Estudio que revela conexión genética entre Rapa Nui y Hawái

Una investigación internacional con participación del profesor de la Universidad de Chile Mauricio Moraga revela que las poblaciones fundadoras de ambas islas, separadas por unos 7.000 kilómetros, compartían antepasados comunes vinculados a Mangareva, una isla de la Polinesia Francesa. A través del análisis del ADN, el estudio reconstruye parte de las extraordinarias travesías de los antiguos navegantes polinesios y aporta nuevos antecedentes sobre variantes genéticas relevantes para la salud.

Siete mil kilómetros de océano separan a Rapa Nui de Hawái. Sin embargo, cuando un equipo internacional de científicos siguió las huellas que antiguas poblaciones polinesias dejaron escritas en su ADN, encontró algo inesperado: entre las comunidades de las islas más remotas estudiadas, **ambas aparecen como las más estrechamente relacionadas genéticamente**.

El hallazgo forma parte de una investigación publicada este 8 de octubre en la revista *Science*, que **además protagoniza la portada de esta prestigiosa publicación científica internacional**. El estudio analizó información genómica de 1.050 personas de distintas poblaciones de la Polinesia e incorporó datos de Rapa Nui, hawaianos nativos, Samoa y Tonga. Sus resultados sugieren que **las poblaciones fundadoras de Rapa Nui y Hawái procedían de un mismo grupo ancestral de navegantes, cuyas raíces más antiguas se remontan a Mangareva**, en la actual Polinesia Francesa.

La investigación fue desarrollada por un equipo internacional con participación de la Universidad de California en San Diego

(UC San Diego), a través de su Facultad de Ciencias Sociales, y de otras instituciones estadounidenses. Entre sus autores se encuentra **Mauricio Moraga**, profesor del **Núcleo Interdisciplinario de Biología y Genética** del **Instituto de Ciencias Biomédicas** de la **Facultad de Medicina** y del **Departamento de Antropología** de la **Facultad de Ciencias Sociales** de la Universidad de Chile.

“El estudio muestra que Rapa Nui y Hawai‘i tienen una afinidad genética especialmente estrecha, pese a estar separadas por unos siete mil kilómetros. Los resultados sugieren que sus poblaciones fundadoras procedían de una misma población ancestral vinculada a Mangareva”, explica el profesor Moraga.

Para el investigador, el resultado permite mirar a Rapa Nui ya no como un punto aislado en medio del Pacífico, sino como parte de una historia mucho más extensa de desplazamientos humanos.

“Comprender la historia de Rapa Nui permite conectar su poblamiento con el del extremo opuesto del territorio polinesio. El trabajo refuerza la ruta de llegada vía Mangareva propuesta en 2021 y **agrega una pieza fundamental: la conexión con los fundadores de Hawai‘i**”, agrega.

Una travesía escrita en el ADN

Mucho antes de la existencia de brújulas, motores o sistemas satelitales de navegación, **pueblos polinesios atravesaron miles de kilómetros de mar abierto orientándose a partir de conocimientos acumulados sobre las estrellas, las corrientes, las aves, las nubes y el océano.**

La nueva investigación encuentra en los genomas de sus descendientes otra evidencia de la magnitud de esas expediciones. **Los investigadores observaron segmentos de ADN compartidos entre poblaciones actuales que permiten reconstruir parte de aquel proceso de poblamiento.**

En particular, distintos análisis muestran que **Hawái comparte su mayor afinidad genética con Rapa Nui y, luego, con Mangareva**. Uno de ellos examina segmentos cromosómicos heredados de antepasados comunes y vuelve a ubicar a Rapa Nui como la población más próxima genéticamente a Hawái entre las islas comparadas.

Los autores plantean como explicación más simple que ambas islas fueron pobladas por navegantes pertenecientes a un mismo grupo ancestral especializado en viajes de enorme distancia. A esa tradición hipotética de exploración la denominan **Holomoana Nui**, expresión traducida en el estudio como "gran navegación oceánica".

El profesor Moraga advierte, eso sí, que la genética permite reconstruir relaciones entre poblaciones, pero no el itinerario de una embarcación determinada. **"Las poblaciones de ambas islas comparten segmentos de ADN heredados de antepasados comunes. La interpretación que se propone es que sus fundadores pertenecían a una población ancestral estrechamente relacionada, de la cual partieron grupos que alcanzaron destinos muy distantes**", señala.

Y precisa: "La conexión genética respalda ese origen compartido, aunque no permite reconstruir expediciones específicas ni afirmar que los mismos individuos llegaron a ambas islas".

En tanto, para **Keolu Fox, profesor asociado de Antropología de la Universidad de California en San Diego (UC San Diego)** y uno de los investigadores responsables del estudio, los resultados también representan un reconocimiento a los conocimientos y las capacidades de navegación de los pueblos polinesios.

"Es extraordinario poder decir que nuestros logros como pueblos navegantes han moldeado nuestros genomas a lo largo del tiempo. Y que esto sea reconocido en la portada de *Science* es profundamente significativo", destacó Fox en el comunicado

oficial de la investigación.

De isla en isla: una especie de “muñeca rusa” genética

El estudio también permite entender qué ocurre genéticamente cuando pequeños grupos humanos abandonan una población para fundar otra.

Cada grupo lleva consigo solo una parte de la diversidad genética existente en su comunidad de origen. Si, generaciones después, algunas personas de esa nueva población parten para poblar otra isla, vuelven a transportar solamente una fracción de aquella diversidad.

El comunicado oficial de la investigación compara este fenómeno con **una serie de muñecas rusas: cada nueva población contiene un subconjunto más pequeño de la diversidad genética anterior.**

Es lo que en genética se conoce como **efecto fundador**. Y en el poblamiento polinesio no ocurrió una sola vez, sino repetidamente.

El estudio concluye que **las poblaciones de la Polinesia oriental experimentaron efectos fundadores acumulativos extraordinariamente intensos**. Rapa Nui y Hawái se encuentran entre las poblaciones con mayores señales de estos procesos, que fueron considerablemente más pronunciados que los observados en otros grupos fundadores ampliamente estudiados, como la población finlandesa.

“Cuando pocas personas fundan una población, llevan consigo solo una parte de la diversidad genética de su lugar de origen. Por azar, algunas variantes raras pueden volverse frecuentes en sus descendientes”, explica Mauricio Moraga.

“Si este proceso se repite durante el poblamiento secuencial de varias islas, sus efectos pueden acumularse: eso es lo que llamamos efectos fundadores sucesivos”, agrega el investigador

de la U. de Chile.

Lo que esta historia también puede contar sobre la salud

Ese proceso demográfico tiene consecuencias que van mucho más allá de reconstruir antiguas rutas por el Pacífico.

El equipo identificó en la Polinesia Francesa tres variantes genéticas asociadas a enfermedades autosómicas recesivas, es decir, que pueden manifestarse cuando una persona hereda una copia de la variante de cada progenitor, y que aparecen con frecuencias relativamente altas. **Entre ellas se encuentra una variante del gen FAN1, vinculada a una enfermedad renal poco frecuente que puede provocar insuficiencia renal.** La variante supera el 1% de frecuencia en la cohorte estudiada, pero no aparece registrada en gnomAD, una de las mayores bases de datos genómicos del mundo.

El resultado expone también un problema de la medicina genómica actual: muchas poblaciones indígenas y del Pacífico siguen estando poco representadas en las grandes bases internacionales.

“Conocer estas variantes permite orientar mejor el diagnóstico, la detección de portadores y el asesoramiento genético. También muestra por qué es necesario incluir a las poblaciones polinesias en las grandes bases de datos genómicas”, explica el profesor Moraga.

Pero el investigador recalca una diferencia importante: **estos resultados clínicos provienen de la Polinesia Francesa y no pueden trasladarse automáticamente a Rapa Nui**.

“Para Rapa Nui, las frecuencias y los riesgos deben estudiarse directamente, porque los resultados clínicos de la Polinesia Francesa no pueden extrapolarse automáticamente a la población rapanui”, advierte.

Una historia que sigue sumando piezas

Para el académico Mauricio Moraga, el nuevo trabajo se inserta en una línea de investigación que durante los últimos años ha ido afinando la reconstrucción genética del poblamiento del Pacífico.

Un estudio publicado en 2021 ya había propuesto que Rapa Nui fue poblada aproximadamente hacia el año 1200 a través de una expansión vinculada a Mangareva. Investigaciones anteriores también habían aportado evidencia de contactos entre poblaciones polinesias y americanas anteriores al poblamiento de Rapa Nui.

La nueva publicación agrega ahora otro elemento: la estrecha conexión genética con los fundadores de Hawái. **“Rapa Nui aparece cada vez más claramente integrada en una extensa historia de exploración y de conexiones oceánicas”,** resume Moraga.

Su participación en el nuevo estudio se concentró precisamente en interpretar los resultados a la luz de esa historia genética y de investigaciones anteriores desarrolladas junto a la población rapanui. **“Mi participación en esta investigación se centró en colaborar en la discusión y la interpretación de los resultados, especialmente en su relación con la historia genética de Rapa Nui y con los hallazgos de trabajos anteriores en los que también participé”**, explica el profesor.

Y añade: “Es una contribución que refleja la continuidad de una colaboración internacional y muestra cómo el conocimiento acumulado en nuestra Universidad puede contribuir a la interpretación de nuevos datos genómicos”.

La investigación, titulada *Message in a bottleneck: Nested founder effects from French Polynesia to Rapa Nui and Hawai‘i*, fue publicada en la revista *Science* el 8 de octubre de 2026 y es destacada en la portada de su edición de esta semana.