

“Gracias a los estudios de ADN hemos identificado una nueva especie humana, los denisovanos”

admin | 14 febrero, 2020 | Actualidad, Ciencias



— Entrevista Janet Kelso

(Premio Princesa de Asturias de Investigación Científica y Técnica 2018) nos habla de su investigación y de su experiencia como científica en el congreso bienal de la Sociedad Española de Biología Evolutiva ([SESBE VII 2020](#)) que se celebró en la Universidad de Sevilla del 5 al 7 de febrero.

¿Qué tipo de información se puede recuperar del ADN antiguo?

¿Simplemente compara secuencias de ADN antiguas y actuales o puede descubrir algo sobre el comportamiento de las personas, como la forma en que se aparearon o el lugar de donde vinieron?

[Janet Kelso](#)
(Max Planck Institute for Evolutionary Anthropology, Leipzig) colaboradora de Svante Pääbo

Síguenos



Hay muchas maneras de usar la información genética. Una de las cosas más obvias es establecer la relación entre diversos grupos, por ejemplo, entre los humanos modernos y los humanos de épocas anteriores. Estas comparaciones nos ayudan a encontrar las diferencias genéticas entre estos grupos y así, por ejemplo, podemos destacar fragmentos del genoma en que nosotros, los humanos modernos, somos distintos a otros antecesores. Y, entonces, otros investigadores pueden estudiar estas diferencias con más profundidad en el laboratorio y determinar cuáles de ellas son realmente importantes en nuestra evolución.

Entonces es un trabajo en cadena, ¿verdad?

Por supuesto, sin duda. Trabajamos en equipo: bioquímicos, genetistas, informáticos, estadísticos... y, por último, biólogos experimentales. Es un trabajo en equipo, no es algo que pueda hacer una sola persona.

¿Cómo de lejos podemos “viajar” usando ADN antiguo? ¿Se podría recuperar ADN antiguo de, digamos, huesos de hace 1 millón de años? ¿O hay un límite donde no se puede ir más allá?

Esa es una pregunta que los investigadores intentan responder año tras año y que continúa buscando una respuesta. Depende mucho de cómo se ha preservado el espécimen que se estudia. Por ejemplo, los especímenes procedentes de periodos preglaciares, como mamuts o cualquier otro resto que se haya conservado en hielo, va a estar mejor conservado y, por tanto, vamos a poder estudiar restos más antiguos. El ejemplar más antiguo que tenemos de un periodo preglaciar es un caballo encontrado en Siberia, si no recuerdo mal, que tiene alrededor de 700.000 años.

Si nos vamos a climas menos fríos, en Europa occidental, por ejemplo, los especímenes más antiguos que tenemos son los restos humanos encontrados en la Sima de los Huesos, que tienen unos 450.000 años. Y si nos vamos más al sur, donde el clima es más cálido, los restos tienen menos antigüedad.

Así que depende mucho de las condiciones de conservación del ADN.

¿Cómo ha cambiado nuestra visión de la evolución humana reciente los hallazgos recientes basados en ADN antiguo (de humanos y especies cercanas como los neandertales)? ¿Cree que existen serias discrepancias entre las narraciones arqueológicas y paleantropológicas?

Los últimos hallazgos en mi campo han creado una imagen completamente distinta a la que teníamos hasta hace poco sobre la evolución humana. Gracias a la secuenciación del ADN de diversos humanos encontrados en Eurasia, ahora sabemos más sobre los movimientos de población que condujeron al asentamiento de los humanos. Conocemos el origen de esos grupos. Conocemos la relación del humano moderno con antecesores como el Neandertal. Y hemos descubierto un nuevo grupo humano, [los denisovanos](#). Y todo eso gracias a la secuenciación del genoma. Los denisovanos han sido descubiertos gracias a la secuenciación del ADN de una pequeña pieza del hueso de un dedo de la mano, encontrado en los montes Altái, en Rusia. Sin el trabajo con el ADN no habríamos sido capaces de identificar la nueva especie. El fragmento era demasiado pequeño.

Diferencia entre genética y arqueología.

No me gusta verlo como una brecha entre la genética y la arqueología. Desde mi punto de vista, la genética ofrece nuevas oportunidades a los arqueólogos para reevaluar los datos que tenían antes, pero con más información. Pero también permite a los genetistas aprender de los arqueólogos: cuál es el contexto, cuáles las teorías e hipótesis sobre la evolución humana, cómo podemos unir todo este conocimiento. No creo que esto suponga necesariamente un conflicto.

Por supuesto, es un nuevo campo y supone un reto importante para las disciplinas previas y eso puede ser incómodo. Pero creo que también hay muchos arqueólogos que han abrazado estas nuevas tecnologías y quieren usarlas para entender más cosas, por ejemplo, sobre los sitios arqueológicos que estudian. Durante muchos años, han estado trabajando sin tener un conocimiento claro de quiénes eran las personas que los habitaban.

¿Cuáles son sus predicciones para su campo? ¿En qué áreas espera más avances en el futuro más cercano y en qué otros debemos ser especialmente cautelosos?

Creo que tenemos dos grandes retos por delante. El primero es volver a esos lugares donde la información genética no se ha preservado bien y no tenemos tantos datos sobre las especies que vivieron allí. Y creo que los métodos para que podamos extraer ADN en casos donde no se ha conservado tan bien van a ser una línea importante. Y, por otra parte, un trabajo que está desarrollando un colega mío para extraer información genética no de huesos o dientes, sino de

suelos en cuevas. Si logramos eso, la cantidad de datos que podremos conseguir será infinitamente mayor. Eso sería un avance rompedor.



— Cartel 11 F en la Universidad de Sevilla

El 11 de febrero celebramos el Día Internacional de las Mujeres y las Niñas en la Ciencia. Como científica, ¿ha enfrentado desafíos especiales en su carrera por el hecho de ser mujer?

Nunca me he sentido discriminada en ese sentido ni he ido contra lo que se esperaba de mí. Siempre he hecho lo que he querido hacer. Mi familia me ha animado a hacerlo, mis profesores también. Fui a la

universidad, y mis profesores también me apoyaron. Nunca he sentido que me hayan coartado en ningún sentido por ser mujer.

Creo que la situación se complica cuando te vas haciendo mayor. Tienes que equilibrar el tiempo que dedicas a tu carrera profesional y el que dedicas a tu vida personal y familiar. Eso fue un reto. Pero era algo que yo quería hacer y mi honesta opinión es que, si quieres hacerlo, si lo quieres con la suficiente determinación, entonces reúnes todos los recursos disponibles a tu alrededor para conseguirlo. Y he tenido mucha suerte porque he trabajado en un entorno donde he tenido mucho apoyo para compaginar estas dos facetas. Siempre me han dado la flexibilidad suficiente para llevar a cabo mis investigaciones y encargarme de mi familia. Y estoy agradecida por eso, porque sé que no todos los entornos son así.

¿Cree que es importante tener días como este para seguir mejorando la igualdad, en este caso en la ciencia?

Por supuesto, es muy importante. Las estadísticas muestran que las mujeres están infrarrepresentadas en la ciencia, pero no solo en la ciencia. Y cualquier cosa que podamos, que yo pueda, hacer para animar a la gente y mostrarles que es posible desarrollar una carrera científica, que no es necesario dejar de lado otras cosas, es importante. Creo que hay que valorar cualquier esfuerzo en este sentido.

Algún mensaje que le gustaría enviar a sus colegas mujeres o niñas que están pensando en convertirse en científicas

Las niñas pueden hacer todo lo que hacen los niños. De hecho, normalmente lo hacen mejor. Y no deben dejar que nadie las desanime, las trate mal. Seguid adelante, encontrad aquello que os guste. Y si lo que os hace felices son las matemáticas o las ciencias, ¡a por ello!

🔖 ADN, biología evolutiva, denisovanos, Janet Kelso



Sorry, comments are closed for this post

« [Descubren una proteína en una bacteria que reduce la toxicidad del gluten](#)

[Demuestran que problemas topológicos en el ADN pueden provocar linfomas](#) »