



# Migración y biología

Por Antonio T. Araujo Soto

**La migración** es una de las cuatro fuerzas que impulsan la evolución de las especies y, junto con la mutación, propicia la diversidad genética en las poblaciones. Aunque gran parte del trabajo en evolución humana se ha conducido en torno a la selección natural, los avances científicos en el análisis del ADN han permitido profundizar, global y localmente, en los efectos de la migración y su importancia en nuestra historia como especie.

La salida del *Homo sapiens* del continente africano y su incursión en otras latitudes, hace más de 30 000 años, lo llevó al encuentro de neandertales y denisovanos, otros homínidos ahora extintos; como evidencia de este cruce, entre 1 y 4% del ADN de poblaciones europeas y asiáticas contemporáneas proviene del genoma de estas especies extintas. En las secuencias halladas se incluyen elementos del sistema inmunológico como los receptores TLR (receptores tipo Toll), los cuales reconocen moléculas (proteínas, lípidos, ADN, ARN) propias de microorganismos patógenos y desencadenan la respuesta inmune en contra de estos (Domínguez Andrés y Netea, 2019).

El hallazgo de estas secuencias ha generado hipótesis acerca de su conservación y efecto en grupos humanos actuales. Sobre su permanencia se ha escrito que podrían haber ayudado en la sobrevivencia del *Homo sapiens* cuando llegó a nuevos territorios, en los cuales debió exponerse también a patógenos desconocidos; con el paso de los siglos, estas variantes adquiridas –por introgresión– habrían dejado de representar una ventaja y conferir susceptibilidad a ciertas enfermedades de gran relevancia en la vida actual, como el asma (Domínguez Andrés y Netea, 2019).

Aunque estas hipótesis requieren de más investigación para ser comprobadas o refutadas, la migración continúa siendo un tema de importancia. En el siglo pasado y en el presente hemos sido testigos del desplazamiento de miles de individuos en África, Medio Oriente y Latinoamérica, entre otras regiones. Por diferentes causas, las personas se mueven de un lugar a otro, planteando retos sociales de alcance global, como la integración de los inmigrantes y el respeto a sus derechos, o los desafíos en salud pública, ejemplificados en la aparición de las recientes enfermedades SARS (síndrome respiratorio agudo severo) y COVID-19, o reemergentes como el sarampión.

Atender y estudiar la migración de las personas alrededor del mundo debe ayudarnos a mejorar nuestras acciones frente a crisis humanitarias, pero también a conocer las secuelas que se derivan de estos movimientos en el presente y en el futuro, como la introducción de variantes alélicas a una población con estilos de vida distintos o

Ilustración: Luis Ángel Velázquez





Montaje: Gerardo Mercado

el asentamiento de grupos humanos en condiciones ambientales ajenas, como en Latinoamérica, y particularmente en México.

La llegada de los españoles a Mesoamérica en 1519, y de los sucesos posteriores que dieron forma al país, ha suscitado múltiples reflexiones a partir de diferentes disciplinas, además de las investigaciones que profundizan en el conocimiento de la evolución biológica de la población mexicana, teniendo en cuenta que desde hace 500 años el país ha recibido migración de otras poblaciones. Desde hace tiempo se han realizado estudios que muestran el aporte de europeos y africanos al genoma de comunidades nativas, así como la continuidad por vía materna, principalmente, de nuestra herencia genética (Adhikari *et al.*, 2016).

En la actualidad, estas investigaciones sobre la estructura genética de los mexicanos son realizadas en instituciones como la Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM), el Centro de Investigación y de Estudios Avanzados (Cinvestav) del Instituto Politécnico Nacional, el Instituto Nacional de Medicina Genómica (Inmegen), la Escuela Nacional de Antropología e Historia (ENAH) y centros hospitalarios, dado que en un futuro este conocimiento podría ayudar en la atención a la salud de la población. 🗣️

#### Referencias

- Adhikari, Kaustubh *et al.* (2016). "Admixture in Latin America", en *Current Opinion in Genetics & Development*, vol. 41, pp. 106-114. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/27690355>>.
- Domínguez Andrés, J. y Mihai G. Netea (2019). "Impact of historic migrations and evolutionary processes on human immunity", en *Trends in Immunology*, vol. 40, núm.12, pp. 1105-1118. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/31786023>>.



**Antonio T. Araujo Soto** es maestro en Ciencias Biológicas por la UNAM, ha colaborado en distintos proyectos estudiando la variabilidad genética de la población mexicana en componentes del metabolismo de xenobióticos. Su área de interés se centra en la interacción ambiente-organismo en un contexto evolutivo y biomédico.

