

## Secuencian el genoma del humano moderno más antiguo conocido

La revista *Nature* publica esta semana la secuenciación del genoma del 'Hombre de Ust-Ishim' un varón anatómicamente moderno, que vivió en Siberia hace 45.000 años, antes de la separación de las poblaciones de Eurasia occidental y oriental. El análisis genético indica que humanos modernos y neandertales se cruzaron hace entre 50.000 y 60.000 años.

SINC

22/10/2014 19:00 CEST



Un investigador en el laboratorio de ADN antiguo en el Instituto Max Planck de Antropología Evolutiva. / MPI-EVA.

La revista *Nature* publica esta semana la secuenciación del genoma de un varón humano denominado 'Hombre de Ust-Ishim', anatómicamente moderno (*Homo sapiens*), que vivió en Siberia hace 45.000 años.

El trabajo, realizado a partir de su fémur fósil, proporciona información detallada sobre la historia temprana de los humanos modernos fuera de África, y ayuda a identificar cuándo se cruzaron estos individuos y los neandertales.

---

“Estamos muy emocionados de tener una secuencia del genoma de alta calidad de este humano moderno temprano”, exclama Kelso

“Estamos muy emocionados de tener una secuencia del genoma de alta calidad de este humano moderno temprano. Esta persona vivió en el momento en el que los neandertales todavía estaban presentes en Europa y Asia occidental”, declara a Sinc Janet Kelso, del [Instituto Max Planck de Antropología Evolutiva](#) y coautora del estudio.

Según la investigadora, la secuenciación de este genoma, así como el de otros obtenidos anteriormente de humanos arcaicos –de un neandertal y un denisovano– son de una calidad “tan buena” como las secuencias del genoma que están disponibles para los humanos actuales.

“Al proporcionar estos genomas como recurso público, esperamos obtener muchos más conocimientos sobre la historia de los humanos modernos”, enfatiza Kelso.



Svante Pääbo y Nikolay Peristov con el fémur Ust'-Ishim. / Bence Viola.

### Las claves del genoma de Ust'-Ishim

Este individuo, Ust'-Ishim, es el humano moderno más temprano conocido que vivió fuera de África y Oriente Medio, así como el más antiguo de este

grupo del que se ha secuenciado el genoma –el anterior era el genoma del chico de Mal'ta de hace 24.000 años–.

“Sabemos, por esta secuenciación, que Ust'-Ishim está muy relacionado tanto con los asiáticos actuales, como con los primeros europeos”, expone la investigadora.

Debido a esto, los científicos concluyen que la población a la que perteneció Ust'-Ishim se separó de los ancestros de los actuales europeos y asiáticos antes, o por lo menos al mismo tiempo, que estos grupos divergieron entre sí.

“Quizás lo más interesante aquí es que encontramos una evidencia directa de la presencia de un humano moderno en Siberia hace 45.000 años, lo que indica que las primeras migraciones humanas modernas en Eurasia no fueron únicamente a través de una ruta meridional como se había sugerido anteriormente”, subraya Kelso.

### **Extracción de ADN**

---

Extrajeron una pequeña cantidad de hueso del fémur con un taladro para dentistas

La extracción de ADN y la posterior secuenciación se llevó a cabo en una sala limpia en el Instituto Max Planck en Leipzig (Alemania).

El trabajo se hizo a partir de la extracción de una pequeña cantidad de hueso del fémur, utilizando un taladro para dentistas.

A partir de este polvo de hueso, el ADN fue extraído por medio de técnicas especiales diseñadas para optimizar la cantidad de ADN que se puede recuperar a partir de huesos antiguos.

### **Tenía tanto de neandertal como los humanos actuales**

Los investigadores encontraron que la cantidad de ascendencia neandertal

del hombre Ust'-Ishim es muy similar a las personas de hoy en día.

“Las longitudes de los segmentos de ADN neandertal de su genoma son mucho más largos que los que se encuentran en los seres humanos actuales, porque vivía más cerca de la época en la que se cruzaron. No tuvieron tiempo para llegar a reducir dicho tamaño en tan pocas generaciones”, añade la científica.

El estudio indica que los antepasados de Ust'-Ishim se mezclaron con los neandertales aproximadamente entre 7.000 y 13.000 años antes de que este individuo viviera –hace entre 50.000 y 60.000 años –, muy próximo en el tiempo de la época de la gran expansión de los humanos modernos fuera de África y el Oriente Medio.

Por último, el genoma del Hombre de Ust'-Ishim proporciona una nueva manera de estimar la tasa de mutación en los seres humanos modernos.

“Esta es actualmente un área de investigación muy activa y bastante controvertida. Existen dos métodos para su estudio: uno filogenético y otro estimado a partir de datos de linaje familiar”, explica Kelso.

El ADN antiguo proporciona una estimación independiente de la tasa de mutación humana, que coincide con las estimaciones de los estudios de linaje, y sugiere que entre una y dos mutaciones por año se han acumulado en los genomas de las poblaciones de Europa y Asia desde que vivió el Hombre de Ust'-Ishim.

#### Referencia bibliográfica:

Qiaomei Fu et al. "Genome sequence of a 45,000-year-old modern human from western Siberia", *Nature* 514: 445 - 449.  
DOI:10.1038/nature13810

Derechos: **Creative Commons**

TAGS

NEANDERTAL | SIBERIA |

**Creative Commons 4.0**

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