice de masa corporal, los triglicéridos, la glucosa y la altura, están influenciados por factores genéticos y ambientales. Descubrieron que la longitud del genoma en ciertas áreas está relacionada con estos rasgos, lo que sugiere que ciertos **factores genéticos** podrían influir en nuestra salud.

¿Cómo obtuvieron las muestras de ADN?

A través de la **Encuesta Nacional de Salud (ENSA)**, realizada por los **Institutos Nacionales de Salud Pública (INSP)** en el año 2000, en la que se colectaron muestras biológicas y datos biomédicos de más de 40 mil adultos, de los cuales fueron seleccionadas 6 mil muestras para el análisis del ADN equilibrando la disponibilidad de recursos y la representatividad nacional.

En la antropología biológica, la llamada **ancestría** puede entenderse como la distribución **bio-geográfica** de la variación genética de las poblaciones humanas y su historia. Por ello, en el estudio se procuró obtener una visión equilibrada de todas las regiones y ancestrías del país, dando prioridad a individuos identificados como parte de una **comunidad indígena**, con la intención de representar lo más posible las **raíces prehispánicas** de la población, ya que la información de ancestrías originarias de **América** es la que, hasta ahora, menos se ha caracterizado genéticamente a nivel mundial.

A partir de los datos obtenidos por el Biobanco Mexicano, se mostró por primera vez el panorama nacional de cómo están estructuradas las ancestrías por regiones y estados. Por ejemplo, se puede identificar la existencia de un gradiente mayor de presencia de **genes asiáticos** en la zona de **Guerrero y Baja California**, así como **raíces africanas** presentes en mayor medida en **Veracruz o Tabasco**, además de una diferenciación genética significativa, respecto al resto del país, de la región de la **península de Yucatán y la Huasteca**.

¿Qué técnicas usaron?

El más importante fue el llamado “**genotipado masivo por microarreglos de variantes de un solo nucleótido**”, que es una técnica que se utiliza para analizar una gran cantidad de variaciones genéticas en muchas personas al mismo tiempo. Imagina que tienes una lista muy larga de palabras y necesitamos saber qué letras hay en cada palabra. El genotipado masivo es como si pudieras revisar rápidamente todas estas palabras al mismo tiempo para ver qué letras tienen.

Un «microarreglo» es una pequeña placa en la que se fijan muchos fragmentos de ADN, y un «**nucleótido**» es una de las unidades básicas del ADN. Esta técnica busca específicamente variaciones en un solo de estos nucleótidos en el ADN, llamados **SNP** por sus siglas en inglés. Un SNP es básicamente un pequeño cambio en una sola letra del «libro de cocina» que mencionamos anteriormente. Estos cambios pueden tener un gran impacto en cómo funciona nuestro cuerpo y en qué enfermedades podríamos desarrollar.

Esta técnica permitió a los científicos mexicanos revisar rápidamente estas pequeñas variaciones en el ADN de muchas personas al mismo tiempo, lo que les ayuda a comprender mejor cómo estas variaciones pueden estar relacionadas con ciertas características o enfermedades.

La información del consorcio del Biobanco Mexicano está disponible a través del repositorio **Archivo Europeo del Genoma-Fenoma**, un repositorio de datos **biomoleculares y fenotípicos humanos** en el Reino Unido y España. El consorcio del Biobanco Mexicano está encabezado por el doctor **Andrés Moreno Estrada**, de la **Unidad de Genómica Avanzada** y cuenta con la participación de los **Institutos Nacionales de Salud Pública (INSP)** y de **Ciencias Médicas y Nutrición Salvador Zubirán (INCMNSZ)**, así como la **Escuela Nacional de Antropología e Historia**.

Con información de: conexion.cinvestav.mx y nature.com

Por: *Gerardo Sifuentes*

Foto: *National Institutes of Health*

Recuerda suscribirte a nuestro boletín

➔  <https://t.me/ciudadanomx>
 elciudadano.com

Fuente: El Ciudadano