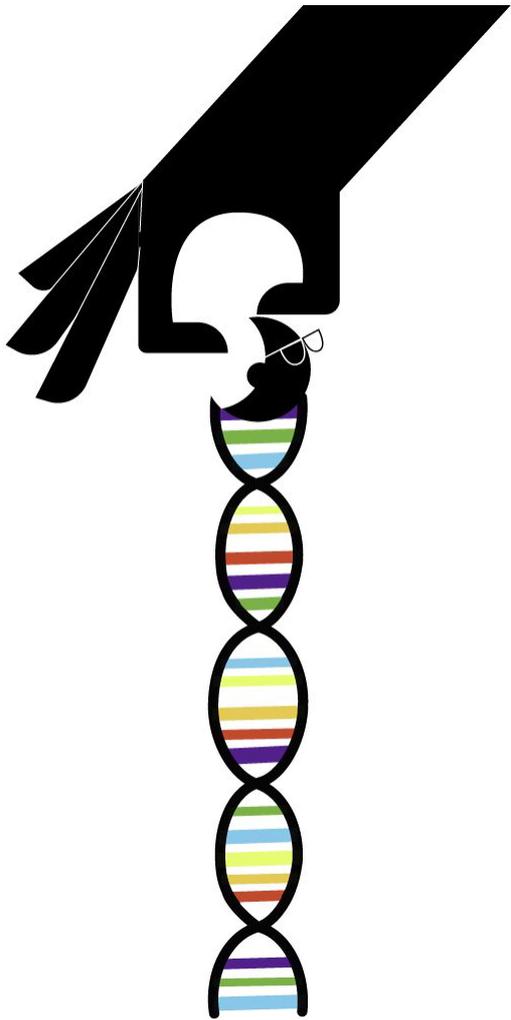


Wanderlust o el ansia de descubrir mundo



FECHA: 27/09/2019

AUTORA GEMMA MARFANY

ILUSTRACIÓN CARLA GARRIDO PUERTA

Departamento de Genética, Microbiología y Estadística.

Centro de Investigaciones en Red de Enfermedades Raras (CIBERER) Instituto de Biomedicina. Universidad de Barcelona

Ansia de descubrir mundo, pasión por viajar... son algunas de las traducciones que podemos encontrar del término inglés “wanderlust”, aunque me parecen traducciones modernas de un sentimiento más difuso, difícil de definir y muy típicamente humano: el impulso de merodear, la necesidad de no quedarse quieto en ningún lugar. Este sentimiento, impulsado por razones muy distintas: hambrunas, falta de agua, condiciones climáticas adversas, guerras de expansión territorial, epidemias o la búsqueda de nuevos recursos... ha generado un gran trasiego de poblaciones humanas a través de mares y montañas, a cortas y a largas distancias, hasta el punto de moldear nuestro genoma desde hace centenares de miles de años hasta la actualidad.

En oleadas o en ciclos, los humanos hemos conquistado espacios, nos hemos asentado y reproducido; hemos migrado a nuevos lugares en los que nos hemos mezclado y reproducido de manera que nuestro ADN ha acabado siendo un puzzle de pequeños fragmentos provenientes de distintos ancestros. Recordemos que de los 46 cromosomas (23 pares) de nuestro genoma, uno de cada par procede de cada uno de los progenitores; la mitad, 23 cromosomas, de nuestra madre y la otra mitad, otros 23, de nuestro padre. Pero como ellos, a su vez, han heredado la mitad de cromosomas de cada uno de sus padres, en promedio, un 25% de nuestro ADN procede de cada abuelo, un 12,5% de los bisabuelos y así hasta llegara a fragmentos de ADN de ancestros que se pierden en el pasado.

Actualmente, existen técnicas de secuenciación masiva de ADN que nos permiten obtener la información completa de un genoma individual por un coste razonable, entre 600€-1000€. La mayor parte de esta información genética es idéntica entre humanos; sólo 1 ó 2 de cada mil posiciones del ADN cambian entre nosotros. Dicho de otra manera: los humanos somos en un 99,998% idénticos, identidad que se mantiene incluso comparando personas de origen amerindio con otras de origen sudafricano, mediterráneo o de la isla de Okinawa en Japón. Estas variantes genéticas son las responsables de nuestras características diferenciales, aunque hay que destacar que la gran mayoría de ellas se localizan en regiones que no codifican para ninguna instrucción genética concreta. Sea como fuere, analizando las secuencias que son distintas entre nosotros, podemos establecer relaciones de parentesco genético, ya que, como he comentado antes, las compartimos con otros miembros de nuestra familia. Mediante el análisis de la secuencia de ADN y algoritmos bioinformáticos podemos establecer las relaciones de parentesco genético. Gracias a estas comparaciones sabemos que, en general, dos personas escogidas al azar, de todo el mundo, suelen ser primos sextos o séptimos de promedio, lo que quiere decir que la población humana actual se expandió hace poco.

Aunque no existen poblaciones o etnias endémicas “puras”, puesto que el ser humano ha migrado y se ha cruzado, en algunos lugares hay poblaciones cuyo ADN permite trazar el origen genético con cierta fiabilidad. Por ejemplo, si analizáramos el ADN de Barack Obama, encontraríamos que el 50% de su ADN es de origen etíope (heredado de su padre) y el otro 50%, de origen inglés, mezclado con ADN de otros orígenes británicos y europeos (heredado de su madre). En la edición de este año 2019 del festival de Eurovisión, pudimos ver una gran cantidad de spots en que una compañía de análisis genéticos de ancestralidad se ofrecía a cuantificar el tanto por ciento del genoma que se compartía con el o la cantante preferidos o a informarnos del origen geográfico de la muestra. En un video que circulaba por twitter, esta vez de una agencia de viajes, una compañía de diagnóstico genético analizaba el porcentaje de

genoma de orígenes geográficos distintos (con un margen amplio). En todos estos casos, se utiliza la información genética variable entre humanos para identificar regiones de los cromosomas que hemos heredado en bloque de nuestros ancestros y que pueden determinar, con más o menos precisión, su origen geográfico, a modo de GPS del ADN.

Ante esto, parece como si el ADN de cada población humana se pudiera adscribir a una localización geográfica concreta, pero esto no es exactamente así puesto que, como ya hemos comentado, los humanos han merodeado por toda la geografía mundial, en distintas épocas de nuestra corta andadura como especie. De hecho, ni tan siquiera la especie humana actual, considerada como la especie humana moderna, tiene origen único. Cuando analizamos el ADN de personas de muy diversa procedencia se pueden identificar claramente regiones cromosómicas heredadas en bloque, remanentes de la mezcla genética con otros homínidos (especies humanas del género Homo ya extintas), como son los neandertales (entre el 2% y el 8% del ADN en algunos europeos), los denisovanos (del 0,2% en Asia continental y amerindios, hasta el 5% en islas de Oceanía), y alguna otra especie, cuyos fósiles no se han podido encontrar todavía, pero cuyo ADN forma parte de algunos humanos actuales. Estas hibridaciones con otros homínidos se produjeron tras diferentes oleadas de migración desde África hacia distintas regiones del mundo, desde hace 200.000 años hasta la actualidad. A pesar de que estas especies tan cercanas a nosotros se extinguieron hace unos 40.000 años, los humanos actuales perpetuamos todavía parte de su ADN.

Los datos genéticos indican que en las poblaciones humanas se ha favorecido, de siempre, la mezcla genética, y los registros históricos corroboran que una constante de los humanos es que hemos migrado, viajado y cruzado genéticamente. Ansias de descubrir mundo. Hay territorios de paso que han favorecido el intercambio cultural y genético en los que encontramos mayor diversidad genética. En otras zonas, islas alejadas, montañas elevadas, valles perdidos, los grupos humanos han permanecido más aislados y en ellos se evidencian fenómenos genéticos como la deriva genética, el efecto fundador y la consanguinidad, que determinan una reducción de la variabilidad genética. Estos casos, únicos, nos permiten determinar mutaciones y variantes endémicas y profundizar en aspectos de la genética humana que serían muy difíciles de analizar de otra manera. Pero tanto las poblaciones de territorios de alta y baja diversidad genética, proporcionan una visión global de la información genética que nos conforma y nos identifica como humanos.

No somos una especie pura, llevamos dentro de nosotros la herencia de nuestro pasado, fragmentos de ADN de nuestros ancestros, que han sido aderezados con nuevas mutaciones que surgen en cada generación y que transmitiremos a nuestros descendientes. Este es nuestro legado genético.