

TEMAS DE UNA DÉCADA

La revista *Science* en su edición del 17 de diciembre de 2010 ha dedicado una sección especial titulada "Insights of the Decade" a comentar los que su equipo editorial considera han sido los diez temas más destacados de la investigación científica de la década 2001-2010. De entre ellos, los seis temas relacionados con la Biología son aquí brevemente comentados por editores de "Encuentros en la Biología"

La materia oscura del genoma Enrique Viguera Mínguez. Profesor Titular. Área de Genética. Ana Grande Pérez. Profesora Titular. Área de Genética.

La visión extendida del genoma de los organismos como si fuesen exclusivamente portadores de genes que contienen información para sintetizar una proteína se ha mostrado excesivamente simplista. Las informaciones que publicaron numerosos medios tras la secuenciación del genoma humano, reconocían que en cuanto supiéramos la función de todos los genes "clásicos" conoceríamos los secretos del genoma. Esta aseveración conllevó inmediatamente la popularización del término DNA basura.

Cuando en 2001 se publicó el primer borrador del genoma humano se identificó que sólo un 1.5% del genoma codifica para proteínas, unos 21.000 genes en 3.000 millones de pares de bases. ¿Realmente todo el DNA no codificante representa basura acumulada durante la evolución y no tiene función alguna?

La secuenciación del genoma del ratón en 2002, uno de los organismos modelo más estudiados en Biología, reveló que los ratones y humanos no sólo compartimos muchos genes sino también enormes regiones de DNA no codificante. Los estudios de genómica comparada y genética evolutiva permitieron deducir que si dichas regiones están conservadas, a pesar de que ambas líneas evolutivas divergieran hace más de 75 millones de años, deben contener información crucial para la supervivencia de los organismos. De hecho, estudios realizados entre varios genomas de vertebrados evidenciaron que el 80% de las regiones más conservadas correspondían a regiones no codificantes. Estos resultados empezaban a cuestionar el concepto de DNA basura.

Efectivamente, estudios realizados en ratones transgénicos revelaron que dichas regiones contenían DNA que regulaban la expresión de otros genes y, por lo tanto, tenían un papel en la célula al menos tan importante como un gen codificante para una proteína. La importancia funcional de estas regiones intergénicas quedó de manifiesto en estudios de factores genéticos de riesgo de padecer enfermedades, en los que se mostró que más del 40% de las diferencias de una única base relacionadas con alguna enfermedad entre individuos sanos y enfermos se localizaban en regiones intergénicas.

¿Cuál es la naturaleza molecular de esta "materia oscura del genoma"?

Se había pensado durante mucho tiempo que la mayoría del RNA producido en una célula consistía fundamentalmente en RNA mensajero generado por genes codificantes de proteínas, así como RNA que forma parte de los ribosomas y RNA transferente. Sin embargo, diversos estudios encaminados a conocer la función de cada base del genoma humano han revelado un dato sorprendente: aproximadamente un 80% de todo el DNA celular se

transcribe en RNA.

Algunas de estas moléculas de RNA se han identificado en la última década. Así, se han descrito moléculas de RNA no codificante de pequeño tamaño, entre 21 y 30 bases que pueden interferir con RNA mensajeros, desestabilizándolos. Además, estas moléculas denominadas "small RNAs" pueden controlar la actividad génica al afectar a la cromatina. Otros estudios han establecido una conexión entre estas moléculas con el cáncer y el desarrollo. Desde el punto de vista biotecnológico, los *small RNAs* han servido de base para la puesta a punto de la técnica de interferencia de RNA (RNAi) que permite controlar la expresión génica en una amplia variedad de especies. Pero las sorpresas no se reducen a los *small RNAs*: en 2007 se identificaron moléculas de RNA conocidas como "lincRNAs" (*de large intergenic noncoding RNAs*), RNAs de más de 200 nucleótidos de longitud y tan importantes para la función celular como los genes que codifican proteínas. Estos *lincRNAs* están conservados evolutivamente y han sido asociados a diversos procesos biológicos como proliferación celular, respuesta al daño en el DNA, respuesta inmune o diferenciación celular.

La comprensión de los procesos de regulación génica mediada por RNA permitirá un mejor conocimiento del funcionamiento celular. Los investigadores creemos que lejos de comprender la complejidad del genoma, estamos empezando sólo a atisbar la punta del iceberg.

La realidad de las iPS y su promesa de futuro José María Pérez Pomares. Profesor Titular. Departamento de Biología Animal.

Cuando en el año 2006 se publicaron los primeros resultados relativos a la llamada "reprogramación celular", la mitad de los especialistas en el campo de la diferenciación celular creyó que otro gran artefacto experimental acababa de atravesar la compleja barrera de la revisión científica por pares para ser publicada, por error, en una revista de alto impacto. La otra mitad, sin embargo, pensó que uno de los grandes descubrimientos biológicos de los últimos años acababa de tener lugar. El tiempo ha dado la razón a estos últimos y en su edición del 17 de diciembre de 2010, la revista *Science* reconoce a la reprogramación celular y a su producto, las llamadas iPS (del inglés *induced pluripotent stem cells*, es decir, células troncales pluripotentes inducidas), el derecho a figurar en su lista de los 10 descubrimientos científicos más relevantes de la década. Dicho reconocimiento no hace más que bendecir públicamente a un tipo celular, producto de la experimentación en el laboratorio, que ya ha adquirido el carácter de icono científico del s.XXI.

Pero, ¿qué es una iPS? Pues ni más ni menos que una célula somática adulta, completamente diferenciada -frecuentemente fibroblastos dérmicos- transformada en una

célula de tipo troncal gracias a la sobreexpresión forzada de una serie de genes. Como tal célula troncal, una iPS es capaz de diferenciarse clonalmente en tipos celulares derivados de las tres capas blastodérmicas (ectodermo, mesodermo y endodermo) y también de auto-renovarse. Desde un punto de vista puramente teórico, la reprogramación celular desafía el principio elemental de la irreversibilidad de la diferenciación durante el desarrollo embrionario y pone de manifiesto que el bloqueo epigenético progresivo que caracteriza a la vida celular adulta puede ser superado mediante la adecuada manipulación genética.

El número de genes que se usa para la reprogramación es reducido y varía dependiendo de la publicación que se considere. En los trabajos originales del laboratorio de Shinya Yamanaka, de la Universidad de Kyoto (Japón), estos genes eran 4: Oct3/4, Sox2, Klf4 y *c-myc*. No es sorprendente descubrir que los tres primeros codifican para factores de transcripción implicados en la diferenciación controlada del embrión temprano de los mamíferos y de las células madre embrionarias en cultivo, mientras que el último es un conocido oncogén. Muchas publicaciones han seguido a las originales de S. Yamanaka y J. Thomson, tratando de reducir el número de genes necesarios para la reprogramación (*c-myc* fue rápidamente eliminado por los riesgos que implicaba su carácter oncogénico) y modificando el método de transfección de los genes usados. Este último punto es de vital importancia, ya que los virus que se usan como vectores para la transfección de estos genes son incompatibles con una posible aplicación clínica de las iPS.

Una parte importante de las expectativas generadas por las iPS estriba, precisamente, en su uso potencial en el desarrollo de terapias celulares de sustitución celular. Este tipo de terapias pretende usar células con propiedades singulares para compensar la pérdida de otro tipo celular concreto por daño traumático o degenerativo; en el caso de las iPS, su carácter pluripotente permite la diferenciación dirigida de estas células hacia un tipo celular especializado y funcional. La principal ventaja de la tecnología de la reprogramación celular es que resulta relativamente sencilla. De hecho, Yamanaka prohibió al investigador que realizaba los ensayos piloto en su laboratorio el discutirlos con nadie: según sus propias palabras "cualquiera puede reprogramar una célula". Al mismo tiempo, las iPS son susceptibles de ser usadas en una medicina más personalizada, en la que el autotrasplante, por su naturaleza autóloga, evita claramente el riesgo de rechazo inmunológico. Sin embargo, no todo son ventajas. La generación de iPS es cara, por lo que la posibilidad de crear iPS para cada paciente que lo necesite es poco viable. Otras dos restricciones metodológicas muy importantes son la baja eficiencia de la transfección de los genes "reprogramadores" y, hasta el momento, la falta de un método de transfección génica que garantice la ausencia de daños genéticos secundarios. Por otro lado, diferentes iPS muestran una capacidad distinta para diferenciarse en unos tipos celulares frente a otros. Finalmente, la pluripotencialidad de las iPS también propicia la formación de tumores de tipo teratoma y sugiere poten-



ciales problemas éticos y morales (en Japón, la derivación de gametos a partir de iPS ha sido terminantemente prohibida).

En cualquier caso, la reprogramación celular es gran descubrimiento científico basado en el conocimiento profundo de la biología del desarrollo y la regulación de la diferenciación celular, pero también es un producto más de la capacidad de abstracción y de la progresión de la voluntad humana. Las iPS son una revolución en sí mismas y suponen una gran esperanza para el futuro de la Biomedicina.

La inflamación crónica y la enfermedad

Miguel Ángel Medina Torres. Catedrático. Departamento de Biología Molecular y Bioquímica

Habitualmente se considera que la inflamación es una respuesta inespecífica y transitoria de nuestro sistema inmune frente a las agresiones ambientales. La respuesta inflamatoria está mediada por los denominados agentes inflamatorios, sucede únicamente en tejidos conectivos vascularizados y surge con el fin defensivo de aislar y destruir el agente dañino y de reparar el tejido u órgano dañado. Sin embargo, hoy en día se reconoce la inflamación crónica como una auténtica "fuerza conductora" de las principales enfermedades crónicas prevalentes en el mundo desarrollado, incluyendo el cáncer, la obesidad, la diabetes mellitus tipo II, la enfermedad de Alzheimer y la aterosclerosis. En su edición del 17 de diciembre de 2010, la revista *Science* reconoce a los estudios sobre inflamación y enfermedad el derecho a figurar en su lista de los 10 descubrimientos científicos más relevantes de la década.

Realmente este resurgir del interés por el estudio de la inflamación puede remontarse a hace más de veinte años, cuando en los años ochenta Russell Rose observó la acumulación de macrófagos en tejidos ateroscleróticos. A lo largo de la década de los noventa se acumuló evidencia acerca del reclutamiento de macrófagos y otras células inflamatorias, así como de mediadores inflamatorios en los tejidos y órganos donde se ha iniciado un proceso patológico cuya progresión está asociada a la "fuerza conductora" de la inflamación. Pero ha sido a lo largo de la pasada década cuando ha empezado a asentarse el conocimiento de los principios generales que parecen ligar la respuesta inflamatoria a las (ahora ya frecuentemente) llamadas enfermedades dependientes de inflamación.

En el caso de la aterosclerosis, se sabe que el reclutamiento de células inflamatorias es un paso clave en fases iniciales del proceso que conducen a la formación de las placas ateroscleróticas, las cuales eventualmente pueden necrosar y desprenderse formando trombos. En el caso de la obesidad, el metabolismo de los adipocitos está alterado de forma tal que es percibido por el sistema inmune como una señal de que "necesitan ayuda" y envía macrófagos y otras células inflamatorias al "rescate", aunque lo que consiguen es exacerbar el daño. En el caso del cáncer, recientemente se ha propuesto que la inflamación es una nueva "señal distintiva" que hay que añadir a las seis identificadas previamente por Hanahan y Weinber en su revisión clásica *The hallmarks of cancer* (Cell

100: 57-70, 2000). La inflamación parece promover dos componentes de la diabetes mellitus tipo II: la aparición de resistencia a la insulina y la muerte de las células beta pancreáticas productoras de insulina. En el caso del Alzheimer y otras enfermedades degenerativas los signos inflamatorios están también presentes, aunque sus implicaciones en la progresión de la enfermedad permanecen más oscuras.

En todos los casos, parece que la inflamación está implicada en el progreso de la enfermedad pero no en su iniciación. Se establecería una interacción entre células inflamatorias, mediadores inflamatorios y las células del tejido dañado, que conduciría al establecimiento de una retroalimentación positiva causando una extensión del daño. Para probar que la inflamación es, de hecho, una fuerza conductora en la progresión de cualquier enfermedad, una vía directa es bloquear la inflamación y analizar su efecto sobre la patología. En la actualidad hay numerosos programas de investigación centrados en la búsqueda y caracterización de dianas inflamatorias como vías alternativas de tratar las enfermedades identificadas como dependientes de inflamación.

Cerebro, corazón,... y microbioma

Juan Carlos Codina Escobar. Colaborador Honorario de la UMA. Departamento de Microbiología. Profesor de EESS en el IES Sierra Bermeja de Málaga

En la última década, se ha producido un importante cambio en nuestra consideración de los microorganismos. De enemigos acérrimos a los cuales había que eliminar a través de buenas prácticas higiénicas, vacunas y antibióticos, hemos pasado a considerar algunos de ellos, no ya como beneficiosos, sino como parte integrante de nuestro propio organismo. De hecho hay quien habla ya de un superorganismo humano-microbioma.

La microbiota normal de la especie humana consta de unos pocos microorganismos eucariotas, fundamentalmente hongos y protistas, y algunas arqueas metanógenas que colonizan la parte más distal del tubo digestivo; pero son las bacterias los componentes más numerosos de la microbiota de un individuo sano. Sin embargo, no dejan de ser, en general, grandes desconocidos. De ahí que de forma análoga a lo realizado con el Proyecto Genoma, se haya planteado un proyecto para caracterizar el microbioma humano. El término microbioma se refiere a la totalidad de microorganismos, sus genomas y sus interacciones en un medio ambiente definido, en nuestro caso el ser humano.

El Proyecto Microbioma Humano (PMH) requerirá la secuenciación de genes, tanto de bacterias cultivables como no cultivables, así como la de algunos microorganismos no bacterianos. El siguiente paso será el análisis metagenómico para caracterizar la diversidad de las comunidades microbianas presentes en determinadas zonas corporales y determinar si existe un microbioma humano central, presente en la gran mayoría de individuos. Todo ello precisará de avances en tecnologías genómicas y el desarrollo de nuevas herramientas de análisis computacional.

Los resultados obtenidos permitirán determinar la similitud entre miembros

de una misma familia o comunidad y corroborar y profundizar en hechos como el que las interacciones microorganismo-ser humano son esenciales en muchos aspectos de la fisiología humana que van desde la actividad metabólica al mantenimiento adecuado del sistema inmunitario. Así se han encontrado genes metabólicos de origen microbiano que complementan el genoma humano, incluyendo genes que permiten la digestión de polisacáridos vegetales, drogas y compuestos xenobióticos, así como otros que producen metano o vitaminas.

Las implicaciones prácticas que permitirán los datos aportados por el PMH abarcarán campos muy diversos. Así se espera identificar nuevas vías para determinar el estado de salud y la predisposición a padecer determinadas enfermedades y definir las pautas necesarias para diseñar e implementar estrategias de manipulación de la microbiota humana que permita la optimización de procesos fisiológicos humanos, evitando determinadas enfermedades. De esta manera, por ejemplo, la obesidad puede correlacionarse con la presencia de determinados genes microbianos implicados en ciertas vías metabólicas tales como la degradación de polisacáridos vegetales a ácidos grasos de cadena corta que son absorbidos y almacenados en forma de lípidos más complejos en el tejido adiposo. Del mismo modo existe una influencia positiva de la microbiota en la detoxificación de sustancias carcinógenas o negativa en la formación de cálculos renales. También resultará interesante estudiar su posible relación con aspectos del comportamiento humano, sobre todo, en el desarrollo neurológico y en las alteraciones psicológicas.

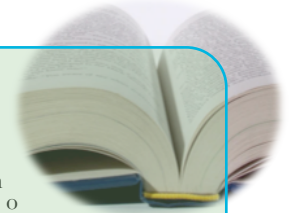
Otras implicaciones prácticas permitirán el establecimiento de perfiles de microbioma y su aplicación en las técnicas forenses. A las huellas dactilares y a los perfiles de ADN habrá que añadir estos nuevos perfiles. La nueva farmacopea del siglo XXI deberá tener en cuenta a los mensajeros químicos producidos por la microbiota humana. La producción industrial de algunos de estos productos también resultará de interés. Como todo avance científico, también puede tener sus puntos oscuros en forma de su aplicación en bioterrorismo, por lo que se debería llevar a cabo un control exhaustivo del uso de los perfiles obtenidos.

En cualquier caso, las décadas venideras nos mostrarán avances significativos ligados al microbioma humano, al que habrá que añadir los provenientes del estudio del viroma humano. Por tanto, no debemos sorprendernos que en un futuro, los alumnos de enseñanzas básicas aprendan que el cuerpo humano se compone de órganos como el corazón, el cerebro, ... y el microbioma.

Los climatólogos sienten el calor como el choque entre Ciencia y Política

Félix López Figueroa. Catedrático. Área de Ecología

Con este título sugerente Richard A. Kerr y Eli Kintisch hacen una reflexión sobre la política del cambio climático o más bien habría que decir sobre la política de ciertos grupos para desprestigiar la ciencia que hacen los climatólogos. Durante los últimos 40 años los



investigadores se han preguntado tres cuestiones: ¿se está calentando la Tierra?, ¿están los humanos detrás del calentamiento global?, y ¿cómo afectan y son afectados los fenómenos naturales? Desde el año 1990, el Panel Intergubernamental del Cambio Climático (IPCC) de la ONU reúne todo el conocimiento científico que se produce a nivel mundial sobre cambio climático y emite una serie de recomendaciones. Las declaraciones sobre la evidencia del cambio climático se han ido haciendo más contundentes: mientras que en año 1995 publicaban que el balance de evidencias sugiere que los humanos están influyendo en clima global, en el año 2007 establecen que el calentamiento es inequívoco y muy altamente probable que se deba a las acciones humanas, mientras que los fenómenos naturales sólo modulan esos cambios pero no son los causantes directos. Los modelos climatológicos recientes señalan algunas sorpresas..., y algunas muy malas. El calentamiento y por lo tanto sus impactos están produciéndose a más velocidad. Dentro de este siglo se espera la desaparición de los casquetes de hielo flotante en el Ártico por lo que será navegable en verano y una Groenlandia que volverá a ser verde como indica su nombre (puesto por los Vikingos cuando la colonizaron durante un corto periodo cálido que se dio en la Tierra y que posteriormente dio lugar a la pequeña edad de hielo de la Edad Media). Por otro lado el número y potencia de los huracanes y fenómenos climatológicos catastróficos o extremos están aumentando; inundaciones y sequías se dan la mano y en el océano ya ha comenzado una acidificación constante que puede hacer desaparecer los corales y otros organismos calcificados (especialmente los constituidos por aragonito) dentro de este siglo.

El Protocolo de Kioto de 1997 estableció la reducción y limitación de los gases de efecto invernadero (GEI) para 38 países desarrollados con reducción conjunta (entre los años 2008-2012) de las emisiones de 6 GEI en un 5,2% de media por debajo los niveles existentes en 1990. Para alcanzar esta reducción EEUU debía reducir un 7%, Japón un 6% y la Unión Europea un 8% respecto a los niveles de 1990. El Protocolo lo ratificaron muchos años más tarde 187 países entre los que no estaba EEUU, a pesar de representar el 25% de las emisiones per cápita del mundo. El Presidente Clinton se había comprometido a su ratificación pero llegó el "Comandante" y mandó parar. El comandante fue George Bush que lideró y amparó a los que relativizaban el cambio climático: no se estaba produciendo ningún calentamiento o eran fenómenos naturales. Todo ello ha limitado muchísimo no sólo el esfuerzo científico sino también ha podido modificar la percepción social del problema. La Unión Europea en el post-Kioto defiende reducciones drásticas del 25-40% de CO₂ respecto al año 1990 para tratar de impedir un calentamiento por encima de 2 °C. La administración de Obama planteó reducciones del 80% para el año 2050 respecto a 1990 pero no superó las votaciones en el Senado y peor va ser ahora en un Congreso con mayoría republicana mucho más beligerante contra las medidas de control y reducción del calentamiento que la propia administración Bush.

Los climatólogos, según un estudio de la Universidad East Anglia del Reino Unido, están siendo desprestigiados de

forma incisiva. ¿Quién está detrás de estas campañas? Ya Al Gore en su documental "La verdad incómoda" señalaba a las grandes multinacionales energéticas con sus lobbies como las responsables de grandes campañas periodísticas o artículos pseudocientíficos diseñados para dudar del cambio climático. Es como crear un clima frío, y nunca mejor dicho, contra las evidencias de calentamiento global. La cuestión es que no nos enfrentamos a una guerra fría con bloques políticos claros sino a unos grupos multinacionales y trasversales que los encontramos tanto en China, Europa, EEUU o en cualquier país, es la globalización de compañías e inversores que ven peligrar sus intereses con las medidas de mitigación de emisiones. Lo que llama la atención es que muchas de esas compañías petroleras y eléctricas también están en desarrollos de energía renovables como la eólica, termosolar o producción de biocombustibles a partir de microalgas y por lo tanto controlan también las alternativas energéticas a los combustibles fósiles. El artículo acaba de un modo muy pesimista indicando que muchos expertos piensan que las discusiones en los próximos 10 años serán sobre como se producirá la adaptación al calentamiento del planeta más que sobre las estrategias y mecanismo de mitigación de las emisiones. La revista *Time* ya lo adelantaba en el año 2006: en contraste al "¡No te preocupes, se feliz!", debemos decir "¡Preocúpate, estate muy preocupado!"

DNA antiguo: El nacimiento de la Paleogenómica

Ramón Muñoz Chápuli. Catedrático.
Departamento de Biología Animal

El DNA antiguo nunca estuvo tan de moda. Los avances registrados durante los últimos diez años en este terreno han sido motivo de que la revista *Science* haya seleccionado los estudios sobre DNA de organismos extintos como uno de los diez campos más relevantes de la pasada década. La misma revista consideraba también la publicación del borrador del genoma Neandertal como uno de los diez avances o *breakthroughs* más importantes del año 2010. Cuando pensamos lo calientes que están aún las controversias acerca de la publicación del genoma humano, parece increíble que ya conozcamos buena parte del genoma del "otro" humano, desaparecido hace unos 30.000 años. Esto ha sido posible gracias a un esfuerzo conjunto de una serie de grupos de investigación liderados por el Instituto Max Planck de Antropología Evolutiva de Leipzig (Alemania), y en concreto por el investigador sueco Svante Pääbo [Green et al., *Science*, 328:710 (2010)].

El doble reconocimiento de *Science* atrae la atención hacia dos importantes hechos. En primer lugar los avances en las tecnologías de secuenciación de DNA. En segundo las posibilidades, que hace veinte años hubiéramos situado en el ámbito de la ciencia ficción, de secuenciar DNA de organismos desaparecidos hace miles o millones de años. Esta posibilidad comenzó a vislumbrarse a mediados de la década de los 80, cuando se anunciaron una serie de resultados espectaculares que luego no pudieron ser confirmados. Las muestras aisladas no sólo estaban fuertemente degradadas (frag-

mentadas y modificadas químicamente) sino que también aparecían masivamente contaminadas con DNA de origen bacteriano, vírico o humano. Después de un reflujó en el entusiasmo inicial, la situación ha cambiado radicalmente en la última década. Esto se ha debido sobre todo al desarrollo de tecnologías diseñadas para trabajar con DNA degradado, para amplificarlo por PCR y para identificar y ensamblar mediante procedimientos bioinformáticos la aguja de las secuencias relevantes en medio del pajar de DNA contaminante [Stiller et al., *Genome Res* 19:1843 (2009)]. De esta forma ha sido posible secuenciar el genoma del mamut (a partir de pelos, en los que el DNA está bien preservado por la queratina, una proteína muy resistente) y estudiar su relación filogenética con los elefantes [Miller et al., *Nature* 456:387 (2008)]. Fue posible secuenciar el DNA mitocondrial del Neandertal [Briggs et al., *Science*, 325:318 (2009)] y demostrar, mediante DNA procedente de restos orgánicos y conservado en sedimentos congelados, que mamuts y humanos convivieron en Alaska durante casi tres mil años, contradiciendo la idea de un rápido exterminio de los primeros [Haile et al., *PNAS*, 106:22352 (2009)]. Ha sido posible describir a partir de un dedo encontrado en una cueva de Siberia lo que podría ser un nuevo tipo de humano, con una evolución independiente de neandertales y humanos modernos, que vivió en Asia Central hace 40.000 años [Krause et al., *Nature* 464:894 (2010); Reich et al., *Nature* 468:1053 (2010)]. Y así, hasta llegar a la publicación del genoma Neandertal y desvelar no sólo las diferencias genéticas con nuestra especie, sino que muy probablemente existió en Europa flujo genético entre neandertales y humanos, o dicho de forma menos académica, que las relaciones entre ellos no fueron siempre inamistosas. Se calcula que europeos y asiáticos (pero no africanos) hemos heredado entre un 1% y un 4% de nuestros genes de antepasados neandertales. En este descubrimiento ha habido participación española, en concreto el análisis de muestras de doce individuos Neandertales hallados en la cueva del Sidrón (Asturias) que murieron hace 49.000 años a causa del derrumbamiento de una cueva. Grupos de investigación españoles acaban de publicar un artículo sobre este tema en el que analizan genéticamente estos individuos y muestran que probablemente formaban un grupo familiar con características patrilocales (es decir, que las mujeres procedían de fuera del clan familiar, como sucede en la mayor parte de las comunidades humanas primitivas) [Lalueza-Fox et al., *PNAS*, 108:250 (2011)].

Los desafíos en el próximo futuro son claros, extender las nuevas técnicas a muestras de DNA cada vez más antiguas y también a otras macromoléculas (RNA, proteínas). Como un aperitivo de esta nueva y emergente disciplina (la Paleogenómica) podemos citar la presunta (y polémica) identificación y secuenciación de colágeno de tiranosaurios y hadrosaurios [Schweitzer et al., *Science* 316:277 (2007) y *Science* 324:626 (2009)].