



Madrid, miércoles 20 de octubre de 2021

Los caballos modernos fueron domesticados en las estepas al norte del Cáucaso y se extendieron por Asia y Europa

- Un estudio genético internacional con participación del CSIC determina el origen de la domesticación del caballo moderno
- El estudio ha secuenciado el genoma de 273 restos de caballos que poblaron diversas regiones de Eurasia en un arco que se extiende entre los 50.000 y los 200 años a.C.



Manada de caballos en las estepas de Mongolia, China / Ludovic Orlando.

Un estudio genético internacional con participación del CSIC ha determinado que los caballos de los que descienden todos los caballos domésticos actuales se domesticaron en las estepas del norte del Cáucaso y desde ahí se extendieron a otras regiones de Asia y Europa. Los resultados se publican en la revista Nature.

Este trabajo es el mayor estudio genético realizado hasta el momento. En él han participado investigadores de la Institución Milá y Fontanals (IMF) y del Instituto de Arqueología (IAM), del CSIC, junto a científicos del Museo de la Evolución Humana (MEH), la Facultad de Veterinaria de la Universidad de Extremadura (UEX), el Centro Mixto UCM-ISCIII de Evolución y Comportamientos Humanos de Madrid, el Laboratorio de Arqueología Prehistórica de la Universidad Jaume I de Castellón (UJI) y de la Facultad de Ciencias Geológicas de la Universidad Complutense de Madrid (UCM).

“Con este estudio se pone fin a un largo debate en torno al lugar y la cronología en la que se documentan las primeras evidencias de domesticación de los caballos que originaron a las poblaciones actuales”, según subrayan los investigadores, “así como a las preguntas sobre el momento en el que este proceso de domesticación comenzó a extenderse a otras regiones del planeta, sustituyendo a otros tipos de caballos existentes en aquel momento”.

Para llegar a esta conclusión ha hecho falta un equipo compuesto por 114 instituciones y 162 investigadores especializados en arqueología, paleogenética y lingüística, liderados por el profesor **Ludovic Orlando**, investigador del CNRS e investigador principal del Proyecto ERC-Pegasus, encargado junto al France Genomique - proyecto Bucéphale, de la financiación de la investigación.

El estudio ha incluido la secuenciación del genoma de 273 restos de caballos que poblaron diversas regiones de Eurasia en un arco cronológico que se extiende entre los 50.000 y los 200 años a.C. Toda la información genética ha sido secuenciada en el Centre for Anthropobiology and Genomics of Toulouse, CAGT (CNRS / Universidad de Toulouse III – Paul Sabatier) y Genoscope (CNRS / CEA/Universidad de Evry), antes de ser comparada con los genomas de los caballos domésticos modernos.

Gracias a la amplia batería de análisis estadísticos realizados, ha podido constatarse que entre el 2200 y el 2000 a.C. se produjo un drástico cambio en el cual el perfil genético existente en las estepas pónicas comenzó a extenderse más allá de su región de origen, reemplazando en unos pocos siglos a todas las poblaciones de caballos salvajes desde el Atlántico hasta Mongolia.

Según **L. Orlando**: “Se ha visto que este reemplazamiento en la composición genética de las poblaciones euroasiáticas está asociado a diferencias genómicas significativas entre este nuevo tipo de caballo y los caballos de las poblaciones que desaparecieron. Por un lado, este nuevo tipo de caballo procedente de las estepas del norte del Cáucaso **tenía un comportamiento más dócil y, por otro lado, una constitución más robusta en el esqueleto vertebral**”. Los investigadores han sugerido que estas características fueron el detonante del éxito en la selección de estos animales, en un momento en el que los viajes con caballos empezaron a generalizarse por Eurasia.

Según **Pablo Librado** (CNRS), primer autor de esta investigación: “Este estudio ha puesto de manifiesto que **la distribución de este nuevo tipo de caballo por Asia coincide con la aparición de los carros ligeros y con la difusión de las lenguas indoiránicas**. Por el contrario, la migración de las poblaciones indoeuropeas desde la zona de las estepas al corazón de Europa durante el 3er milenio a.C., no tuvo a este nuevo tipo de caballo

como vector de su expansión. Este resultado demuestra la importancia de incorporar también la historia genética de los animales cuando se analiza la dimensión de las migraciones humanas y los contactos interculturales”.

Yacimientos en la península ibérica

Entre los individuos analizados se encuentran équidos procedentes de diversos yacimientos de la península ibérica, entre los que destacan Casas del Turuñuelo (Guareña, Badajoz) y Cova Fosca (Alto Maestrazgo, Castelló). Cova Fosca fue excavada por **Francesc Gusi** y **Carmen Olaria**. Según Olaria, catedrática de Prehistoria de la UIJ y coautora de este estudio: “Cova Fosca tiene un registro arqueozoológico holoceno muy rico. Pudimos identificar restos de caballo en niveles del Neolítico antiguo, un taxón muy raro de encontrar en los yacimientos ibéricos de esta época. Esta singularidad nos permitió publicar hace años junto a **Jaime Lira Garrido** y **Juan Luis Arsuaga** las primeras secuencias mitocondriales de caballos de este lugar.”

Según J.L. Arsuaga, director científico del MEH, catedrático de Paleontología UCM, director del Centro Mixto UCM-ISCIH y coautor de este estudio: “En Cova Fosca encontramos un linaje mitocondrial único y exclusivo de Iberia que en la actualidad aparece en muy pocos caballos, todos ibéricos o de origen ibérico. En este nuevo estudio pretendíamos desvelar los secretos genómicos de Cova Fosca”

Uno de los mayores sacrificios del Mediterráneo antiguo

Casas del Turuñuelo es uno de los descubrimientos más impactantes de la arqueología peninsular de los últimos años. Sus excavaciones se desarrollan bajo un proyecto dirigido desde el IAM-CSIC y están siendo codirigidas por **Esther Rodríguez González** y **Sebastián Celestino**, también investigadores del IAM-CSIC. Según Esther Rodríguez González, coautora de este nuevo estudio, “el Turuñuelo es un complejo arquitectónico de mediados del I milenio a. C. perteneciente a la cultura de Tarteso, donde hemos encontrado la mayor hecatombe documentada hasta la fecha en un yacimiento de la protohistoria mediterránea. Este sacrificio masivo destaca por la gran cantidad de équidos que se han diferenciado en el patio de este lugar. Para este estudio seleccionamos al Équido 4”.

Según afirma Sebastián Celestino, también coautor de esta investigación, “alrededor del Turuñuelo se ha creado un equipo multidisciplinar de especialistas de las Humanidades y las Biociencias que están generando un intercambio constante de información y de ideas, ofreciendo un gran enfoque multidisciplinar al estudio de este yacimiento”.

Entre las líneas de investigación del proyecto Construyendo Tarteso, destaca el estudio genético de estos équidos sacrificados, del que se encarga Lira Garrido (UEx/Centro Mixto UCM-ISCIH) y coautor de este estudio: “Este último trabajo dirigido por el profesor Orlando ha permitido, además, profundizar en la historia evolutiva de los caballos ibéricos. En un estudio anterior, Orlando y su equipo descubrieron que en la península ibérica se desarrolló un linaje genómico ahora extinto y muy diferente del resto de linajes de caballos euroasiáticos antiguos y modernos descritos hasta la fecha. El origen evolutivo de este linaje y las causas que llevaron a su desaparición, todavía no las

conocemos. Sin embargo, hemos podido identificar en la muestra neolítica de Cova Fosca las evidencias más antiguas de este linaje extinto y que el Équido 4 del Turuñuelo era, sin embargo, descendiente de este nuevo tipo de caballo que se distribuyó tan rápidamente por el mundo conocido hace ~4000 años”.

Este estudio ha sido financiado principalmente por el European Research Council (proyecto Pegaus) y France Genomique (proyecto Bucéphale).

Librado, P., (...), Orlando, Ludovic. **The origins and spread of domestic horses from the Western Eurasian steppes.** *Nature*. DOI: 10.1038/s41586-021-04018-9

CSIC Comunicación Andalucía y Extremadura