

micas, etnoastronómicas y otras, que quedan comprendidas en el estudio multidisciplinario de la astronomía cultural, efectivamente llegaron a ser una “antropología de la astronomía” —de la que habló el mismo Aveni en otro lugar—, fortaleciendo su lugar y razón de ser en el marco de las ciencias antropológicas.

Ivan Šprajc

Carlos SERRANO (ed.). *Genes, evolución y diversidad humana. Temas de antropología molecular*. IIA-UNAM, México, 1995, 142 pp. ISBN 968-36-4501-1.

Me es grato reseñar esta obra, publicada recientemente por el IIA-UNAM, en la que se muestra la confluencia de intereses de investigación que han surgido en distintos ámbitos disciplinarios.

Valga hacer notar que la asociación profesional y, por supuesto, de amistad sincera y afectuosa mía y de mi grupo de trabajo con los expertos del IIA, ha sido un hecho desde hace mucho tiempo. Sin duda alguna, el trabajo interdisciplinario es siempre mucho más fructífero, pues no es posible mirar un área de la ciencia, como la inmunogenética, que nosotros manejamos, sin la participación de otras ciencias; en este caso de la antropología, si se quiere profundizar en el conocimiento de la historia evolutiva de la humanidad. A este respecto, el grupo del doctor Serrano (Martha Pimienta y Alfonso Gallardo) y de mi grupo, Ana Burguete, Angélica Olivo y yo, hemos iniciado un proyecto de antropología molecular en los entierros del Templo de Quetzalcóatl, con la finalidad de conocer los orígenes ancestrales de los teotihuacanos y tal vez saber a dónde migraron, al compararlos con los resultados moleculares de distintas poblaciones indígenas en el marco de sus antecedentes antropológicos e históricos.

En la introducción del libro editado por el doctor Carlos Serrano, él señala atinadamente que uno de los aspectos fundamentales de la Antropología: “es el que se refiere al origen y evolución del hombre. Tema que constituye el eje vertebral de la antropología física y que ha llegado a conformar un cuerpo de conocimiento con una tradición más que centenaria”.

En su presentación hace énfasis en que la revolución tecnológica ha significado un cambio radical para la antropología física. Así, actualmente la identificación de compuestos orgánicos en restos antiguos ha abierto un nuevo campo de investigación con enormes implicaciones. La de mayor importancia es la extracción de ADN antiguo de fósiles, de restos de subfósiles, artefactos, de rastros de fuentes biológicas y de especímenes de museo. Dado que estas técnicas permiten acceso a las partículas que son la esencia de la evolución de los organismos, sin duda abre la posibilidad de estudiar la evolución a nivel molecular en una escala ilimitada de tiempo.

No hay que soslayar que el conocimiento sobre la preservación de ácidos nucleicos ha existido desde hace mucho tiempo. A principios de siglo, los botánicos inten-

taron plantar semillas de excavaciones, después de su exitosa demostración por tinción de presencia de ADN en tejidos de plantas antiguas.

La primera extracción exitosa de aADN (a=antiguo) y aARN fue obtenida por un grupo chino del Colegio Médico de Hunan en 1980, de cartílago de costilla de un esqueleto de 2000 años de la vieja de Mawangtui. La introducción de los métodos de clonación revolucionaron el área del aADN. La primera amplificación de tejidos animales hecha por Higuchi en 1984, fue seguida por la clonación realizada por Paabo en 1985, de un aADN de momias egipcias. La invención de la PCR a mediados de los ochenta por Saiki, Mullis y Fallona entre 1985 y 1987 fue explosiva para la búsqueda de aADN y aARN, sobre todo porque se requieren cantidades mucho menores de material que para otros métodos. Así, el PCR y sus variantes se han convertido en el método de elección para la investigación del pasado, el cual incluye a todas las eras de la evolución biológica, pues resulta que los problemas básicos para el manejo del ADN de material reciente, son los mismos que aquéllos para el manejo de material de hace millones de años.

Las áreas de interés en este contexto son:

a) el acceso a la información a nivel individual. El objetivo es analizar las evidencias biológicas en el ámbito ecológico o bien analizar muestras de tejido de especímenes histopatológicos o de material de autopsia y muestras de plantas y animales de colecciones de museo. Este es el primer paso para poder hacer cualquier investigación posterior y es un prerequisite para

b) acceder a la información genética a nivel infrapoblacional. Esto es la determinación de las distancias genéticas comparando la información genética de dos individuos, lo cual juega un papel central en los procesos evolutivos. Una tercera etapa es:

c) el acceso a la información genética al nivel interpoblacional que es la comparación entre dos poblaciones, lo cual refleja el grado de relación evolutiva existente y brinda la oportunidad de reconstruir la historia de las poblaciones en el tiempo y en el espacio; esto permite reconstruir los árboles filogenéticos.

El libro que ahora comentamos muestra indudablemente que también en nuestro país existe esta inquietud y algunos de los trabajos que aquí se incorporaron constituyen un ejemplo del interés en el tema. Rocío Vargas y su grupo han iniciado estos trabajos desde 1987 en que empezaron a extraer ADN de restos óseos humanos e identificaron los genes de la β -globina y del factor de elongación HEF-1 α en restos prehispanicos de hace 1000-1100 años, así como la presencia del iniciador met-ARNt para la síntesis de proteínas de esqueletos de 650-1100 años de antigüedad.

En el primer capítulo, "Antropología molecular hoy", el autor revisa las etapas del surgimiento de la antropología molecular haciendo hincapié en los antecedentes históricos del descubrimiento de los grupos sanguíneos, primeros marcadores que han sido usados por un sinnúmero de investigaciones para la definición de los grupos humanos, su parentesco, sus migraciones y sus orígenes. El descubrimiento de las inmunoglobulinas, su identificación y sus aplicaciones y después otros elementos inmunológicos.

La descripción del ADN mitocondrial incluida en el libro es muy apropiada

para este tema, ya que el genoma mitocondrial se ha usado ampliamente en estudios de evolución. Su rápida tasa evolutiva ha sido muy útil para análisis de poblaciones; las sustituciones se acumulan rápidamente en las posiciones del tercer codón de los genes que codifican y en las regiones control. Las relaciones interespecíficas se estiman mediante las sustituciones más lentas de aminoácidos. A diferencia del ADN nuclear, este es haploide y su herencia se considera estrictamente materna, por lo que sólo se pueden sacar conclusiones filogenéticas y de flujo genético con respecto al origen materno. Esto es útil en la ausencia de diferencias específicas de sexo, lo cual debe tenerse muy en mente al diseñar un proyecto de investigación. Algunas de las ventajas es que el ADNmt ocurre en un número mucho mayor de copias, lo cual facilita su amplificación. Así, dependiendo de lo que se quiera obtener, es una metodología que está ya disponible desde 1985.

La importancia de la inmunología, y en particular de la inmunogenética, también ocupó un espacio en el libro. En efecto uno de los sistemas más valiosos para el análisis evolutivo inter y entre poblaciones es el MHC, del cual sería importante que en futuras reediciones se analicen los trabajos tan importantes que se han hecho tanto en México como en otros países del mundo, a la luz de la biología molecular, del micropolimorfismo y sus implicaciones en los orígenes de las poblaciones humanas, las mezclas y las interacciones que han existido entre los genes y los nichos ecológicos que ocupan los diferentes grupos humanos. Los estudios en población mestiza y en indígenas mexicanos realizadas por nuestro departamento de Inmunogenética en grupos como los lacandones, seris, nahuas, mazahuas, tarahumaras y mixtecos, han revelado datos muy importantes en estos aspectos. El grupo mixteco se analizó en el marco de un proyecto hecho en colaboración con el IIA y con el CEP de Toulouse, y los demás con el INI, el Lab SP de Sonora y la Fundación Alberto Albert Schweitzer. La evolución de los alelos B27 y B35 también ha sido abordada y publicada por nosotros, y otros grupos en el mundo investigan intensamente la evolución de distintos alelos, con el objeto de conocer el impacto de la selección natural sobre el genoma y la interacción de los alelos de susceptibilidad o protección para entender los mecanismos moleculares de enfermedades como las espondiloartropatías, la DMDI, la AR, el paludismo, la leishmaniasis y otras. Algunas investigaciones moleculares de alelos clase I en indios de Ecuador y Brasil han mostrado que ciertas variantes se originaron en Sudamérica, pues no existen ni en indios de EUA ni en Asia, lo cual sugiere fuertemente que las presiones selectivas dieron lugar a la permanencia de variantes que confirieron una ventaja en esos habitats. Estos son sólo algunos ejemplos de la relevancia del MHC y el impacto que puede tener en la antropología molecular, que aquí no se tocaron.

El tema del estudio de los ácidos nucleicos en restos óseos antiguos, además de muy bien desarrollado, muestra el esfuerzo que ya se hace en México en este campo, y además de revisar algunos trabajos hechos por diferentes grupos mexicanos, incluido el nuestro en cuanto al MHC, los trabajos de Rocío Vargas son los primeros intentos exitosos de obtención y tipificación de distintos genes en restos de aADN. Quiero citar un párrafo de su capítulo, que considero central en el tema que nos ocupa:

El nuevo panorama que se abre en el campo de la antropología física es en primer término la posibilidad de fundamentar y desarrollar nuevas líneas de investigación con restos óseos humanos, como: el análisis de las propiedades, la estructura, organización y evolución de los genes humanos [y] la aplicación de la biología molecular en la antropología es un método adicional con el que se puede conocer la heterogeneidad genética del hombre, pero el ser humano no es sólo un conjunto de alelos, sino forma parte de una sociedad y de su entorno ecológico, por lo que su estudio no se puede desligar de otras disciplinas.

Los tres capítulos restantes describen algunos métodos útiles en este campo, como la huella digital del ADN, y aunque no queda muy claro cuál es el papel de las lectinas en la antropología molecular, se revisa la importancia que tuvieron en el conocimiento de los grupos sanguíneos, cuyo análisis dio lugar, como ya se mencionó, a las primeras descripciones de los orígenes, migraciones y grados de mezcla de las poblaciones.

Por último, se hizo una descripción interesante de algunos de los procedimientos que se emplean para el fechamiento, como el uso de isótopos radiactivos y como los oligoelementos, que han sido de valor para la reconstrucción de la dieta, la predicción de los efectos de la salud o las investigaciones de las correlaciones culturales con el tipo de alimentación.

El libro tiene la ventaja de ser el primer intento que señala un nuevo terreno de exploración en la antropología, aunque en algunos casos la bibliografía no está muy actualizada y me permitiría sugerir algunos temas de importancia central para una oportunidad futura. Entre esos están los debidos a que el terreno del aADN está en su infancia y se deberá pasar de la mera fascinación a los estudios metodológicos sistemáticos y a la aplicación a problemas específicos, tales como la historia de la colonización de Groenlandia, qué sucedió con los diferentes esquimales que la poblaron, y cómo se explican las diferencias con sus pobladores modernos. Estas interrogantes están siendo ya investigadas en una forma profunda y elegante por Nielsen y su grupo.

Otro problema central es la extracción y purificación del aADN. Su degradación y la presencia de inhibidores. La recuperación de ADN de buena calidad es un cuello de botella. Sin duda deberán dedicarse espacios a la colección y manejo de las muestras, que deben incluir procedimientos mínimos de manipulación, con el uso de guantes estériles, navajas y tubos desechables y hasta el uso de máscaras para evitar contaminar al hablar mientras se trabaja con los especímenes. Al final, el éxito de la amplificación, clonación, secuenciación o cualquier técnica, dependerán primariamente de la forma en que se haga el muestreo. Por último, valga mencionar que sería importante pensar en conocer temas como el manejo y análisis de muestras de entierros, de especímenes de museos, de restos óseos, de fósiles, de tejidos blandos, de líquidos secos, de muestras que han estado en contacto con humedad, de momias y de muestras patológicas que estarán en cortes o biopsias.

Quiero enfatizar que aunque se pasará por muchas dificultades técnicas que pueden limitar las investigaciones a los últimos diez mil años, este periodo de tiem-

po engloba suficientes eventos relevantes en la historia de la humanidad para permitir mucha investigación sobre la introducción de la agricultura, la domesticación de los animales y la expansión de las enfermedades infecciosas, además de la evolución histórica y del origen y desaparición de muchas poblaciones.

En esta oportunidad quiero felicitar al editor y colaboradores de la obra por el esfuerzo que han realizado. Además, espero que en el futuro próximo podamos mostrar algunos resultados del estudio de inmunogenética molecular que estamos llevando a cabo, en colaboración con el IIA, en el templo de Quetzalcóatl, que indudablemente, por el extraordinario micropolimorfismo del MHC y por el profundo conocimiento existente en la genética de poblaciones, nos dará información importante sobre los misterios la población teotihuacana.

Clara Gorodezky