



El cólera

como factor de selección

Por Antonio T. Araujo Soto

Distintos patógenos han representado un factor importante de selección en la historia de la humanidad al ocasionar un alto número de muertes, lo que puede ocasionar una disminución en la diversidad genética de una población en un tiempo determinado. Además, pueden afectar la capacidad de ciertos individuos para reproducirse, favoreciendo la de otros. Entre los agentes más nocivos están el virus de la viruela, la bacteria *Yersinia pestis* (peste bubónica) o protozoos del género *Plasmodium* (malaria) (Karlsson et al., 2014). Estos últimos representan el mejor ejemplo de selección y adaptación en humanos (Mangano y Modiano, 2014).

La resistencia de algunas personas, entendida como un proceso de adaptación ante un agente infeccioso, ha ido acumulando evidencia desde hace medio siglo. Un ejemplo reciente es la selección que ha ocurrido en poblaciones humanas de Bangladesh en respuesta a “*Vibrio cholerae*”, agente causal del cólera (Figura 1), enfermedad antigua que parece haber surgido en el subcontinente indio y cuya tasa de mortalidad histórica excedía 40% (Karlsson et al., 2013; Lippi et al., 2016).

El cólera se caracteriza por una diarrea acuosa abundante que provoca la pérdida de electrolitos (sodio, potasio, calcio) y subsecuente deshidratación de la persona infectada. Este cuadro clínico se debe a la liberación de la

EL CÓLERA PUDO HABER SURGIDO EN
ASIA Y ES UNA DE LAS ENFERMEDADES
MÁS ANTIGUAS EN LA HUMANIDAD



Imagen: https://www.rki.de/SharedDocs/Bilder/InfAZ/Vibrio_cholerae/EM_10_44496c_Vibrio_cholerae_JPG.jpg?__blob=publicationFile&v=7

toxina de la bacteria al interior de las células epiteliales del intestino delgado, el cual es colonizado después de haber ingerido agua o alimentos contaminados. Desde el siglo XIX se han identificado siete principales pandemias de este padecimiento, seis de las cuales han tenido como punto de origen el delta del río Ganges, que fluye a través de India y Bangladesh (Lippi *et al.*, 2016).

En el artículo publicado por Elinor K. Karlsson y colaboradores (2013) se identifican varias regiones –en el genoma– bajo selección natural, en las que se pueden encontrar genes que codifican elementos de la respuesta inmune (asociados a la inducción de la proteína NF- κ B), así como canales de potasio (KCNH7 y KCNH5); por el contrario, en grupos humanos del este de Asia, Europa o los Yoruba de África la evidencia de selección se pierde.

En próximos estudios será imperante identificar la presencia de SNPs u otros polimorfismos específicos (deleciones o inserciones de nucleótidos, secuencias repetidas) en las regiones genómicas señaladas bajo selección, así como investigar las consecuencias funcionales de estos en el desarrollo de la enfermedad. Estas variantes contribuirían al estudio de adaptaciones en poblaciones humanas y podrían representar blancos de intervención terapéutica. 

Referencias

- Karlsson, Elinor K. *et al.* (2013). "Natural selection in a bangladeshi population from the cholera-endemic Ganges river Delta", en *Science Translational Medicine*, vol. 5, núm. 192. <<http://stm.sciencemag.org/content/5/192/192ra86>>.
- Karlsson, Elinor K., Diminac P. Kwiatkowski y Pardis C. Sabeti (2014). "Natural selection and infectious disease in human populations", en *Nature Reviews Genetics*, vol. 15, núm. 6, pp. 379-393. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/24776769>>.
- Lippi, Donatella, Eduardo Gotuzzo y Saverio Caimi (2016). "Cholerae", en *Microbiology Spectrum*, vol. 4, núm. 4. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/27726771>>.
- Mangano, Valentina D. y David Modiano (2014). "An evolutionary perspective of how infection drives human genome diversity: the case of malaria", en *Current Opinion in Immunology*, núm. 30, pp. 39-47. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/24996199>>.



Antonio T. Araujo Soto es maestro en Ciencias Biológicas por la UNAM. Ha colaborado en distintos proyectos en el Instituto de Investigaciones Biomédicas (IIBM), donde estudió la variabilidad genética de poblaciones mexicanas en componentes del metabolismo de xenobióticos. Su interés se centra en el efecto del ambiente sobre los organismos en un contexto evolutivo y biomédico.



POTROMUN
UAEMéx

TU DELEGACIÓN ESPERA

Si eres estudiante del nivel medio superior o superior, participa del 24 al 27 de abril del 2019.



Universidad Autónoma del Estado de México

 PotroMUN UAEMéx
 @potromun_uam

