

# Escarbando en ADN antiguo

Patricia Hernández Cortés

Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste, S. C. Av. Instituto Politécnico Nacional 195, Playa Palo de Santa Rita Sur; La Paz, B.C.S., México; c.p. 23096.

pato@cibnor.mx

Foto: Joaquín Corbalan

## Tema:

La paleoquímica y la paleogenética han revelado aspectos de la adaptación de las distintas especies de homínidos ancestrales que los restos de huesos fosilizados por sí solos no pueden mostrar. Gracias a que, en determinadas condiciones, el ADN puede preservarse durante miles de años, hoy podemos obtener información clave sobre seres humanos del pasado.

## Nuestros primos hermanos

El primer gran hito de la paleogenética ocurrió en 2010 cuando se obtuvo el genoma completo del neandertal. La comparación entre este genoma y el humano arrojó luz sobre la evolución de esta especie extinta. Al analizar las secuencias de neandertales y de humanos modernos, se dedujo que en algún momento ambas especies se mezclaron reproductivamente (Fig. 1). No es de extrañar, por tanto, que los europeos y asiáticos modernos compartan entre el 1 % y el 4 % de sus genes, respectivamente, con los neandertales.

En 2011 se descubrió un nuevo homínido, el denisovano, que hasta hoy no cuenta con una designación taxonómica oficial como especie, fue identificado gracias a un pequeño fragmento de hueso perteneciente a una mujer que vivió hace más de 50,000 años en una cueva de Siberia. Los denisovanos, los neandertales y los humanos modernos se aparearon al menos ocasionalmente durante la era del hielo. En otra localidad de China se encontró otro denisovanano a una altitud de 3,280 metros. La altitud en la que se encontraron los restos sugiere que este homínido evolucionó en ambientes con baja concentración de oxígeno. Esta característica fue eventualmente transmitida a algunos tibetanos modernos.



**Figura 1.** Svante Pääbo. Director del Departamento de Genética del Instituto Max Planck de Antropología Evolutiva en Leipzig, Alemania. Premio Nobel de Medicina o Fisiología, 2022. Autor: Frank Vinken. Consultado 06/03/2026.

En 2022, el sueco Svante Pääbo, del Instituto Max Planck de Antropología Evolutiva de Alemania, fue galardonado con el Premio Nobel por estos descubrimientos sobre los genomas de homínidos extintos y la evolución humana (Fig. 2).

Pero al no contar con restos fosilizados de individuos completos, o al menos de sus cráneos, los científicos no tenían forma de saber cuál era el aspecto de los denisovanos y no podían identificar fósiles que ya pudieran estar en colecciones de museos. Esto cambió el pasado año cuando investigadores en China pudieron extraer ADN de un cráneo encontrado décadas atrás en la localidad de Harbin (Fu et al., 2025). La muestra se obtuvo raspando la placa endurecida de un solo diente. Si bien el material genético de la placa dental proviene principalmente de bacterias, también incluye ADN de la saliva y de otros fluidos de la boca. Proteínas de la placa dentaria de otros fósiles confirman que los denisovanos presentaban arcos superciliares prominentes, protuberancias ubicadas sobre las cuencas de los ojos, donde se encuentran las cejas, además de huesos gruesos y una mandíbula poderosa (Fig. 3). Con la identidad revelada, será más

fácil identificar otros denisovanos basándose en la forma de sus huesos y dientes. Encontrar más individuos ayudará sin duda a descifrar el debate si estos homínidos son una subespecie del *Homo sapiens* o una especie por sí misma.

### Hace mucho, mucho tiempo

El ADN recuperado de huesos y dientes antiguos también ofrece perspectivas sobre migraciones poblacionales de hace mucho tiempo, la evolución de algunas enfermedades contagiosas y la dieta prehistórica. También puede revelar relaciones familiares para reconstrucciones genealógicas de miles de años. Con el auge de la secuenciación de genomas humanos antiguos, es posible estudiar fragmentos idénticos de código genético compartidos por distintas personas. Con esta información, los investigadores pueden estimar qué tan estrecha es la relación entre dos personas, aunque estén enterradas a 1,500 kilómetros de distancia, como se ha realizado con muestras en la estepa de Eurasia de hace 5,000 años.

Con datos arqueológicos, tales como la edad del esqueleto, el sitio en el que fueron enterrados y las relaciones genéticas de familiares enterrados cerca, pueden reconstruirse árboles genealógicos de hasta ocho generaciones. Entender el parentesco genético proporciona información sobre sociedades antiguas. En 2023 se usaron datos de ADN de caciques celtas de hace 2,500 años enterrados en el sur de Alemania y, combinados con detalles de sus cementerios, se llegó a la conclusión de que estos heredaban el poder por vía materna (Curry, 2023).

Otra información que proporcionan los genes es el legado que algunas enfermedades dejan en el pasado remoto. La peste negra, provocada por la bacteria *Yersinia pestis* y que era transmitida por las pulgas, diezmó a la mitad de la población europea hace 700 años (Fig. 4). Esta devastadora pandemia actuó como una potente fuerza selectiva, favoreciendo a las personas con un sistema inmune eficaz. La detección de esta enfermedad en los restos de personas vivas es imposible, ya que los patógenos han impulsado la evolución de algunos genes responsables del funcionamiento de nuestro sistema inmunitario.

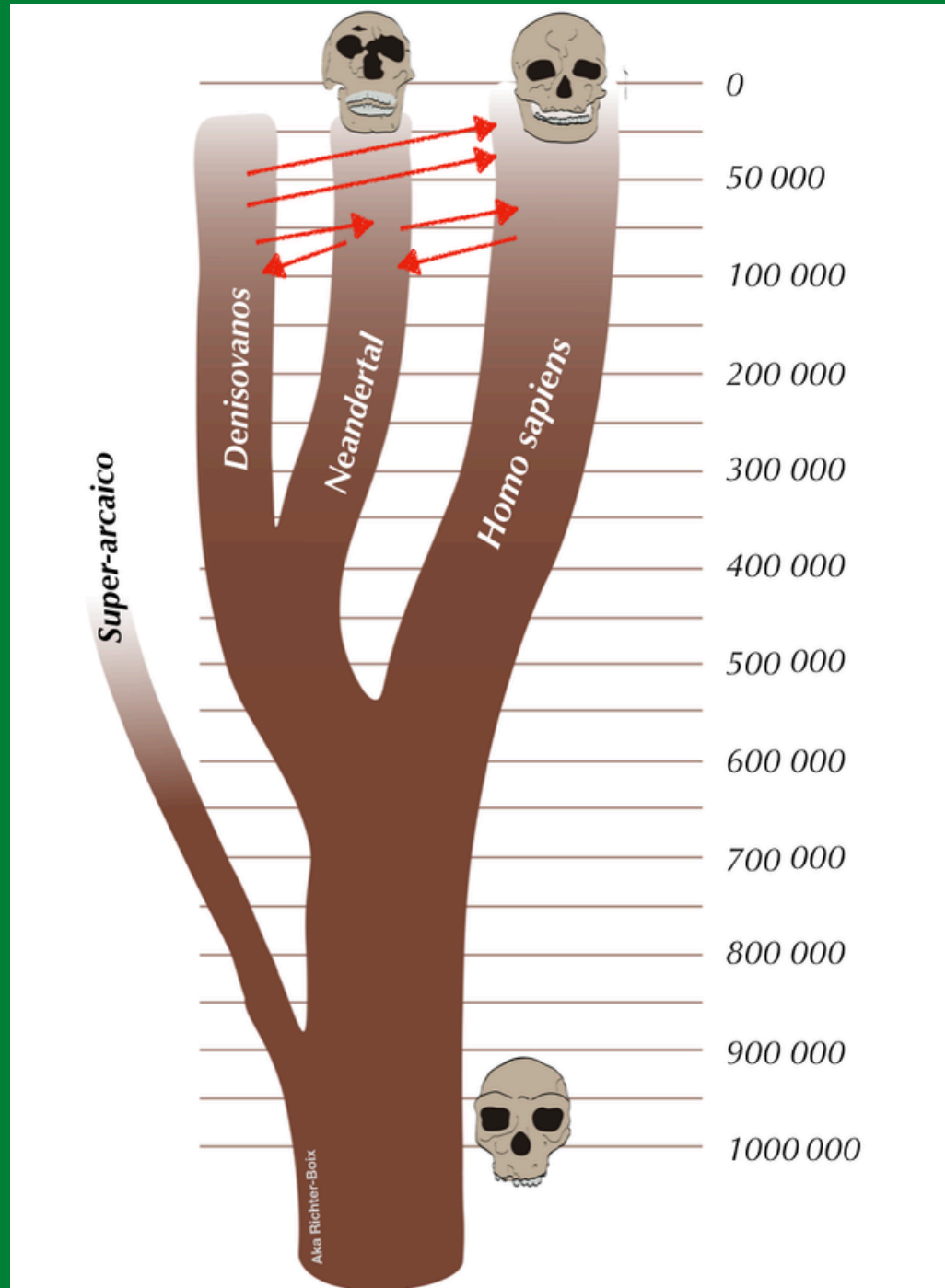


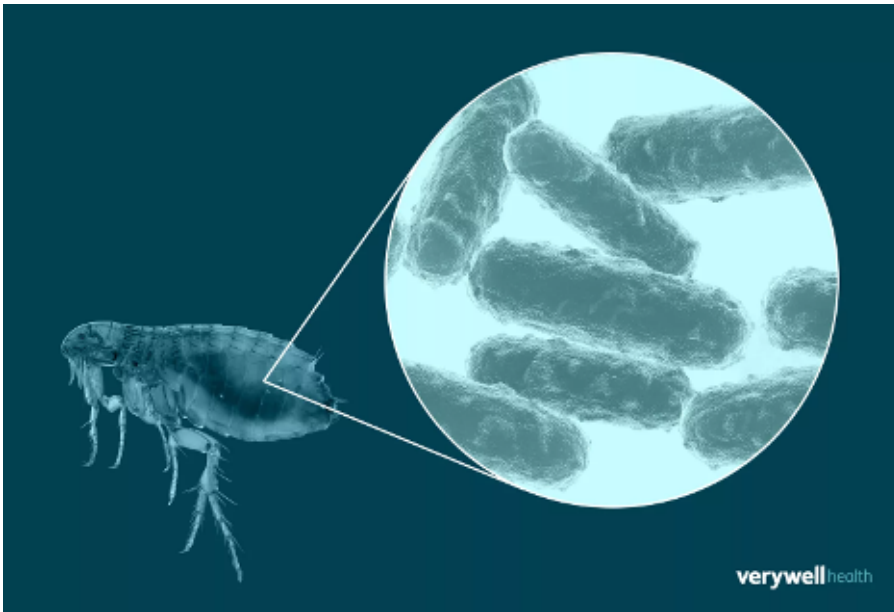
Figura 2. Árbol evolutivo humano del último millón de años, donde se aprecia la ramificación del grupo de los neandertales y los denosivanos, respecto a la de los humanos modernos, que se remonta a hace poco más de 500,000 años. Las flechas rojas representan diferentes períodos de intercambio genético entre unos grupos y otros. Tomado de [EvOikos](#), blog de biología y ecología evolutiva. Consultado 06/03/2026.



Figura 3. Aspecto deducido de los denosivanos a partir del cráneo encontrado Harbin al noroeste de China (tomado de Austin, 2021).

En 2022 se desarrollaron técnicas para identificar genes que codifican proteínas del sistema inmunitario tanto en personas que murieron por esta bacteria, como en quienes sobrevivieron a la plaga (Fig. 4). Un grupo de investigadores analizó el ADN de más de 500 personas enterradas en Londres y en Dinamarca antes, durante y después de la peste negra (Klunk et al., 2022). Entre los sobrevivientes, era más frecuente que portaran variantes de genes que estimulan una respuesta inmune frente a *Yersinia pestis*. Un gen en particular destacó: el *ERAP2*, que codifica una aminopeptidasa, una enzima que corta enlaces de proteínas y ayuda a las células del sistema inmune a reconocer y pelear contra patógenos. Una de las variantes de *ERAP2* produce la proteína completa, mientras que la otra produce una versión truncada. Las personas que heredan dos copias de la variante que codifica la enzima íntegra tenían 40% de probabilidades de sobrevivir que las que heredan dos copias de la variante trunca. En experimentos con cultivos de células del sistema inmune, se encontró que

los portadores con una copia doble de *ERAP2* también producían una mayor cantidad de citocinas y otras proteínas clave del sistema inmune, lo que hacía que la respuesta del sistema de defensa fuera más eficiente. La variante protectora *ERAP2* sigue presentándose en el 45% de la población actual de Gran Bretaña. La persistencia de esta variante sugiere que continúa favoreciéndose por selección natural hasta hoy, probablemente porque la plaga fue endémica en Europa y Asia hasta inicios del siglo diecinueve. Pero esta protección tiene un precio: la misma variante también conlleva un alto riesgo de desarrollar enfermedades autoinmunes, como la artritis reumatoide. Las técnicas de extracción y secuenciación del ADN se siguen mejorando y podrían ayudar a responder más preguntas, no solo sobre nuestros orígenes, sino también sobre el ascenso y la extinción de especies ancestrales.



*Figura 4. La peste negra, provocada por la bacteria Yersinia pestis era transmitida por las pulgas (Photo Illustration by Amelia Manley for Verywell Health; Getty Images, tomada de Brown, 2024).*

## Referencias

Austin H. (2021). Discovery of ‘Dragon man’ skull in China prompts rethink of human evolution. NBC News. Consultado 06/03/2026.

Brown A. (2024). Why Are We Still Hearing About Bubonic Plague in 2024? Verywell Health. Consultado 06/03/2026.

Curry A. (2023). Family ties. *Science*, 382(6666), 24-27. <https://doi: 10.1126/science.adl1577>.

Fu, Q., Cao, P., Dai, Q., Bennett, E. A., Feng, X., Yang, M. A., et al. (2025). Denisovan mitochondrial DNA from dental calculus of the > 146,000-year-old Harbin cranium. *Cell*, 188(15), 3919-3926. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2025.05.040>.

Klunk, J., Vilgalys, T. P., Demeure, C. E., Cheng, X., Shiratori, M., Madej, J., et al. (2022). Evolution of immune genes is associated with the Black Death. *Nature*, 611(7935), 312-319. <https://doi.org/10.1038/s41586-022-05349-x>.