

Genética y genómica de poblaciones en México. ¿Dónde estamos y hacia dónde vamos? Entrevista con Héctor Rangel Villalobos

Raúl Cuauhtémoc Baptista Rosas*

El doctor Héctor Rangel Villalobos es profesor investigador adscrito al Centro Universitario de la Ciénega, de la Universidad de Guadalajara. Es director del Instituto de Investigación en Genética Molecular. Fue delegado de nuestro país ante la Sociedad Latinoamericana de Genética Forense y secretario del Grupo Hispano-Portugués de la International Society of Forensic Genetics. Sus principales líneas de investigación son la antropología molecular y la genética forense. Para tener una perspectiva general de los avances y las problemáticas a que se enfrenta el desarrollo de la genética y genómica de poblaciones, en esta entrega de *Diario de Campo* hicimos cinco preguntas simples a un investigador líder en este campo de investigación en nuestro país. Esperamos que esta breve entrevista revele el panorama al que se enfrenta el empleo de herramientas tecnológicas obtenidas de las ciencias genómicas y la genética molecular para el estudio antropológico del México contemporáneo y del pasado.

¿Cuál es su opinión sobre el estado del arte de la genética y genómica de poblaciones en México?

Se han logrado avances significativos en este campo del conocimiento. Estos avances incluyen el análisis de marcadores genéticos usados en identificación humana y el análisis de marcadores genéticos de importancia biomédica con diferentes tipos de herencia (autosómicos, del cromosoma Y, ADNmt y el cromosoma X), SNPs genómicos y recientemente *whole genome sequencing*, donde se han incluido tanto poblaciones mestizas como indígenas mexicanas.

¿Dónde estamos actualmente?

Se han podido estimar diversos grados de diversidad y relaciones genéticas entre las poblaciones mexicanas, así como patrones de estructura y mestizaje. Estas esti-

* Centro Universitario de Tonalá, Universidad de Guadalajara (raul.baptista@academicos.udg.mx).

maciones y patrones han resultado muy interesantes, pues ayudan a representar la genómica de poblaciones en el periodo prehispánico, en diversos periodos históricos y en la actualidad, después de 500 años del contacto europeo.

¿Hacia dónde nos dirigimos?

El desarrollo de nuevas técnicas de secuenciación masiva y técnicas de análisis informativo puede ayudar a desentrañar más historias particulares, que consideren a individuos, comunidades pequeñas y grandes poblaciones. Una de las direcciones de estos avances genómicos gira en torno al análisis de material genómico de importancia biomédica, cuyo impacto no sea sólo sobre la diversidad y origen de individuo o poblaciones, sino que incluya riesgos potenciales relacionados con algunas enfermedades, sobre todo con aquéllas prevenibles.

En el campo de la identificación humana, el análisis genómico ha incluido genes que permiten predecir el posible fenotipo de un individuo, pero su aplicación práctica se estará aterrizando en la próxima década, una vez que sus alcances y limitaciones se hayan establecido claramente.

De forma similar, la epigenética o epigenómica tiene un papel importante para profundizar en el impacto de la regulación de la expresión génica en nuestra población. Debido a procesos contemporáneos que atraviesan por acelerados cambios, como los relacionados con el ambiente, creo que la epigenética será relevante en los próximos años.

¿Qué nos hace falta?

Indiscutiblemente, una mayor cantidad de personal calificado para operar equipos e instrumental técnico, y para analizar información genómica, ya que sólo un puñado de instituciones en México cuenta con la infraestructura y ha desarrollado recursos humanos altamente calificados para este fin.

¿Podría comentarnos cuáles son los principales retos a superar?

En cuanto a la formación de recursos humanos, el reto es aumentar de forma significativa la cantidad de ellos en el país. Dado que las plazas y recursos para hacerlo en México son limitadas, las estancias en el extranjero suelen ser la mejor opción para lograrlo. En cuanto a la infraestructura, es un reto aumentar la infraestructura disponible para investigación genómica. Sin duda, el aspecto económico es el reto que debemos superar. No obstante, hay un factor a nuestro favor: aunque las técnicas genómicas en la actualidad son muy costosas, la tendencia, como en muchos otros campos del conocimiento y la vida cotidiana, es que conforme pase el tiempo los costos se hagan más accesibles.