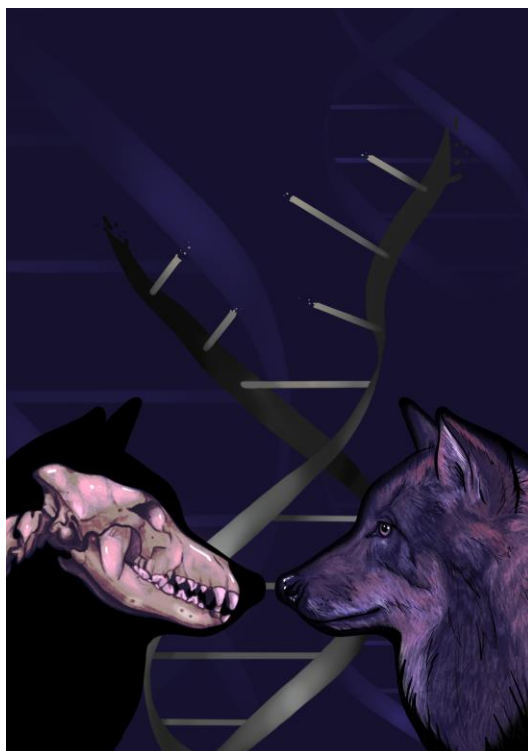


NOTA DE PRENSA

Los perros podrían descender de dos poblaciones de lobos diferentes, según un estudio internacional

- Un grupo internacional de genética y arqueología, liderado por el Instituto Francis Crick y en el que ha participado la Estación Biológica de Doñana (EBD/CSIC), ha rastreado el origen del perro hasta al menos dos poblaciones de lobos prehistóricos gracias al estudio de ADN de lobos de la Edad del Hielo.
- El trabajo permite avanzar un paso más en la investigación sobre dónde se domesticaron los perros, una de las mayores preguntas sin respuestas sobre la prehistoria humana.



En el estudio se analizaron 72 genomas de lobo que abarcan los últimos 100.000 años y que proceden de Europa, Siberia y América del Norte / Jessica Rae Peto

Sevilla, 29 junio de 2022. Es sabido que los perros descienden del lobo y que su domesticación tuvo lugar durante la Edad de Hielo, al menos hace 15.000 años. Sin embargo, aún no se ha podido conocer dónde sucedió esto o si ocurrió en un solo lugar o varios lugares a la vez. En un

nuevo estudio, publicado en *Nature*, un equipo liderado por el Instituto Francis Crick y con participación de la investigadora Jennifer Leonard de la Estación Biológica de Doñana, instituto del Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), ha recurrido a genomas de lobos prehistóricos para avanzar en esta línea de investigación y conocer dónde ocurrió realmente la domesticación del lobo.

Los restos de lobos que utilizaron para obtener los genomas procedían de excavaciones previas llevadas a cabo por un equipo arqueológico procedente de 38 instituciones y 16 países diferentes. Entre estos, se incluía una cabeza completa y perfectamente conservada de un lobo siberiano que vivió hace 32.000 años. A partir de estos restos, nueve laboratorios colaboraron para generar datos de secuencia de ADN de los lobos. En total, se analizaron 72 genomas que abarcaban los últimos 100.000 años y que procedían de Europa, Siberia y América del Norte. La Estación Biológica de Doñana ha contribuido aportando diversas muestras e interpretando los datos obtenidos.

Dos fuentes distintas

Al analizar los genomas, el equipo científico descubrió que tanto los perros primitivos como los modernos, son genéticamente más similares a los lobos prehistóricos de Asia que a los de Europa, lo que sugiere que la domesticación pudiera haber tenido lugar en algún lugar del este. Sin embargo, también encontraron evidencias que sugieren que fueron dos poblaciones separadas de lobo los que aportaron ADN a los perros. Los primeros perros del noreste de Europa, Siberia y las Américas parecen tener un único origen compartido de la fuente oriental. Sin embargo, los primeros perros del Medio Oriente, África y el Sur de Europa parecen tener alguna ascendencia de otra fuente relacionada con los lobos en el Medio Oriente, además de la fuente oriental.

Una posible explicación para esta doble ascendencia es que los lobos fueron domesticados más de una vez y que más tarde las diferentes poblaciones se mezclaron entre sí. Otra posibilidad es que la domesticación ocurrió solo una vez y que la ascendencia doble se debe a que estos primeros perros se mezclaron con lobos salvajes. Actualmente, no es posible determinar cuál de estos dos escenarios es el que realmente tuvo lugar.

“A través de este proyecto, hemos aumentado considerablemente la cantidad de genomas de lobos prehistóricos secuenciados, lo que nos permite crear una imagen detallada de la ascendencia de los lobos, incluso alrededor de la época de los orígenes del perro”, explica Anders Bergström, coautor e investigador postdoctoral en el laboratorio Ancient Genomics en el Instituto Francis Crick. “Al tratar de colocar la pieza del perro en este puzzle, descubrimos que los perros proceden de, al menos, dos poblaciones de perros separadas: una fuente oriental que contribuyó a todos los perros y una fuente más occidental separada, que aportó solo a algunos”.

El papel de los lobos y perros andaluces

El equipo continúa la búsqueda de un ancestro más cercano de los perros, que podría revelar con mayor precisión dónde es más probable que haya tenido lugar la domesticación. Ahora su investigación se centra en genomas de otros lugares no incluidos en este estudio, especialmente regiones más meridionales. La Estación Biológica de Doñana continuará colaborando en estas investigaciones, especialmente aportando y analizando muestras de lobos del Pleistoceno antiguo y de perros del Paleolítico y de la Edad del Cobre procedentes de Andalucía y de otros lugares del sur de España y Europa. “Estas muestras son particularmente importantes ya que los fósiles de lobos más antiguos se han hallado en las regiones meridionales de Europa”, explica Jennifer Leonard, investigadora en el centro dependiente del CSIC. “El problema es que es bastante difícil obtener ADN antiguo de estos huesos debido a que el clima de Andalucía favorece la degradación del material genético”. Sin embargo, esta colaboración será importante para entender el lugar de los lobos y perros andaluces en la prehistoria.

El estudio de los 72 genomas de lobos antiguos abarcaba alrededor de 30.000 generaciones, por lo que ha sido posible mirar hacia atrás y construir una línea de tiempo para conocer cómo ha cambiado el ADN de los lobos a lo largo de este tiempo, describiendo la selección natural en acción. Por ejemplo, observaron que, durante un período de alrededor de 10000 años, una variante genética pasó de ser muy rara a estar presente en todos los lobos y perros de la actualidad. Esta variante afecta a un gen, IFT88, que está involucrado en el desarrollo del cráneo y la mandíbula. Es posible que la propagación de esta variante haya sido impulsada por un cambio en la dieta de los lobos, producido por un cambio en los tipos de presas disponibles durante la Edad del Hielo y que dieron una ventaja a los lobos con una determinada forma de la cabeza. Sin embargo, el gen también podría tener otras funciones desconocidas en los lobos aún no descubiertas.

“Esta es la primera vez que los científicos han rastreado directamente la selección natural en un animal tan grande durante una escala de tiempo de 100.000 años y que ha permitido ver la evolución en tiempo real en vez de tratar de reconstruirlo a partir del ADN actual”, afirma Pontus Skoglund, autor principal y líder de un grupo de investigación en el laboratorio Ancient Genomics en el Instituto Francis Crick. “Encontramos varios casos en los que las mutaciones se extendieron a toda la especie de lobo, lo cual fue posible porque la especie estaba muy conectada a lo largo de grandes distancias.”, sigue explicando Skoglund. Esta conectividad es quizá una de las razones por la que los lobos lograron sobrevivir a la Edad de Hielo, mientras que muchos otros grandes carnívoros desaparecieron, según el investigador. Series de tiempo similares de todo el genoma de la Edad de Hielo, en humanos u otros animales, podrían proporcionar nueva información sobre cómo ocurre la evolución, según el investigador.

“Los seres humanos, los lobos y los perros comparten una larga historia, por lo que perder los lobos como un componente funcional de nuestros ecosistemas podría tener consecuencias tanto ecológicas como culturales”, explica la investigadora Jennifer Leonard. “Este estudio pone el foco en la historia evolutiva de los lobos y sugiere que una asistencia humana para aumentar el flujo genético podría ser apropiado para superar la fragmentación poblacional actual”.



Referencia:

Anders Bergström et al. *Gray wolf genomic history reveals a dual ancestry of dogs*. Nature. <https://doi.org/10.1038/s41586-022-04824-9>

Contacto:

Comunicación EBD

outreach@ebd.csic.es