

## Los primeros Pobladores del Nuevo Mundo: USR1, la Niña del Amanecer

*Recopilación por el editor general*

«Los restos de 11.500 años de una niña de Alaska han arrojado nueva luz sobre la población de las Américas. El análisis genético de la niña, junto con otros datos, indica que pertenecía a un grupo antiguo desconocido anteriormente. Los científicos dicen que lo que han aprendido de su ADN apoya firmemente la idea de que una sola ola de migrantes se mudó al continente desde Siberia hace poco más de 20,000 años.



**Una ilustración científica del campamento en el Upward Sun River en lo que hoy es el interior de Alaska. Ilustración de Eric C. Carlson en colaboración con Ben A. Potter.**

«El nuevo estudio apunta a la existencia de una población ancestral que comenzó a diferenciarse genéticamente de los asiáticos orientales hace aproximadamente 34,000 años, y que completó la separación hace aproximadamente 25,000 años, lo que indica que el puente terrestre de Bering que conecta Siberia y Alaska se cruzó, o al menos de la población ancestral que se ha aislado geográficamente en el noreste de Siberia.

«El análisis sugiere además que un grupo de "antiguos beringianos", representado por USR1, luego comenzó a divergir de los migrantes pioneros. Esta separación genética ocurre hace unos 20,000 años y es el resultado de que estas personas se quedan en Alaska por varios miles de años.

«Otros en la ola pionera, sin embargo, se movieron al sur para ocupar territorios más allá del hielo. Esta rama en movimiento se convirtió finalmente en los dos grupos genéticos que son reconocidos como los antepasados de las poblaciones indígenas de hoy.

«Antes del genoma de esta niña, solo teníamos nativos americanos más antiguos y antiguos siberianos para tratar de resolver las relaciones y los tiempos de divergencia. Pero ahora tenemos un individuo de una población entre los dos, y eso realmente abre la puerta para abordar estas preguntas fundamentales ". Las respuestas más definitivas solo llegarán con el descubrimiento de más restos en el noreste de Siberia y Alaska, agregó el científico.

«A pesar del amplio acuerdo de que las Américas se poblaron inicialmente a través de Beringia, el puente terrestre que conectaba el noreste de Asia con el noroeste de Norteamérica durante la época del Pleistoceno, cuándo y cómo ocurrió el poblamiento de las Américas sigue sin resolverse. Los análisis de restos humanos del Alaska del Pleistoceno tardío son importantes para resolver el momento y la dispersión de estas poblaciones. Los restos de dos bebés fueron recuperados en el río Upward Sun (USR), y se han fechado alrededor de 11.5 mil años atrás (ka).

«Aquí, al secuenciar el genoma de USR1 a una cobertura promedio de aproximadamente 17 veces, mostramos que USR1 está más estrechamente relacionado con los nativos americanos, pero es básico para todos los nativos americanos antiguos y contemporáneos secuenciados con anterioridad. Como tal, USR1 representa una población antigua de Beringia. Usando modelos demográficos, inferimos que la población antigua de Beringia y ancestros de otros nativos americanos descendieron de una sola población fundadora que inicialmente se separó de los asiáticos orientales alrededor de  $36 \pm 1.5$  ka, con flujo de genes persistiendo hasta alrededor de  $25 \pm 1.1$  ka. El flujo de genes de los antiguos eurasiáticos del norte a todos los nativos americanos tuvo lugar entre 25 y 20 ka, y los antiguos beringianos se ramificaron alrededor de 22-18.1 ka».<sup>1</sup>

«Nuestros hallazgos apoyan una estructura genética a largo plazo en los nativos americanos ancestrales, consistente con el modelo de Berly "standstill".

---

<sup>1</sup> Jonathan Amos, [Alaskan infant's DNA tells story of 'first Americans'](#), y Abby Olena, [All Native Americans Descended from One Ancestral Population](#), consultado el 4 de enero de 2018

Mostramos que las ramas basales del norte y del sur de los nativos americanos, a las que pertenecen todos los nativos americanos, divergieron alrededor de 17.5-14.6 ka, y que esto probablemente ocurrió al sur de las capas de hielo de América del Norte. También mostramos que después de 11.5 ka, algunas poblaciones del norte de los nativos americanos recibieron flujo de genes de una población siberiana más cercanamente relacionada con Koryaks, pero no Palaeo-Eskimos<sup>1</sup>, Inuits o Kets, y que el flujo de genes nativos americanos a Inuits era a través del norte y no grupos sureños de nativos americanos. Nuestros hallazgos sugieren, además, que la presencia norteamericana en el extremo norte de los nativos americanos del norte proviene de una migración hacia atrás que reemplazó o absorbió a la población fundadora inicial de los antiguos habitantes de Beringia».<sup>2</sup>

«Gran parte del estudio anterior se basó en el conocimiento comúnmente aceptado de que los primeros pueblos llegaron a América del Norte desde Eurasia y luego colonizaron el resto del continente rápidamente a partir de entonces, dijo J. Víctor Moreno-Mayar, becario postdoctoral del Museo de Historia Natural de Dinamarca, Universidad de Copenhague. Sin embargo, estos restos arrojan luz sobre un nuevo grupo de personas.

«"Podimos secuenciar genomas de alta calidad de esta persona", dijo Moreno-Mayar. "Luego comparamos estos genomas con datos genéticos de otros nativos americanos antiguos y actuales, y aquí es donde nos sorprendimos mucho".

«Los autores principales, Moreno-Mayar y Eske Willerslev, y el equipo del Centro de GeoGenética del Museo de Historia Natural de la Universidad de Copenhague, trabajaron con científicos de la UAF en la genética y la recopilación de datos.

«El equipo descubrió que USR1 no provenía de los dos grupos nativos comúnmente aceptados, separados en nativos americanos del norte y nativos americanos del sur.

«"Cuando miré por primera vez los datos, me sorprendió bastante, porque resultó que los genomas de la USR1 no pertenecían a ninguno de estos", dijo Moreno-Mayar.

«USR1 representaba a un grupo que se separó de antepasados comunes de nativos americanos del norte y del sur antes de que esa población se dividiera al menos 12.600 años atrás, dijo Moreno-Mayar.

«Según los datos utilizados en este estudio, los antiguos nativos americanos divergieron de las poblaciones de Siberia y Asia oriental hace unos 25,000 años.

---

<sup>2</sup> J. Víctor Moreno-Mayar, et. al., [Terminal Pleistocene Alaskan genome reveals first founding population of Native Americans](#), consultado el 4 de enero de 2018

Con base en la información genética del bebé, los científicos fecharon la divergencia de los antiguos beringianos de los nativos americanos del norte y del sur hace unos 20,000 años». <sup>3</sup>■

---

<sup>3</sup> Erin Granger, [Infant's remains reveal unknown Civilization](#), consultado el 4 de enero de 2018