

Que treinta años no es nada... si lo que promete el futuro es algo mucho mejor

Los días 18 y 19 de noviembre se celebró en la Royal Society de Londres un [encuentro sobre ADN antiguo](#) (aDNA o ancient DNA para los angloparlantes). El investigador español [Antonio García Valdecasas](#), del Museo nacional de Ciencias Naturales, comparte sus apuntes sobre este encuentro donde “tecnología, bioinformática y conservación afinan la respuesta a preguntas sobre nuestros orígenes”.

Antonio García Valdecasas 10/12/2013 16:30 CEST

Dieciséis comunicaciones de científicos de centros de investigación europeos, norteamericanos y australianos pasaron revista a la evolución de los estudios en aDNA en ámbitos tan dispares como la domesticación de plantas y animales, la evolución de los pingüinos en la Antártida, el linaje de los équidos o los antepasados humanos recientes. Sobre esto último habló el investigador del CSIC-UPF [Carles Lalueza-Fox](#), quien hizo un resumen ágil y comprehensivo sobre las investigaciones llevadas a cabo sobre los neandertales de la [cueva del Sidrón](#) (Asturias).

Investigaciones que se suman al gran número de estudios realizados en los últimos años sobre la estirpe *Homo*, gracias a las mejoras tecnológicas que permiten obtener suficiente DNA incluso de pequeños restos óseos, como el dedo humano encontrado en Denisova (Montes Altai), objeto también de una comunicación por parte del profesor David Reich de la Harvard Medical School.

La imagen que se obtiene de estas investigaciones es que la historia de

nuestro linaje es más enrevesada de lo que se pensaba, con hibridaciones entre *H. neandertal*, *H. sapiens*, la población de Denisova y otros pobladores que, de momento, son desconocidos para la ciencia.

“La imagen que se obtiene de estas investigaciones es que la historia de nuestro linaje es más enrevesada de lo que se pensaba”

El avance tecnológico es una, si bien no la única, de las claves del gran avance en los estudios de aDNA, entendidos como los estudios de DNA en organismos no contemporáneos, o sus restos. Así, el acceso a fuentes de aDNA sincrónica, como pergaminos antiguos, están ayudando a desentrañar el proceso de domesticación bovina y su evolución reciente, mediante el análisis de mínimos fragmentos de estos pergaminos, como puso de manifiesto el profesor Dan Bradley, del Trinity College en Dublín.

A juicio de quien esto escribe, dos de las comunicaciones más interesantes fueron, por un lado, el estudio de la evolución de los pingüinos por el profesor David Lambert de la Griffith University (Australia), y lo que podemos aprender de las pandemias históricas, por el Dr. Johannes Krause, de la Universidad de Tubinga (Alemania).

Lambert presentó un resumen de un impresionante cúmulo de trabajos sobre poblaciones de los pingüinos de Adelaida (*Pygoscelis adeliae*) desde el Pleistoceno tardío hasta la actualidad, en la bahía Robertson y otras localidades de la Antártida, que han permitido determinar tasas de evolución molecular, cambios en el tamaño de poblaciones y someter a test la teoría neutralista de la evolución de Motoo Kimura, entre otros aspectos de la deriva poblacional de esta especie.

Sirva como anécdota el apartado reivindicativo hecho por Lambert de figuras del evolucionismo predarwinista francés, como Geoffroy Saint-Hilarie y Jean-Baptiste Lamarck, poco frecuente en investigadores anglosajones.

De la domesticación del pollo al microbioma

El Dr. Krause presentó los resultados de la secuenciación del genoma de las bacterias responsables de la peste, que diezmó la población europea medieval. Las muestras para estos análisis fueron obtenidas de restos esqueléticos procedentes del cementerio londinense de East Smithfield. El avance tecnológico, en este caso, ha permitido, por primera vez, el ensamblaje *de novo* del genoma de *M. leprae*, que en palabras del Dr. Krause “indica que ciertos DNA bacterianos pueden sobrevivir más que el de los vertebrados en restos antiguos”.

“Se presentó la secuenciación del genoma de las bacterias responsables de la peste, que diezmó la población europea medieval”

Otras comunicaciones han utilizado la información contenida en sedimentos para relacionar distribución de plantas y clima y modelizar, en consecuencia, futuros cambios en la flora y fauna de nuestro planeta. También se presentaron resultados sobre la domesticación de los pollos y una revisión de estudios considerando el organismo humano como el hábitat natural de cientos de especies microbios, el así llamado el microbioma humano.

A diferencia del tango de Carlos Gardel –rebajado a 20 años– que habla con nostalgia de un regreso al pasado, este encuentro se apoya en el pasado para anticipar un futuro donde tecnología, bioinformática y conservación pueden ir afinando la respuesta a preguntas sobre nuestros orígenes, los males que nos han acompañado, la historia de los animales y plantas con los que actualmente convivimos y el predecible páramo que le esperan a grandes zonas de la tierra si no se toman medidas respecto del cambio climático.

Y, según uno de los organizadores, una respuesta clara a Hollywood: no habrá [secuencia de dinosaurios](#) en ningún futuro previsible.

Derechos: **Creative Commons**

TAGS

ADN

CONGRESO

INVESTIGACIÓN

EVOLUCIÓN

MNCN

Creative Commons 4.0

Puedes copiar, difundir y transformar los contenidos de SINC. [Lee las condiciones de nuestra licencia](#)