

## Arqueología asociada a Biología Molecular

Gabriel Dorado<sup>1</sup>, Víctor Vásquez<sup>2</sup>, Isabel Rey<sup>3</sup>, José Luis Vega<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Autor para correspondencia, Dep. Bioquímica y Biología Molecular, Campus Rabanales C6-1-E17, Universidad de Córdoba, 14071 Córdoba (Spain), eMail: <bb1dopeg@uco.es>; <sup>2</sup>Centro de Investigaciones Arqueobiológicas y Paleoecológicas Andinas-"ARQUEOBIOS", Trujillo (Peru); <sup>3</sup>Colección de Tejidos y ADN, Museo Nacional de Ciencias Naturales (CSIC), José Gutiérrez Abascal, 2. 28006, Madrid, España. E-mail: <mcnrf3g@mncn.csic.es>; <sup>4</sup>Laboratorio de Genética Molecular, Servicio de Cría Caballar y Remonta, Apartado Oficial Sucursal 2, 14071 Córdoba (Spain)

No hace mucho tiempo, la arqueología era considerada como una disciplina de las ciencias sociales, un sistema aparte de la ciencia "estándar". Como ejemplo, el "Journal Archaeological Science"

<[http://www.elsevier.com/wps/find/journaldescription.cws\\_home/622854/description#description](http://www.elsevier.com/wps/find/journaldescription.cws_home/622854/description#description)>

fue incluido en el primero (Edición de Ciencias Sociales), pero no en el segundo (Edición de Ciencia) del Journal Citation Reports (JCR) por la "Web del Conocimiento" del prestigioso Thomson ISI <<http://www.isiknowledge.com>> hasta la edición 2003. Como Bob Dylan dice en una de sus emblemáticas canciones "los tiempos están cambiando". De hecho, la tendencia actual es realzar y consolidar la colaboración entre investigadores que trabajan en diversas actividades humanas. Así, la interdisciplinariedad y

la transversalidad están madurando, y representan de hecho componentes preciosos en las solicitudes de proyectos de investigación actuales.

El enlace que ha hecho posible tal integración de la arqueología en el campo científico "estándar" es la biología molecular en general y la biotecnología del ADN en particular. Antes de los años 70, tal disciplina estaba considerada casi muerta, pero el desarrollo de técnicas de ingeniería genética (Jackson et al, 1972; Lobban y Kaiser, 1973; Morrow et al, 1974) representaron su renacimiento. De hecho, los progresos en dicha área han sido tan significativos, que ahora desempeña un papel dominante en las ciencias de vida y las disciplinas relacionadas, incluyendo trazabilidad, ciencia forense y arqueología.

Todo ello es posible porque todos los seres vivos (o las entidades biológicas como virus, viroides y virusoides), sus partes, derivados o restos tienen ácidos nucleicos. Por ello, pueden ser analizados por las poderosas metodologías de la biología molecular. Los progresos recientes en tal área incluyen la genómica estructural y funcional, a la cual hemos contribuido significativamente (Lario et al, 1997), proteómica (Asara et al, 2007) y bioinformática (Dorado et al, 2006a, b, 2007).



De interés particular han sido los recientes avances en secuenciación basadas en emulsiones de la reacción en cadena de la polimerasa (ePCR) y sistemas de estado sólido. Tales metodologías permiten

realizar millones de reacciones de secuenciación en un solo tubo o soporte. Esto abre la puerta para análisis masivos sin precedentes, de genomas completos y de transcriptomas completos. Como ejemplos, proyectos del genoma de ADN antiguo (ADNa) como los del oso de las cuevas del Pleistoceno (Noonan et al, 2005), mamut (Poinar et al, 2006) y del Neandertal (Green et al, 2006; Noonan et al, 2006) han sido emprendidos por primera vez en la historia.

Por otro lado, es poco probable que un análisis genómico funcional concluyente, basado en ARNm, se pueda realizar con restos arqueológicos usando la tecnología actual, puesto que el ARN es demasiado lábil. Sin embargo, la genómica estructural se pueden utilizar también para deducir las características funcionales y los fenotipos (Pennisi, 2007). Por lo tanto, un mundo nuevo y fascinante se abre para la arqueología: ¡bienvenido al mundo de la biología molecular!

**Agradecimientos:** financiado por Grupo PAI CTS-413 (Junta de Andalucía) y Proyecto AGL2006-12550-C02-01 del 'Ministerio de Educación y Ciencia' (España).

### Referencias Bibliográficas:

•Asara JM, Schweitzer MH, Freimark LM, Phillips M, Cantley LC (2007): Protein sequences from mastodon and

Tyrannosaurus rex revealed by mass spectrometry. *Science* 316: 280-285.

•Dorado G (ed) (2007): "Molecular Markers, PCR, Bioinformatics and Ancient DNA - Technology and Applications". Science Publishers (New York, NY, USA). In press.

•Dorado G, Falgueras J, Claros MG, Gálvez S, Hernández P (2006a): Bioinformatics: from command-line to GUI and multithreading. EU Science Forum (Heidelberg, Germany); <<http://www.accelrys.com/events/seminars/euscienceforum2006>>.

•Dorado G, Falgueras J, Claros MG, Gálvez S, Hernández P (2006b): Bioinformatics: from lecturing to research. Accelrys User Meeting and Conference (Baltimore, MD, USA); <[http://www.accelrys.com/user\\_meeting](http://www.accelrys.com/user_meeting)>.

Dorado G, Falgueras J, Claros MG, Gálvez S, Hernández P (2007): Bioinformatics meets research and teaching. DNASTar Newsletter 1: 1.

•Green RE, Krause J, Ptak SE, Briggs AW, Ronan MT, Simons JF, Du L, Egholm M, Rothberg JM, Paunovic M, Pääbo S (2006): Analysis of one million base pairs of Neanderthal DNA. *Nature* 444: 275-276.

•Hernández P, Martín A, Dorado G (2000): The BLAST algorithms: practical application in molecular cloning, marker-assisted selection (MAS) and introgression of wheat. *DNA Sequence* 11: 339-347.

•Jackson DA, Symons RH, Berg P (1972): Biochemical method for inserting new genetic information into DNA of simian virus 40: circular SV40 DNA molecules containing lambda phage genes and the galactose operon of *Escherichia coli*. *Proc Natl Acad Sci USA* 69: 2904-2909.

•Lario A, González A, Dorado G (1997): Automated laser-induced fluorescence DNA sequencing: equalizing signal-to-noise ratios significantly enhances overall performance. *Analytical Biochemistry* 247: 30-33.

•Lobban PE, Kaiser AD (1973): Enzymatic end-to-end joining of DNA molecules. *J. Mol. Biol.* 78, 453-471.

Morrow JF, Cohen SN, Chang AC, Boyer HW, Goodman HM, Helling RB (1974): Replication and transcription of eukaryotic DNA in *Escherichia coli*. *Proc Natl Acad Sci USA* 71: 1743-1747.

•Noonan JP, Coop G, Kudaravalli S, Smith D, Krause J, Alessi J, Chen F, Platt D, Pääbo S, Pritchard JK, Rubin EM (2006): Sequencing and analysis of Neanderthal genomic DNA. *Science* 314: 1113-1118.

•Noonan JP, Hofreiter M, Smith D, Priest JR, Rohland N, Rabeder G, Krause J, Detter JC, Pääbo S, Rubin EM (2005): Genomic sequencing of Pleistocene cave bears. *Science* 309: 597-599.

•Pennisi E (2007): DNA sequencing. A new window on how genomes work. *Science* 316: 1120-1121.

•Poinar HN, Schwarz C, Qi J, Shapiro B, Macphee RD, Buigues B, Tikhonov A, Huson DH, Tomsho LP, Auch A, Rampp M, Miller W, Schuster SC (2006): Metagenomics to paleogenomics: large-scale sequencing of mammoth DNA. *Science* 311: 392-394.