

Fecha: 18-05-2025
 Medio: El Mercurio
 Supl.: El Mercurio - Cuerpo A
 Tipo: Noticia general
 Título: Analizaron la genética de la migración en América, desde Asia a la Patagonia

Pág.: 22
 Cm2: 381,4
 VPE: \$ 5.010.353

Tiraje: 126.654
 Lectoría: 320.543
 Favorabilidad: ☐ No Definida

Es la más larga de la humanidad:

Analizaron la genética de la migración en América, desde Asia a la Patagonia

Durante miles de años, grupos recorrieron 20 mil kilómetros. Un estudio arrojó más luz sobre el poblamiento y los movimientos que configuraron el paisaje genético de nuestro continente.

EFE

La migración prehistórica más larga de la humanidad la hicieron grupos del norte de Asia que recorrieron, durante miles de años, 20.000 kilómetros hasta la Patagonia. Una población que en Sudamérica se dividió en cuatro linajes distintos: amazónicos, andinos, amerindios del Chaco y patagones.

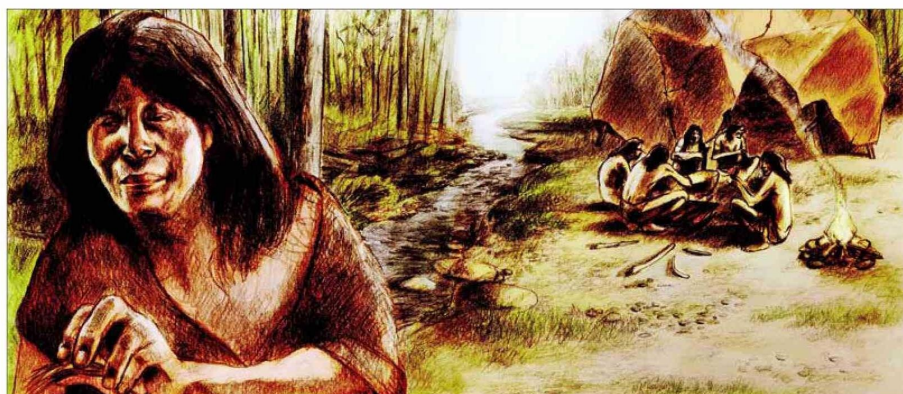
La investigación rastreó la expansión humana durante el Pleistoceno tardío, a través del estudio genómico de más de 1.500 personas de 139 grupos étnicos del norte de Eurasia y América para arrojar nueva luz sobre las migraciones que configuraron el paisaje genético de América del Norte y del Sur.

Ese conjunto de datos, que contiene más de 50 millones de variantes genéticas de alta calidad, se analizó junto con ADN antiguo y moderno de poblaciones nativas americanas.

La migración que llegó hasta una Sudamérica deshabitada "dio lugar a una diversidad genética reducida en comparación con la de las poblaciones indígenas del norte de Eurasia", señala el estudio que publica Science. Las barreras geográficas dentro del subcontinente aislaron a los grupos indígenas, reduciendo posteriormente la diversidad genética, según el equipo encabezado por el Consorcio GenomeAsia 100K de la Universidad Tecnológica de Nanyang de Singapur (NTU).

Aquella larga migración habría ocupado a varias generaciones, que recorrieron caminos que no son los de hoy, porque entonces las masas de tierra eran diferentes y el hielo tendía puentes sobre ciertas porciones que hacían posible la ruta.

Las rutas reconstruidas ofrecieron una imagen detallada de cómo los primeros humanos llegaron al extremo de las Américas y los hallazgos sugieren que ese grupo pionero superó desafíos medioambientales extremos para completar su viaje a lo largo de milenios.



FRANCISCO JAVIER OLEA

En Chile, rastros de los primeros habitantes del territorio se encontraron en Monte Verde, Región de Los Lagos. En la imagen, recreación de un asentamiento.

Un dato clave, según Science, fue que esos primeros emigrantes llegaron al extremo noroccidental de Sudamérica, donde la actual Panamá se encuentra con Colombia, hace aproximadamente 14.000 años.

Cuatro linajes indígenas distintos surgieron rápidamente de un origen mesoamericano común hace entre 13.900 y 10.000 años, indica el estudio en el que participó, entre otros, el Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas de Argentina (Conicet).

Uno de esos grupos permaneció en la cuenca del Amazonas, mientras que los demás se desplazaron hacia el este, a la región del Chaco Seco, y hacia el sur, a los campos de hielo de la Patagonia, navegando por los valles de la cordillera de los Andes, la cadena montañosa más alta fuera de Asia, indica la NTU.

Según los autores, el rápido aislamiento geográfico de estos grupos redujo la diversidad genética,

sobre todo en los genes relacionados con el sistema inmunitario, que pueden influir en la susceptibilidad a las enfermedades infecciosas.

El estudio analizó los perfiles genéticos de poblaciones indígenas de Eurasia y Sudamérica, lo que permitió cartografiar, por primera vez, la inesperadamente amplia diversidad genética de Asia.

Las pruebas genéticas y arqueológicas sugieren que los nativos americanos divergieron de los euroasiáticos del norte hace entre 26.800 y 19.300 años, y que grupos como los inuit, los koryaks y los luoravetlanos son sus parientes vivos más cercanos. También indica que la mayor diversidad de genomas humanos se encuentra en las poblaciones asiáticas, no en las europeas, "como se ha supuesto durante mucho tiempo debido al sesgo de muestreo en los proyectos de secuenciación de genomas a gran escala", destacó el autor principal del estudio, Stephan Schuster, director científico del consorcio GenomeAsia100K.