



Dirección de Medios de Comunicación

Boletín No. 414

28 de agosto de 2025

ESTUDIO INTERDISCIPLINARIO DEVELA PARTICULARIDADES DEL ADN DEL MAMUT COLOMBINO DE LA CUENCA DE MÉXICO

- En un artículo publicado en la revista *Science*, investigadores concluyen que perteneció a un linaje diferente al de sus parientes de Estados Unidos y Canadá
- Es resultado de la colaboración entre el INAH y la UNAM; se analizaron 83 molares del mamífero extinto, hallados en Santa Lucía y Tultepec

El mamut colombino que habitó en lo que hoy es México perteneció a un linaje diferente al de sus parientes en Estados Unidos y Canadá, los cuales son más cercanos a los mamuts lanudos que vivieron en la parte septentrional de América, es una de las conclusiones del estudio de un equipo interinstitucional e interdisciplinario que contó con la participación del Instituto Nacional de Antropología e Historia (INAH), publicado en la revista *Science*.

La investigación deriva del proyecto “La prehistoria y paleoambiente del noroeste de la Cuenca de México”, en el que el INAH y la Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM), a través del Laboratorio Internacional de Investigación sobre el Genoma Humano (LIIGH), recurrieron a la paleogenómica para reconstruir diferentes aspectos demográficos de la megafauna que habitó en esta zona lacustre, a partir de la extracción de ADN mitocondrial.

El análisis de paleogenómica es coordinado por el investigador del Laboratorio de Paleogenómica y Biología Evolutiva del LIIGH, Federico Sánchez Quinto, quien hizo el diseño experimental y subrayó que esta indagación marca un hito, ya que, por primera vez, se logra recuperar ADN antiguo de *Mammuthus columbi* en latitudes tropicales, tarea difícil debido a que en ambientes húmedos esta molécula se degrada más rápido que en entornos fríos y secos.

“Descubrimos que la diversidad genética a nivel mitocondrial de los mamuts colombinos que habitaron en lo que hoy es la Cuenca de México es diferente a los de Canadá y Estados Unidos. En México existieron tres sublinajes diversos entre sí,



los cuales fueron contemporáneos, hacia el final del Pleistoceno (12,700 años)", declaró.

Para la toma de muestras de ADN, el INAH facilitó el material paleontológico recuperado durante las obras del Aeropuerto Internacional Felipe Ángeles, el cual se resguarda en el Centro de Investigación Paleontológica Quinametzin, indicó el responsable del salvamento arqueológico, Rubén Manzanilla López.

Se determinó la utilización de molares de mamut colombino para sacar muestras de polvo de dentina, ya que, por su densidad, permiten una mejor conservación, calidad y cantidad del ADN, pues este tejido y el esmalte funcionan como una capa que aísla la materia orgánica dental del exterior, a diferencia de otros huesos que por su porosidad se ven invadidos por microorganismos.

El equipo analizó 83 molares de mamut, 73 procedentes de Santa Lucía y 10 de Tultepec, ambos yacimientos del Estado de México. Las muestras se llevaron al Laboratorio de Paleogenómica, en Juriquilla, Querétaro, para extraer el ADN y construir las bibliotecas de secuenciación, que consiste en reparar el material genético dañado mediante enzimas y métodos de biología molecular, para poder leerlo e interpretarlo.

Una vez recuperado el ADN de 77 bibliotecas de secuenciación, se realizaron análisis filogenéticos, proceso comparativo entre genomas que permitió reconstruir el árbol evolutivo mitocondrial, a fin de ubicar dentro de la diversidad de mamuts que se conocen hasta hoy en qué parte del árbol se ubican los ejemplares mexicanos, y en qué momento divergieron de otros linajes de América y Eurasia.

También, se reconstruyó el tamaño efectivo poblacional, a partir de los genomas mitocondriales de los *columbi* que habitaron la región hoy comprendida entre la Ciudad de México, el Estado de México e Hidalgo, y se observó que su diversidad genética fue estable, aunque baja a lo largo del tiempo, a diferencia de los mamuts lanudos, cuya variabilidad genética decayó debido al cambio climático, lo que sugiere que las manadas de la Cuenca de México estuvieron aisladas del resto de las que habitaron en el actual territorio nacional.

El colombino fue la única especie del extinto mamífero originaria de América, y se extendió desde Norteamérica hasta Costa Rica. "Previo al estudio, las inferencias sobre su historia evolutiva habían sido exclusivamente con muestras de Canadá y de



Estados Unidos. Por primera vez, incorporamos muestras a un rango geográfico más grande para que las interpretaciones fueran robustas”, señaló Sánchez Quinto.

Finalmente, la investigadora del LIIGH, María del Carmen Ávila Arcos, quien también participó en el diseño experimental del proyecto y la interpretación de los resultados, destacó la importancia de que el estudio se haya realizado en México, de manera colaborativa e interdisciplinaria, pues además de generar conocimiento, muestra el potencial de los investigadores nacionales para ser líderes en paleogenómica.

Por su parte, Manzanilla López consideró que el salvamento arqueológico y el estudio del acervo de Santa Lucía son un parteaguas. “Estamos hablando de una colección importante, que va a dar mucha información para la paleontología nacional a corto, mediano y largo plazos”, finalizó.

El proyecto contó con la participación del biólogo Rigoberto Padilla Bustos, en la captura y enriquecimiento de genomas mitocondriales; la ingeniera en Biotecnología, Ángeles Tavares Guzmán, quien procesó las muestras para extraer el material genético y construir las bibliotecas de secuenciación; y el tesista en Ciencias Genómicas de la UNAM, Eduardo Arrieta Donato, que hizo los análisis filogenéticos a partir de los genomas mitocondriales.

Enlace a video: <https://www.youtube.com/watch?v=4j1L5er5tgE>