



OTRI

Universidad Complutense de Madrid

OFICINA DE TRANSFERENCIA DE RESULTADOS DE INVESTIGACIÓN

Unidad de Información Científica y Divulgación de la Investigación

Un estudio genómico a gran escala arroja luz sobre los primeros pobladores de América



Los antepasados de los actuales nativos americanos entraron en el continente hace, como máximo, unos 23.000 años, conformando una única ola migratoria desde Siberia. Es una de las conclusiones de un estudio genómico a gran escala publicado en *Science*. El trabajo, en el que participa la Universidad Complutense de Madrid, supone la radiografía más amplia hasta la fecha de la prehistoria genética del ‘nuevo mundo’.



Cráneo de pericú analizado en el estudio. / Cristina Valdiosera.

La presencia del hombre en el continente americano se remonta a unos 15.000 años, según diferentes evidencias arqueológicas. Sin embargo, existe una fuerte controversia sobre cuándo y cómo los antepasados de los actuales nativos americanos penetraron en el ‘nuevo mundo’ a través de Siberia.

Un estudio genómico a gran escala liderado por el *Center for GeoGenetics* de la Universidad de Copenhague (Dinamarca) y en el que participa la Universidad Complutense de Madrid –a través del Centro Mixto de Evolución y Comportamiento Humanos– revela que los antepasados de estos americanos llegaron al continente hace, como máximo, unos 23.000 años, conformando una única ola migratoria.

Ya dentro de América, el acervo genético de estos pobladores se diversificó en dos ramas basales hace aproximadamente unos 13.000 años, coincidiendo con el deshielo de los glaciares y la apertura de rutas en el interior de América del Norte. Estas dos ramas configuran las diversas poblaciones nativas que vemos hoy en el continente.

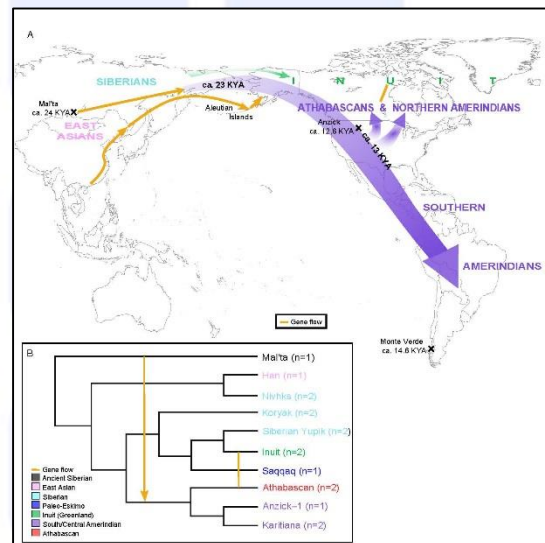
“Nuestro estudio presenta la imagen más amplia hasta la fecha de la prehistoria genética de América. Mostramos que todos los nativos americanos, incluyendo los principales subgrupos de amerindios y atabascanos, descienden de la misma ola migratoria”, declara Maanasa Raghavan, investigador del *Centre for GeoGenetics* y uno de los autores principales del estudio, que se publica en *Science*.

Los científicos apuntan a que después de abandonar el ‘viejo mundo’ hace 23.000 años, los antepasados de los actuales nativos permanecieron aislados en Beringia (el actual estrecho de Bering) unos 8.000 años, dado que las pruebas arqueológicas más antiguas de la presencia de humanos en América se remontan a hace unos 15.000 años.

Distintos métodos, un mismo resultado

El equipo secuenció información genómica de nativos americanos y siberianos. También analizó muestras antiguas de pobladores del continente, de entre hace 6.000 y 200 años para trazar una estructura genética temporal.

“Hemos aplicado varios métodos estadísticos que difieren en el modelado o que utilizan información diferente. Los resultados obtenidos con los diversos métodos son robustos, significativos y reconfortantes”, explica Yung Song, catedrático de la UC Berkeley (Estados Unidos) y coautor del trabajo.



Orígenes e historia de la población de los nativos americanos. / Raghavan et al., *Science* (2015).

El estudio muestra la evidencia de un flujo genético posterior hacia algunos nativos americanos de grupos relacionados con las poblaciones actuales australo-melanesias y del este asiático. “Es un hallazgo sorprendente que implica que la población del ‘nuevo mundo’ no estaba completamente aislada del ‘viejo mundo’ tras la migración inicial”, destaca Eske Willerslev, director del *Centre for GeoGenetics* y director de la investigación.

Además, los resultados demuestran la falta de evidencia para reconocer a ciertos grupos históricos del centro y sur de América con características craneales distintas al resto de los amerindios, como remanentes de una migración temprana e independiente al continente americano.



Universidad Complutense de Madrid

OFICINA DE TRANSFERENCIA DE RESULTADOS DE INVESTIGACIÓN

Unidad de Información Científica y Divulgación de la Investigación

Análisis de momias precolombinas

En el amplio análisis genómico, los científicos estudiaron restos óseos de la población extinta de los pericúes de Baja California (México), junto a restos de dos momias precolombinas del norte de México e individuos pertenecientes a poblaciones de fuego-patagones.

Los pericúes habitaron el extremo sur de la península de Baja California y se extinguieron hace solo 200 años. Debido a sus peculiaridades craneofaciales, más parecidas a las de los primeros paleoamericanos y a otras poblaciones (como las australo-melanesias), los pericúes se han considerado (junto a los fuego-patagones) un remanente casi actual de los primeros colonizadores del continente.

El estudio revela que estos supuestos vestigios paleoamericanos pertenecen a las mismas poblaciones que los amerindios actuales. “Las diferencias craneofaciales de este grupo no son el resultado de una historia migratoria distinta”, explica Cristina Valdiosera, miembro del Centro Mixto de Evolución y Comportamiento Humanos (UCM-ISCIH), investigadora de la Universidad de La Trobe en Melbourne (Australia) y una de las autoras principales del estudio.

“La obtención de ADN de las momias mexicanas y de restos óseos antiguos ha sido muy complicada debido a sus malas condiciones de preservación”, afirma Ricardo Rodríguez Varela, investigador del Centro Mixto de Evolución y Comportamiento Humanos (UCM-ISCIH) y coautor del estudio.

“Pero el esfuerzo ha merecido la pena; el estudio del ADN de restos humanos antiguos nos permite viajar en el tiempo y responder preguntas que creíamos fuera de nuestro alcance hace tan solo unas décadas”, concluye.



Referencia bibliográfica: Raghavan et al. “Genomic evidence for the Pleistocene and recent population history of Native Americans”. *Science*, 21 de julio de 2015. DOI: 10.1126/science.aab3884.

