Modelización de los Efectos de la Migración, Aislamiento y Tamaño de la Población Humana en la Estructura Genética Poblacional en el "Eje Cafetero" (Colombia), Basados en la Evaluación de Caracteres Monogénicos

Diana M. Toledo Valencia[1], Yoana Milena Morales Betancourt[2], Gabriel Alonso Gaviria Albornoz[3], Samuel Ángel Jaramillo Flórez[4]

***Resumen*—Las poblaciones son agrupamientos de individuos que comparten un conjunto de características producto de un complejo de desarrollo estructurante bio-socio-cultural y su estudio implica el análisis de variables tales como el patrón de atracción de sexual. De acuerdo a esto, Little y Leslie (1993) argumentan: estudiar la estructura de una población implicaría considerar todas las subdivisiones metodológicas que pueden hacerse para abordar este análisis: demográfica, genética, marital, de parentesco, etc. Es necesario tener en cuenta la estructura y dinámica de una población. Esto significa no solo describir, comprender e interpretar con modelos y teorías estas estructuras sino también las relaciones existentes entre las mismas (Castro de Guerra 1991). Dentro de las metodologías para el estudio de las poblaciones, se tienen la genética de poblaciones, la cual nos plantea objetivos tan importantes que nos ayudan a estudiar la importancia de la variabilidad genética y las técnicas moleculares para su detección, conocer los parámetros genéticos que caracterizan la estructura de las poblaciones y entender cuáles son los mecanismos que pueden explicar la evolución en las poblaciones naturales. Esta evolución de poblaciones puede estar medida por factores que afectan a la estructura genética, entre los que se encuentran, la migración, el tamaño de la población y el aislamiento (Dipierri 2004; Barrai *et al.*1991, 2000, 2001). La transmisión de los caracteres hereditarios en el hombre sigue las mismas leyes que las que son aplicables con carácter general al resto de los seres vivos. Algunos caracteres son dominantes, y otros recesivos. Existen caracteres monogénicos y, la mayoría, poligénicos; genes letales, y alteraciones genéticas tanto génicas como cromosómicas muy diversas. En el hombre, no obstante, todas estas alteraciones tienen casi siempre una gran importancia por las graves consecuencias que pueden tener para la descendencia.**

En este trabajo se evaluó el comportamiento de los factores que afectan la estructura genética de la población humana entre los que se encuentra la migración, tamaño de la población y el aislamiento, por medio del estudio de los diferentes caracteres monogénicos observados fenotípicamente en la población. El estudio aquí mostrado se llevó a cabo en diferentes municipios y/o corregimientos de la región denominada "eje cafetero" (Colombia), por medio de una encuesta realizada, al azar, a un total de 570 individuos donde, a partir de las características físicas, se llevó a cabo la evaluación de la frecuencia de los caracteres monogénicos como lóbulo de la oreja pegado o separado, pico del viudo en la línea frontal del pelo, capacidad de enrollar la lengua, campodactília, pulgar extensible, pelo en la articulación media de los dedos, longitud relativa del dedo índice, hoyuelos en las mejillas, tipo de cerumen, grupo sanguíneo (sistema ABO) y Rh, y, diferenciando por sexos, la longitud relativa del dedo índice, para de esta manera observar las diferencias significativas para ambos sexos. Se realizó la modelización con los datos obtenidos y con el análisis de los resultados se puede concluir que la mayoría de los caracteres que son más frecuentes no son los dominantes en la población, que los recesivos se comportan como dominantes y que con la variación de los distintos caracteres se puede estimar que el grado de diferenciación significativa corresponde al grupo sanguíneo ABO.

[1] Programa de Biología, Facultad de Ciencias Básicas y Tecnologías, Universidad del Quindío, Car. 15-Cll. 12N, Armenia, Colombia, Tel: 57-3117500879, htoledovalencia@yahoo.es

[2] Programa de Biología, Facultad de Ciencias Básicas y Tecnologías, Universidad del Quindío, Car. 15-Cll. 12N, Armenia, Colombia, Tel: 57-3157683620, milenamorales26@gmail.com

[3] Programa de Biología, Facultad de Ciencias Básicas y Tecnologías, Universidad del Quindío, Car. 15-Cll. 12N, Armenia, Colombia, Tel: 57-3165338216, cool578@gmail.com

[4] Programa de Ingeniería Electrónica, Facultad de Ingeniería, Universidad del Quindío, Car. 15-Cll. 12N, Armenia, Colombia, Tel: 57-3116208259, samuelangel@uniquindio.edu.co

REFERENCIAS

[1] Barrai I., C. Scapoli, R. Canella, G. Formica, R. Barale y M. Beretta. 1991. Isonymy in records of birth and deaths in Ferrara. Ann Hum. Biol. 18 (5): 95-404.

[2] Barrai I., A. Rodríguez, E. Mamolini, F. Manni y C. Scapoli. 2000. Elements of the surname structure of Austria. Ann Hum Biol. 27: 607-622.

[3] Barrai I., A. Rodríguez, E. Mamolini, F. Manni y C. Scapoli. 2001. Insonymy structure of the USA population. Am J Phyys Anthrop. 114: 109-123.

[4] Castro de Guerra, D. 1991. Factores condicionantes de la estructura genética en dos poblaciones negras venezolanas. Tesis de Doctorado, Centro de estudios avanzados, Instituto Venezolano de Investigaciones Científicas (IVIC).

[5] Little, M. y P. Leslie. 1993. Migration. Editado por G. W. Mascie-Taylor, Reseach Strategies in human biology: Field and survey studies (Cambridge University Press).