



Mi familia es única

Antonio López Jiménez
IES Los Molinos. Cartagena (Múrcia)

Esta comunicación plantea un ejercicio de reflexión sobre las relaciones de parentesco entre las personas. Basándose en contenidos propios del comienzo de la etapa de bachillerato en el ámbito de la biología molecular, se relacionan las leyes básicas que rigen los mecanismos de herencia genética con los casos particulares de personajes históricos como Carlomagno y Gengis Khan. Se presentan conceptos como Eva mitocondrial y coalescencia. Además, se plantea la realización de grandes árboles genealógicos que viajen al origen de nuestra especie.

My family is unique

This paper looks at the relationships and kinships between people. Based on the contents at the start of baccalaureate in the area of molecular biology, it links to basic laws governing the mechanisms of genetic inheritance with the specific cases of historical people such as Charlemagne and Genghis Khan. It also presents concepts such as "mitochondrial Eve" and coalescence. And it set out how to create large family trees that date back to the origin of our species.

Palabras clave: *genética, árboles genealógicos, cromosoma Y, ADN mitocondrial, Carlomagno, Gengis Khan.*

Keywords: *genetics, family trees, Y chromosome, mitochondrial DNA, Charlemagne, Genghis Khan.*

A la hora de abordar los contenidos propios de la genética, ciencia que estudia los fenómenos de la herencia, a menudo se hace necesario plantear actividades prácticas que permitan al alumnado interiorizar los conceptos teóricos que pretendemos que adquieran.

El estudio de las relaciones de parentesco y la realización de árboles genealógicos suelen ser temas de interés en nuestra sociedad, estando con relativa frecuencia no bien interpretados. Su desarrollo en el currículo de secundaria supone una profundización interdisciplinar, que abarca tangencialmente aspectos del área de las ciencias sociales (geografía e historia) y matemáticas (cálculo y estadística).

El presente trabajo plantea el desarrollo de conceptos propios del área de la genética a partir del estudio de secuencias ancestro-descendiente y con ello conduce a la reflexión sobre las relaciones de parentesco genético existentes entre los humanos.

■ **Presentación de la actividad**

Una buena manera de motivar el interés del alumnado es recurrir a ejercicios de deducción, para que, a partir de datos aportados de una manera secuencial, este pueda llegar a deducir de manera autónoma la veracidad de un concepto planteado.

En esta ocasión se plantea a los alumnos y las alumnas el hecho de que el que les habla (el profesor, por utilizar un agente válido y cercano que dé sentido al juego que seguirá) es descendiente de un personaje histórico: el emperador Carlomagno.

Una buena manera de motivar el interés del alumnado es recurrir a ejercicios de deducción

De esta manera, atraemos la atención del alumnado hacia los contenidos que se van a tratar y fomentamos el interés en personajes históricos relevantes, como es el caso del emperador Carlomagno.

■ Carlomagno

Presentando la información directamente o pidiendo la realización de una pequeña investi-

gación por parte del alumnado, se obtiene una pincelada sobre la biografía de Carlomagno: rey de los francos desde el 768 hasta su muerte. Expandió los distintos reinos francos hasta transformarlos en un Imperio, al que incorporó gran parte de Europa

Occidental y Central. Fue coronado *Imperator Augustus* por el Papa León III el 25 de diciembre del 800 en Roma. Tuvo veinte hijos con ocho de sus diez esposas, el primogénito Carlos El Joven le sucedió.

Se plantea a los alumnos y las alumnas la idea de que el árbol genealógico de Carlomagno y sus descendientes ha podido ser estudiado gracias a la aplicación de conceptos de genética básicos, que podrán ser repasados a continuación.

Nociones de genética básica

Nosotros somos el resultado de un proceso de reproducción sexual, en el que dos individuos han aportado una copia de su genotipo para conformar nuestro propio genotipo diploide (formado por dos copias estructuralmente iguales). Utilizando otras palabras, podemos decir que nuestro contenido de ADN (la molécula de la herencia) es al 50% procedente de nuestra madre y al 50% procedente de nuestro padre.

Este ADN se agrupa o empaqueta formando cromosomas, cuyo número es fijo para cada especie. Estos cromosomas en especies diploides aparecen emparejados, cada cromosoma tiene al lado una copia idéntica de sí mismo. Por lo citado antes, cada una de estas copias procede de uno de los progenitores.

Se pueden diferenciar dos tipos de cromosomas: autosómicos y sexuales. De los primeros, siempre aparecen dos copias idénticas; en nuestra especie hay 22 parejas de cromosomas autosómicos. De los segundos, dependiendo del sexo una de las copias puede ser diferente a la otra; en nuestra especie hay una pareja de cromosomas sexuales. En la mayor parte de los organismos el tipo de cromosoma sexual determina el sexo; en los humanos, dos cromosomas sexuales iguales (XX) determinan que el individuo desarrolle el sexo femenino y dos cromosomas sexuales distintos (XY) determinan que el individuo desarrolle el sexo masculino.

La herencia paterna

Este cromosoma distinto, llamado *heterocromosoma Y*, es heredado siempre por línea paterna, como es lógico pensar, pues no existe en el sexo femenino. De tal manera que si no hay procesos de mutación asociados, el cromosoma Y de un varón es igual que el de su padre e igual que el de su abuelo paterno. Y así sucesivamente siguiendo una línea de ascendientes o descendientes llamada *patrilineal*. También toda pareja de hermanos varones tendrán el mismo cromosoma Y y dos varones que compartan el mismo tipo de cromosoma Y deberán de haber tenido un ancestro común del cual han heredado dicho cromosoma Y.

Los hijos de Gengis Khan

En el mundo no hay muchos tipos diferentes de cromosomas Y, siendo uno de los lugares donde menos variabilidad se ha encontrado el sureste del continente asiático. Entre Mongolia, norte de China, Kazajistán y Afganistán hay casi 18 millones de varones que comparten el mismo tipo de cromosoma Y; por lo tanto, descienden de un mismo varón. Analizando las mutaciones acumuladas en este cromosoma, se ha postulado que dicho varón debió de vivir entre hace setecientos a mil trescientos años. En este caso, quizás incluso podamos saber el nombre de dicho hombre.

Gengis Khan nació en 1162 y murió en 1227. Fue líder de la expansión de los nómadas centroasiáticos por todo el continente asiático. Es considerado «el padre de los mongoles», lo cual puede que no sea del todo falso pues se cree que tuvo más de sesenta hijos. Esto lo convierte en inmejorable candidato para ser el ancestro común de muchos habitantes del sureste asiático, en especial aquellos que habitan los lugares que conquistó, que coinciden precisamente con los países que hemos citado (imagen 1).



Imagen 1. Distribución de una variable del cromosoma Y en el sureste de Asia

La herencia materna

Ciertamente también se puede seguir el rastro de una herencia propia del sexo femenino, en el que hijas, madres y abuelas compartan un mismo fragmento de ADN. Pero en este caso los fenómenos de recombinación, que entremezclan información entre cromosomas homólogos, nos hacen buscar este ADN común fuera del núcleo.

La Eva mitocondrial

En la formación de un cigoto humano interviene un gameto móvil (el masculino o espermatozoide) que fertiliza un gameto inmóvil (el femenino u óvulo). En el proceso de fertilización el espermatozoide (formado por cabeza, cuello y cola) penetra en el óvulo atravesando su membrana. Pero no todo el espermatozoide entra dentro del óvulo, tan sólo lo hace la región anterior o cabeza, que contiene el material genético nuclear, el resto del espermatozoide queda fuera y no pasa a formar parte del cigoto.

Esto supone que en condiciones normales ningún orgánulo presente en el espermatozoide pasa a formar parte del nuevo cigoto. Por lo tanto el nuevo individuo, desarrollado a partir del cigoto, tendrá orgánulos que son copias de los que tenía el óvulo, fruto de las sucesivas divisiones mitóticas que este sufre.

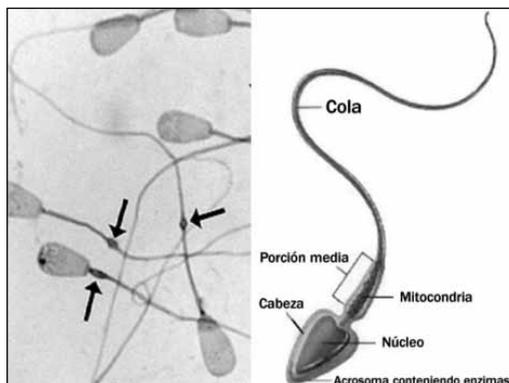


Imagen 2. Representación esquemática de un espermatozoide

Sabemos que en las mitocondrias se encuentra una hebra de ADN circular llamado *ADN mitocondrial*. Este, por lo dicho en el párrafo anterior, va a ser común a todas las mitocondrias de todas las células del organismo e igual al que tenían las mitocondrias presentes en el óvulo (imagen 2).

He aquí, por tanto, un ejemplo de herencia materna, donde cada uno de nosotros tenemos el mismo ADN mitocondrial que nuestra madre y esta, el mismo que su madre y así sucesivamente. Analizando la variabilidad en regiones concretas de este cromosoma mitocondrial se ha comprobado que existen una serie de tipos diferentes de ADN mitocondrial, con diferentes frecuencias entre las diversas poblaciones humanas. Distintos estudios han tratado de relacionar estos tipos de ADN mitocondrial y averiguar las mutaciones que han llevado de unos a otros.

Uno de los estudios más famosos (Cann y otros, 1987) concluyó que todos los tipos de ADN mitocondrial proceden de un único tipo que vivió hace alrededor de doscientos mil años en el área comprendida entre el extremo nororiental de África y Oriente Medio. A este, o a la poseedora de este tipo, se le ha llamado *Eva mitocondrial* para relacionarlo con las escrituras bíblicas.

Las siete hijas de Eva

En otro estudio, se agruparon todos los tipos de *ADN mitocondrial* europeo en siete grupos, cada uno descendiente de un antepasado común. En total, siete mujeres, que Sykes (2001) localizó en el espacio y tiempo en que vivieron, e incluso asignó un nombre de pila a cada una de ellas, denominándolas de manera general: *las siete hijas de Eva*.

■ Nuestros antepasados

A través de dos ejemplos hemos visto cómo se puede rastrear el pasado de nuestros genes en busca de nuestros ancestros. Pero se trata tan sólo de dos historias separadas de dos fragmentos cromosómicos. Para conocer todos nuestros ancestros tendríamos que estudiar el ADN en su totalidad y todas las secuencias ancestro-descendiente que cada uno de nuestros genes nos marcaran.

Un humano tiene un número cercano a los cien mil genes y potencialmente cada uno de ellos puede haber tenido una historia evolutiva distinta, a la vez que paralela. Esto nos llevaría probablemente, si estudiásemos la ascendencia de todos nuestros genes, a un árbol genealógico distinto para cada uno de nuestros genes (imagen 3). Así mismo, nos permitiría realizar paren-

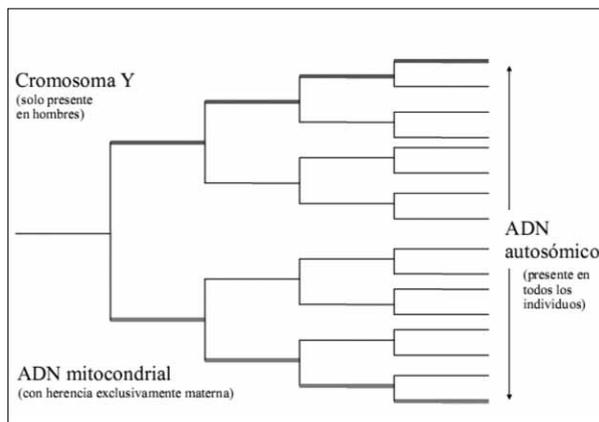


Imagen 3. Esquema representativo de la diferente historia evolutiva que puede haber tenido cada uno de nuestros genes

tescos con multitud de individuos con los que compartimos genes y, por lo tanto, también antepasados.

¿Cuántos antepasados tenemos?

Sobre la base de los procesos de herencia que acabamos de sintetizar, ahora podemos realizar un ejercicio simple que nos permita visualizar el número de antepasados que poseemos. Calculemos, tomando una media de 25 años por generación, el número de ancestros que teníamos hace cincuenta, cien, doscientos años atrás y así sucesivamente (imagen 4).

Este sencillo cálculo nos lleva a ver que nuestro número de antepasados crece de manera exponencial al retroceder en el tiempo. Si hace 100

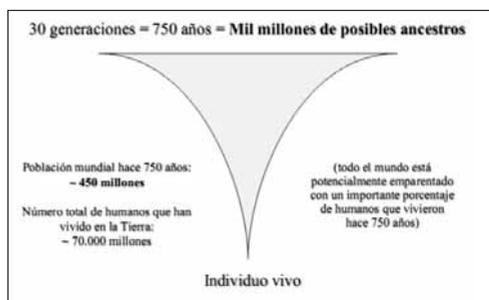


Imagen 4. El número de ancestros aumenta de manera exponencial conforme retrocedemos en el tiempo

años nuestros 16 tatarabuelos portaban la información que nos constituye hoy, hace 200 eran 256 los antepasados de los cuales descendemos, hace 500 eran 1.048.576. Y hace 750 años, 30 generaciones atrás, más de mil millones.

Ramas compartidas

Se calcula que la población mundial hace 750 años era no más de 450 millones de personas, la mitad del cálculo de antepasados para una sola persona hecho antes para esa antigüedad. La ambigüedad de estos datos se explica reconociendo que varios árboles genealógicos pueden compartir ramas. Todos tenemos antepasados comunes a otros individuos. También dentro de nuestro propio árbol las ramas pueden ser compartidas (imagen 5). Digamos, por ejemplo, que uno de mis bisabuelos paternos puede ser a la vez uno de mis tatarabuelos por parte materna.

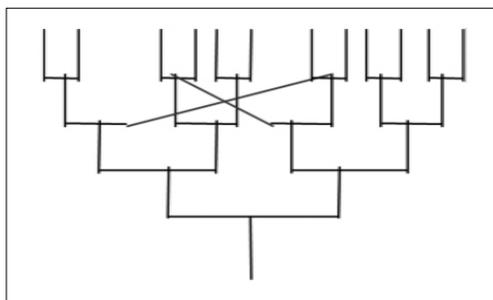


Imagen 5: Los elementos de un árbol genealógico pueden serlo a la vez de varias ramas o árboles genealógicos diferentes

El abuelo Carlomagno

Volviendo a la afirmación inicial y siguiendo con lo recientemente dicho: todos tuvimos más de quinientos millones de descendientes directos hace 750 años, tanto como la población humana en aquel tiempo. Por lo tanto, todos (no sólo el profesor) nos podemos considerar descendientes directos de cualquier persona que vivió en esa época (y dejó descendencia), como es el caso del emperador Carlomagno.

■ Conclusión

Hemos comprobado cómo las relaciones de parentesco pueden ser leídas a la luz de los procesos de herencia. Al igual que existe una herencia exclusivamente paterna, basada en la herencia del cromosoma Y, existe también una herencia exclusivamente materna basada en el ADN mitocondrial, siendo ambas no más que una porción de todo nuestro acervo genético, heredado de un número exponencial de descendientes conforme nos alejamos en el tiempo.

Observando estos árboles genealógicos podemos reconocer cómo existen relaciones de parentesco no sólo entre los individuos de una misma familia, sino también entre los individuos de un mismo lugar y, en último término, entre todos los habitantes del mundo, formando un

La herencia paterna y la materna son no más que una porción de todo nuestro acervo genético

gran árbol genealógico en el que todos estamos emparentados.

Referencias bibliográficas

- BOYD, R.; SYLK, J. (2004): *How humans evolved*. 6.ª ed. Nueva York. W.W. Norton. (Trad. cast.: *Cómo evolucionaron los humanos*. Barcelona. Ariel, 2001.)
- CANN, R. y otros (1987): «Mitochondrial DNA and human evolution». *Nature* [en línea], núm. 325, pp. 31-36. <www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/3025745>.
- GRIFFITHS, A. y otros (2000): *An introduction to genetic analysis*. 7.ª ed. Nueva York. W.H. Freeman.

SYKES, B. (2001): *The seven daughters of eve: The science that reveals our genetic ancestry*. Nueva York. W.W. Norton.

ZERJAL, T. y otros (2003): «The genetic legacy of the mongols». *American Journal of Human Genetics*, núm. 72, pp. 717-721.

Dirección de contacto

Antonio López Jiménez

IES Los Molinos. Cartagena (Murcia)

antonio.lopez36@murciaeduca.es

Este artículo fue recibido por ALAMBIQUE. DIDÁCTICA DE LAS CIENCIAS EXPERIMENTALES en diciembre de 2011 y aceptado en julio de 2012 para su publicación.