

EL ADN más antiguo jamás secuenciado revela un nuevo linaje de mamuts

Hace un millón de años especies ancestrales de mamut, predecesoras del lanudo y el colombino, habitaron Siberia. Hasta ahora se creía que en esa época solo vivía el de la estepa. Investigadores del Centro de Paleogenética en Estocolmo han dado con este hallazgo al secuenciar el ADN extraído de restos molares atrapados en el permafrost siberiano.

Eva Rodríguez

17/2/2021 17:00 CEST



Reconstrucción de un mamut de la estepa basada en la información genética del mamut de Adycha. / Ilustración: Beth Zaiken (Centre for Palaeogenetics)

Cada vez hay más consenso científico sobre el papel del cambio climático en la extinción de la megafauna de finales de la Edad de Hielo. El estudio del ADN antiguo de especies como el [rinoceronte lanudo](#) o el mamut ha ayudado a desvelar cómo evolucionaron estas especies prehistóricas hasta su desaparición.

Ahora, un equipo internacional liderado por el Centro de Paleogenética en Estocolmo ha secuenciado el **ADN** más antiguo hasta el momento. Los científicos han logrado extraerlo de restos molares de mamut de hace más de un millón de años. Sus resultados indican que el mamut colombino, una especie que habitó Norte América durante la última **Edad de Hielo**, era una

especie híbrida entre el mamut lanudo y un linaje previamente desconocido.

“En nuestro estudio hemos podido identificar dos linajes muy diferenciados que podría corresponder con dos especies distintas. Uno de esos **linajes**, el representado por la muestra **Adycha**, correspondería a el mamut de la estepa, un linaje antecesor del mamut lanudo. El otro linaje, representado por la muestra **Krestovka**, era desconocido hasta ahora y estaría muy relacionado con los primeros mamuts que colonizaron América del Norte”, dice a SINC el investigador español **David Díez del Molino**, experto en ADN antiguo en el Centro de Paleogenética en Estocolmo. El artículo se publica hoy en la revista *Nature*.

El ADN más antiguo secuenciado hasta ahora era el de una especie de caballo cuyos restos fueron excavados en el permafrost de Yukon, Canada

Estos mamuts vivieron al mismo tiempo que el *Homo antecessor* habitaba la **Sierra de Atapuerca**. El ADN más antiguo secuenciado hasta ahora era el de una especie de caballo cuyos restos fueron excavados en el permafrost de Yukon, Canada y datado de entre 560 y 780 mil años. “Es cierto que hace un par de años se recuperaron las secuencias de aminoácidos de algunas proteínas del esmalte de los dientes de un **rinoceronte** datado de hace 1,7 millones de años, pero en este caso no se recuperó ADN”, explica Díez del Molino.

Una extracción de ADN muy compleja

Estudios previos, basados en morfología, indicaban que hace un millón de años en **Siberia** solo existía una especie de mamut, el de la estepa. “La muestra de Krestovka es la más antigua del estudio (unos 1,2 millones de años) y también es la más degradada, por lo que no hemos podido analizar qué adaptaciones tenía respecto al mamut lanudo. Esto sí lo hemos hecho con la segunda más antigua, Adycha”, añade el científico de la institución sueca.

Estas muestras fueron excavadas por **Andrei Sher**, de la Academia Rusa de

las Ciencias, en los años 70 en diferentes depósitos de permafrost de Yakutia, en Siberia. Las tres son de molares de mamuts y deben sus nombres (Krestovka, Adycha y **Chukochya**) a los ríos en los que se encontró cada una.

Cuando iniciaron el trabajo, los investigadores analizaron varios restos para ver si contenían ADN y cuánto. Estas tres son las que dieron mejores resultados y las escogieron, por tanto, para secuenciarlas a fondo. El proceso de extracción y autenticación de dicho ADN fue extremadamente complicado. De hecho, los investigadores solo pudieron recuperar cantidades minúsculas de ADN de mamut, que además se encontraba altamente fragmentado.

“ *La muestra de Krestovka es la más antigua del estudio (unos 1,2 millones de años) y también es la más degradada*

David Díez del Molino

”

“Este ADN es extremadamente antiguo. Por ejemplo, nuestras muestras son unas mil veces más antiguas que la era de los vikingos. De hecho, estos mamuts vivieron antes de la aparición de los neandertales o los humanos”, apunta **Love Dalén**, profesor en genética evolutiva en el Centro de Paleogenética en Estocolmo y uno de los autores principales de la investigación.



Love Dalén y Patrícia Pečnerová con un colmillo de mamut en la isla de Wrangel. / Gleb Danilov

El origen híbrido del mamut colombino

La información geológica, paleontológica, estratigráfica y los análisis genéticos basados en el reloj molecular ayudaron a determinar la edad de las muestras. Dos de ellas se estimaron en más de un millón de años de antigüedad y tercera muestra de hace unos 700 mil años, por lo que pertenecería a una versión antigua del **mamut lanudo**.

Asimismo, los **análisis genéticos** de la muestra más antigua, Krestovka, de hace 1,2 millones de años, pertenece a un linaje de mamuts previamente desconocido. El linaje de este mamut se habría separado del resto hace más de dos millones de años.

“Nuestra sorpresa fue mayúscula. Todos los estudios previos habían sugerido que en esta época solo había una especie de mamut en Siberia, el mamut de la estepa. Pero nuestros resultados indican claramente que había dos linajes muy diferenciados: el mamut de Kestovka y el mamut de Adycha. Aunque es pronto para estar seguros, creemos que estos linajes en realidad representan dos especies distintas de mamut”, recalca **Tom van del Valk**, uno de los autores principales del estudio”.

“ *Este es un descubrimiento muy importante. El mamut colombino evolucionó a través de un evento de hibridación entre dos especies distintas, hace unos 420 mil años* ”

Patricia Pečnerová

Además los investigadores apuntan a que los mamuts del linaje de Kestovka colonizaron Norte América hace 1,5 millones de años y que el mamut colombino era una **especie híbrida**. Los análisis de ascendencia indicaron que la mitad de su genoma procedía del linaje de Kestovka y la otra mitad del mamut lanudo.

“En este estudio, a parte de las tres muestras de mamut antiguo, hemos analizado una serie de genomas de otras especies, incluidos **elefantes africanos y asiáticos**, mamuts lanudos, mamuts colombinos y **mastodontes**. Cuando pusimos las tres muestras secuenciadas en el árbol filogenético de todas estas especies quedó claro que Adycha y Krestovka son linajes distintos, ya que pertenecen a ramas diferentes de dicho árbol. La rama de Adycha es ancestral al mamut lanudo y la de Krestovka al mamut colombino”, subraya Díez.

Patricia Pečnerová, de la Universidad de Copenhague y coautora del trabajo, añade: “Este es un descubrimiento muy importante. Al parecer, el mamut colombino, que es una de las especies más icónicas de la de Edad del Hielo en América del Norte, evolucionó a través de un evento de hibridación entre dos especies distintas, hace unos 420 mil años”.

Cómo y cuándo se adaptaron al frío

Por su parte, la muestra de Adycha, datada también en más de un millón de años atrás, pertenece a una especie precursora del mamut lanudo. Al comparar su genoma con el de este último, de hace 700 años, y los de mamuts de hace solo decenas de miles de años, los investigadores pudieron analizar cómo y cuándo los mamuts se adaptaron a vivir en climas muy fríos.

“Nuestros análisis muestran que la mayor parte de las adaptaciones al clima frío del mamut lanudo estaban ya presentes en la especie ancestral, el mamut de la estepa. Además no hemos encontrado evidencia alguna de que la selección natural se acelere durante el proceso de especiación”, asegura Díez del Molino.

“ *Nuestros análisis muestran que la mayor parte de las adaptaciones al clima frío del mamut lanudo estaban ya presentes en la especie ancestral* ”
Díez del Molino

Los resultados indicaron que muchas de las adaptaciones típicas de la vida en el Ártico, como son el **pelo lanudo**, la **regulación térmica**, los depósitos de **grasa** subcutáneos, la tolerancia al frío y los **ritmos circadianos**, existían ya en el genoma de Aycha, mucho antes del origen del mamut lanudo.

“Hicimos una lista de aquellas adaptaciones al frío típicas del mamut lanudo basándonos en información genética que se había publicado con anterioridad. Estas adaptaciones incluyen genes involucrados en el crecimiento de pelo, acumulación de tejido graso, termorregulación, poca sensibilidad al frío y algunas más. Luego miramos cuántas de esas adaptaciones estaban presentes ya hace más de un millón de años, en el genoma de Aycha. Resulta que son la mayoría de ellas (en torno a un 85 %). Esto indica que este linaje ya se encontraba más o menos adaptado para la vida en el frío”, concluye Díez.

Una de las grandes preguntas que se hacen ahora es si podrán recuperar ADN incluso más antiguo. “Creo que aún no hemos llegado al límite. Si tengo que hacer una predicción, diría que es posible recuperar ADN en muestras de hasta 2,6 millones de años, la edad de los depósitos de permafrost más antiguos que se conocen”, anticipa **Anders Götherström**, coautor del estudio y profesor en arqueología molecular en el Centro de Paleogenética en Estocolmo.



Colmillo de mamut lanudo emergiendo del permafrost en la isla central de Wrangel, situada en el noreste de Siberia. / Love Dalén

Referencia:

“Million-year-old DNA sheds light on the genomic history of mammoths” [Nature](#).

Derechos: **Creative Commons**.

TAGS

MAMUTS | EDAD DE HIELO | PREHISTORIA | EXTINCIÓN | LINAJE |
SECUENCIACIÓN | ADN |

Creative Commons 4.0

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