

Alda Rocío Ortiz Muñiz
(Organizadora)



ESTUDOS EM CIÊNCIAS BIOLÓGICAS E SUAS TECNOLOGIAS

VOL II

 EDITORA
ARTEMIS
2026

Alda Rocío Ortiz Muñiz
(Organizadora)



ESTUDOS EM CIÊNCIAS BIOLÓGICAS E SUAS TECNOLOGIAS

VOL II



**EDITORA
ARTEMIS**

2026



O conteúdo deste livro está licenciado sob uma Licença de Atribuição Creative Commons Atribuição-Não-Comercial NãoDerivativos 4.0 Internacional (CC BY-NC-ND 4.0). Direitos para esta edição cedidos à Editora Artemis pelos autores.

Permitido o download da obra e o compartilhamento, desde que sejam atribuídos créditos aos autores, e sem a possibilidade de alterá-la de nenhuma forma ou utilizá-la para fins comerciais.

A responsabilidade pelo conteúdo dos artigos e seus dados, em sua forma, correção e confiabilidade é exclusiva dos autores. A Editora Artemis, em seu compromisso de manter e aperfeiçoar a qualidade e confiabilidade dos trabalhos que publica, **conduz a avaliação cega pelos pares de todos manuscritos publicados, com base em critérios de neutralidade e imparcialidade acadêmica.**

Editora Chefe	Prof. ^a Dr. ^a Antonella Carvalho de Oliveira
Editora Executiva	M. ^a Viviane Carvalho Mocellin
Direção de Arte	M. ^a Bruna Bejarano
Diagramação	Elisangela Abreu
Organizadora	Prof. ^a Dr. ^a Alda Rocío Ortiz Muñiz
Imagem da Capa	mikkiorso/123RF
Bibliotecário	Maurício Amormino Júnior – CRB6/2422

Conselho Editorial

Prof.^a Dr.^a Ada Esther Portero Ricol, Universidad Tecnológica de La Habana “José Antonio Echeverría”, Cuba
Prof. Dr. Adalberto de Paula Paranhos, Universidade Federal de Uberlândia, Brasil
Prof. Dr. Agustín Olmos Cruz, Universidad Autónoma del Estado de México, México
Prof.^a Dr.^a Alda Rocío Ortiz Muñiz, Universidad Autónoma Metropolitana, México
Prof.^a Dr.^a Amanda Ramalho de Freitas Brito, Universidade Federal da Paraíba, Brasil
Prof.^a Dr.^a Ana Clara Monteverde, Universidad de Buenos Aires, Argentina
Prof.^a Dr.^a Ana Júlia Viamonte, Instituto Superior de Engenharia do Porto (ISEP), Portugal
Prof. Dr. Ángel Mujica Sánchez, Universidad Nacional del Altiplano, Peru
Prof.^a Dr.^a Angela Ester Mallmann Centenaro, Universidade do Estado de Mato Grosso, Brasil
Prof.^a Dr.^a Begoña Blandón González, Universidad de Sevilla, Espanha
Prof.^a Dr.^a Carmen Pimentel, Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Brasil
Prof.^a Dr.^a Catarina Castro, Universidade Nova de Lisboa, Portugal
Prof.^a Dr.^a Cirila Cervera Delgado, Universidad de Guanajuato, México
Prof.^a Dr.^a Cláudia Neves, Universidade Aberta de Portugal
Prof.^a Dr.^a Cláudia Padovesi Fonseca, Universidade de Brasília-DF, Brasil
Prof. Dr. Cleberton Correia Santos, Universidade Federal da Grande Dourados, Brasil
Dr. Cristo Ernesto Yáñez León – New Jersey Institute of Technology, Newark, NJ, Estados Unidos
Prof. Dr. David García-Martul, Universidad Rey Juan Carlos de Madrid, Espanha



Prof.^a Dr.^a Deuzimar Costa Serra, Universidade Estadual do Maranhão, Brasil
 Prof.^a Dr.^a Dina Maria Martins Ferreira, Universidade Estadual do Ceará, Brasil
 Prof.^a Dr.^a Edith Luévano-Hipólito, Universidad Autónoma de Nuevo León, México
 Prof.^a Dr.^a Eduarda Maria Rocha Teles de Castro Coelho, Universidade de Trás-os-Montes e Alto Douro, Portugal
 Prof. Dr. Eduardo Eugênio Spers, Universidade de São Paulo (USP), Brasil
 Prof. Dr. Eloi Martins Senhoras, Universidade Federal de Roraima, Brasil
 Prof.^a Dr.^a Elvira Laura Hernández Carballido, Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo, México
 Prof.^a Dr.^a Emilias Darlene Carmen Lebus, Universidad Nacional del Nordeste, Argentina
 Prof.^a Dr.^a Erla Mariela Morales Morgado, Universidad de Salamanca, Espanha
 Prof. Dr. Ernesto Cristina, Universidad de la República, Uruguay
 Prof. Dr. Ernesto Ramírez-Briones, Universidad de Guadalajara, México
 Prof. Dr. Fernando Hitt, Université du Québec à Montréal, Canadá
 Prof. Dr. Gabriel Díaz Cobos, Universitat de Barcelona, Espanha
 Prof.^a Dr.^a Gabriela Gonçalves, Instituto Superior de Engenharia do Porto (ISEP), Portugal
 Prof.^a Dr.^a Galina Gumovskaya – Higher School of Economics, Moscow, Russia
 Prof. Dr. Geoffroy Roger Pointer Malpass, Universidade Federal do Triângulo Mineiro, Brasil
 Prof.^a Dr.^a Gladys Esther Leoz, Universidad Nacional de San Luis, Argentina
 Prof.^a Dr.^a Glória Beatriz Álvarez, Universidad de Buenos Aires, Argentina
 Prof. Dr. Gonçalo Poeta Fernandes, Instituto Politécnico da Guarda, Portugal
 Prof. Dr. Gustavo Adolfo Juarez, Universidad Nacional de Catamarca, Argentina
 Prof. Dr. Guillermo Julián González-Pérez, Universidad de Guadalajara, México
 Prof. Dr. Håkan Karlsson, University of Gothenburg, Suécia
 Prof.^a Dr.^a Iara Lúcia Tescarollo Dias, Universidade São Francisco, Brasil
 Prof.^a Dr.^a Isabel del Rosario Chiyon Carrasco, Universidad de Piura, Peru
 Prof.^a Dr.^a Isabel Yohena, Universidad de Buenos Aires, Argentina
 Prof. Dr. Ivan Amaro, Universidade do Estado do Rio de Janeiro, Brasil
 Prof. Dr. Iván Ramon Sánchez Soto, Universidad del Bío-Bío, Chile
 Prof.^a Dr.^a Ivânia Maria Carneiro Vieira, Universidade Federal do Amazonas, Brasil
 Prof. Me. Javier Antonio Albornoz, University of Miami and Miami Dade College, Estados Unidos
 Prof. Dr. Jesús Montero Martínez, Universidad de Castilla - La Mancha, Espanha
 Prof. Dr. João Manuel Pereira Ramalho Serrano, Universidade de Évora, Portugal
 Prof. Dr. Joaquim Júlio Almeida Júnior, UniFIMES - Centro Universitário de Mineiros, Brasil
 Prof. Dr. Jorge Ernesto Bartolucci, Universidad Nacional Autónoma de México, México
 Prof. Dr. José Cortez Godinez, Universidad Autónoma de Baja California, México
 Prof. Dr. Juan Carlos Cancino Díaz, Instituto Politécnico Nacional, México
 Prof. Dr. Juan Carlos Mosquera Feijoo, Universidad Politécnica de Madrid, Espanha
 Prof. Dr. Juan Diego Parra Valencia, Instituto Tecnológico Metropolitano de Medellín, Colômbia
 Prof. Dr. Juan Manuel Sánchez-Yáñez, Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo, México
 Prof. Dr. Juan Porras Pulido, Universidad Nacional Autónoma de México, México
 Prof. Dr. Júlio César Ribeiro, Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Brasil



Prof. Dr. Leinig Antonio Perazolli, Universidade Estadual Paulista (UNESP), Brasil

Prof.ª Dr.ª Livia do Carmo, Universidade Federal de Goiás, Brasil

Prof.ª Dr.ª Luciane Spanhol Bordignon, Universidade de Passo Fundo, Brasil

Prof. Dr. Luis Fernando González Beltrán, Universidad Nacional Autónoma de México, México

Prof. Dr. Luis Vicente Amador Muñoz, Universidad Pablo de Olavide, Espanha

Prof.ª Dr.ª Macarena Esteban Ibáñez, Universidad Pablo de Olavide, Espanha

Prof. Dr. Manuel Ramiro Rodriguez, Universidad Santiago de Compostela, Espanha

Prof. Dr. Manuel Simões, Faculdade de Engenharia da Universidade do Porto, Portugal

Prof.ª Dr.ª Márcia de Souza Luz Freitas, Universidade Federal de Itajubá, Brasil

Prof. Dr. Marcos Vinicius Meiado, Universidade Federal de Sergipe, Brasil

Prof.ª Dr.ª Mar Garrido Román, Universidad de Granada, Espanha

Prof.ª Dr.ª Margarida Márcia Fernandes Lima, Universidade Federal de Ouro Preto, Brasil

Prof.ª Dr.ª María Alejandra Arecco, Universidad de Buenos Aires, Argentina

Prof.ª Dr.ª Maria Aparecida José de Oliveira, Universidade Federal da Bahia, Brasil

Prof.ª Dr.ª Maria Carmen Pastor, Universitat Jaume I, Espanha

Prof.ª Dr.ª Maria da Luz Vale Dias – Universidade de Coimbra, Portugal

Prof.ª Dr.ª Maria do Céu Caetano, Universidade Nova de Lisboa, Portugal

Prof.ª Dr.ª Maria do Socorro Saraiva Pinheiro, Universidade Federal do Maranhão, Brasil

Prof.ª Dr.ª MªGraça Pereira, Universidade do Minho, Portugal

Prof.ª Dr.ª Maria Gracinda Carvalho Teixeira, Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Brasil

Prof.ª Dr.ª María Guadalupe Vega-López, Universidad de Guadalajara, México

Prof.ª Dr.ª Maria Lúcia Pato, Instituto Politécnico de Viseu, Portugal

Prof.ª Dr.ª Maritza González Moreno, Universidad Tecnológica de La Habana, Cuba

Prof.ª Dr.ª Mauriceia Silva de Paula Vieira, Universidade Federal de Lavras, Brasil

Prof. Dr. Melchor Gómez Pérez, Universidad del Pais Vasco, Espanha

Prof.ª Dr.ª Ninfa María Rosas-García, Centro de Biotecnología Genómica-Instituto Politécnico Nacional, México

Prof.ª Dr.ª Odara Horta Boscolo, Universidade Federal Fluminense, Brasil

Prof. Dr. Osbaldo Turpo-Gebera, Universidad Nacional de San Agustín de Arequipa, Peru

Prof.ª Dr.ª Patrícia Vasconcelos Almeida, Universidade Federal de Lavras, Brasil

Prof.ª Dr.ª Paula Arcoverde Cavalcanti, Universidade do Estado da Bahia, Brasil

Prof. Dr. Rodrigo Marques de Almeida Guerra, Universidade Federal do Pará, Brasil

Prof. Dr. Saulo Cerqueira de Aguiar Soares, Universidade Federal do Piauí, Brasil

Prof. Dr. Sergio Bitencourt Araújo Barros, Universidade Federal do Piauí, Brasil

Prof. Dr. Sérgio Luiz do Amaral Moretti, Universidade Federal de Uberlândia, Brasil

Prof.ª Dr.ª Silvia Inés del Valle Navarro, Universidad Nacional de Catamarca, Argentina

Prof.ª Dr.ª Solange Kazumi Sakata, Instituto de Pesquisas Energéticas e Nucleares (IPEN)- USP, Brasil

Prof.ª Dr.ª Stanislava Kashtanova, Saint Petersburg State University, Russia

Prof.ª Dr.ª Susana Álvarez Otero – Universidad de Oviedo, Espanha

Prof.ª Dr.ª Teresa Cardoso, Universidade Aberta de Portugal

Prof.ª Dr.ª Teresa Monteiro Seixas, Universidade do Porto, Portugal

Prof. Dr. Valter Machado da Fonseca, Universidade Federal de Viçosa, Brasil

Prof.^a Dr.^a Vanessa Bordin Viera, Universidade Federal de Campina Grande, Brasil

Prof.^a Dr.^a Vera Lúcia Vasilévski dos Santos Araújo, Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Brasil

Prof. Dr. Wilson Noé Garcés Aguilar, Corporación Universitaria Autónoma del Cauca, Colômbia

Prof. Dr. Xosé Somoza Medina, Universidad de León, Espanha

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
(eDOC BRASIL, Belo Horizonte/MG)

E82 Estudos em Ciências Biológicas e suas Tecnologias II [livro eletrônico] / Organizadora Alda Rocío Ortiz Muñiz. – 1. ed. – Curitiba, PR: Editora Artemis, 2026.
il. color.

Formato: PDF

Requisitos de sistema: Adobe Acrobat Reader

Modo de acesso: World Wide Web

Edição bilingue.

Inclui bibliografia.

ISBN 978-65-82858-33-8

DOI 10.37572/EdArt_280926338

1. Ciências biológicas. 2. Biotecnologia. 3. Microbiologia. I. Ortiz Muñiz, Alda Rocío.

CDD 570

Elaborado por Maurício Amormino Júnior – CRB6/2422



PRÓLOGO

Las ciencias biológicas se caracterizan por una amplia diversidad de áreas de estudio que abarcan desde las moléculas, las células y los microorganismos hasta los procesos ecológicos y evolutivos. Esta diversidad permite abordar la complejidad de los sistemas vivos desde distintas escalas de análisis y establecer vínculos entre la investigación básica, el desarrollo biotecnológico, la salud, el ambiente y la reflexión sobre el conocimiento científico.

El segundo tomo de *Estudos em Ciências Biológicas e suas Tecnologias* reúne once capítulos que reflejan esta pluralidad de enfoques y perspectivas. Los trabajos presentan investigaciones experimentales y análisis conceptuales que exploran procesos biológicos, metodologías de estudio y aplicaciones tecnológicas en ámbitos como la biotecnología, los biomateriales, los productos naturales, la microbiología, el control biológico, la biorremediación y la evolución. En conjunto, las contribuciones muestran la diversidad de problemas y aproximaciones que caracterizan la investigación y la reflexión en las ciencias biológicas.

La obra se organiza en tres ejes temáticos que permiten articular los distintos campos de estudio y destacar las principales aportaciones de los capítulos.

El primer eje, **Biotecnología, biomateriales y aplicaciones de recursos naturales**, reúne investigaciones orientadas a la caracterización de recursos naturales, el desarrollo de materiales y la evaluación de sus propiedades biológicas. Los capítulos abordan la optimización de métodos de extracción de proteínas vegetales, la síntesis biogénica de nanopartículas de óxido de zinc mediante el uso de aceite de oliva, la evaluación citogenética de un extracto acuoso de *Taxodium mucronatum*, la elaboración de membranas de quitosano y alcohol polivinílico para el mantenimiento de células troncales mesenquimales y el estudio de la actividad antimicrobiana de aceites ozonizados. En conjunto, estos trabajos muestran distintas estrategias experimentales para el aprovechamiento de recursos naturales y el desarrollo de materiales y productos de interés biotecnológico y biomédico.

El segundo eje, **Microorganismos y estrategias de control biológico y remediación ambiental**, integra estudios sobre microorganismos, comunidades microbianas y materiales naturales en contextos agrícolas y ambientales. Las contribuciones incluyen la caracterización de una cepa bacteriana con capacidad para inhibir el crecimiento de hongos fitopatógenos, el análisis de poblaciones fúngicas y concentraciones de metales en aguas y suelos agrícolas, la evaluación de biomásas naturales para la remoción de cromo hexavalente y el estudio de la capacidad de

Trichoderma asperellum para remover un colorante sintético en solución acuosa. Estos trabajos exploran el potencial de los sistemas biológicos y de los recursos naturales en el control de organismos fitopatógenos y en el desarrollo de alternativas para la remoción de contaminantes.

El tercer eje, **Evolución biológica, origen del ser humano y conocimiento científico**, reúne dos capítulos que abordan cuestiones fundamentales sobre la evolución biológica, el origen del ser humano y la naturaleza del conocimiento científico. Uno de ellos examina la controversia entre evolución y creacionismo, así como los criterios epistemológicos que permiten distinguir las explicaciones científicas de otros tipos de planteamientos. El segundo aborda la cuestión de la existencia del primer ser humano. En conjunto, ambos trabajos incorporan una perspectiva reflexiva sobre la evolución, la interpretación de la evidencia y la construcción del conocimiento en las ciencias biológicas.

La integración de estos tres ejes permite reconocer las ciencias biológicas como un campo dinámico y diverso, en el que la investigación experimental, la innovación tecnológica, el estudio de los problemas ambientales y la reflexión sobre el conocimiento científico ofrecen distintas perspectivas para comprender los sistemas vivos. Los trabajos reunidos en esta obra muestran la amplitud de los temas que conforman este campo de conocimiento y la variedad de enfoques mediante los cuales se exploran sus preguntas y desafíos.

Esperamos que este volumen contribuya a la difusión del conocimiento científico, al intercambio académico entre investigadores y al fortalecimiento de nuevas perspectivas de estudio en las ciencias biológicas y sus tecnologías.

Dra. Alda Rocío Ortiz Muñiz

Universidad Autónoma Metropolitana

Unidad Iztapalapa, México

SUMÁRIO

BIOTECNOLOGÍA, BIOMATERIALES Y APLICACIONES DE RECURSOS NATURALES

CAPÍTULO 1..... 1

EVALUACIÓN DE MÉTODOS DE EXTRACCIÓN DE PROTEÍNA PARA HOJAS Y RAÍCES DE *Tecoma stans*

Eduardo Anaya Esteban

Mario Valera Zaragoza

Ariana Arlene Huerta Heredia

 https://doi.org/10.37572/EdArt_2809263381

CAPÍTULO 2..... 12

SÍNTESIS BIOGÉNICA DE NANOPARTÍCULAS DE ÓXIDO DE ZINC CON ACEITE DE OLIVA

Mario Valera-Zaragoza

Arely García-Gómez

Ariana Arlene Huerta-Heredia

 https://doi.org/10.37572/EdArt_2809263382

CAPÍTULO 3..... 21

EVALUACIÓN CITOGENÉTICA DEL EXTRACTO ACUOSO DE *Taxodium mucronatum* EN VICIA FABA MEDIANTE MICRONÚCLEOS

Saúl Flores-Maya

Ana Belén Palacios Loaeza

Martha Martínez-García

Erick Nolasco Ontiveros

Norberto Alarcón-Herrera

Paulina Abrica-González

 https://doi.org/10.37572/EdArt_2809263383

CAPÍTULO 4..... 38

MEMBRANAS A BASE QUITOSANO-ALCOHOL POLIVINÍLICO CON DIVERSAS TOPOGRAFÍAS PARA EL MANTENIMIENTO DE CÉLULAS TRONCALES MESENQUIMALES

David Alejandro Macías Martín

Francisco Josué Avelar Rodríguez

Zaira Yunuen Carvajal García

Flor Yohana Flores Hernández

 https://doi.org/10.37572/EdArt_2809263384

CAPÍTULO 5..... 50

USO DE ACEITES OZONIZADOS COMO AGENTES ANTIMICROBIANOS

Gloria Paulina Monterrubio-López

Ricardo Monterrubio-López

 https://doi.org/10.37572/EdArt_2809263385

MICROORGANISMOS Y ESTRATEGIAS DE CONTROL BIOLÓGICO Y REMEDIACIÓN AMBIENTAL

CAPÍTULO 6..... 59

***Kosakonia cowanii* Ch1 ISOLATED FROM MEXICAN CHILI POWDER REVEALS GROWTH INHIBITION OF PHYTOPATHOGENIC FUNGI**

Jacqueline González Espinosa

Yoali Fernanda Hernández Gómez

Yomaiko Javier Martínez

Francisco Javier Flores Gallardo

Juan Ramiro Pacheco Aguilar

Miguel Ángel Ramos López

Jackeline Lizzeta Arvizu Gómez

Carlos Saldaña Gutierrez

José Alberto Rodríguez Morales

María Carlota García Gutiérrez

Aldo Amaro Reyes

Erika Álvarez Hidalgo

Jorge Nuñez Ramírez

José Luis Hernández Flores

Juan Campos Guillén

 https://doi.org/10.37572/EdArt_2809263386

CAPÍTULO 7.....82

ANÁLISIS MICROBIOLÓGICO DE AGUAS Y SUELOS DE TIERRAS AGRÍCOLAS

Louisiana Ivonne Espinosa Pérez

Claudia Margarita Martínez Domínguez

Adriana Rodríguez Pérez
Juan Fernando Cárdenas González
Víctor Manuel Martínez Juárez
Ismael Acosta Rodríguez

 https://doi.org/10.37572/EdArt_2809263387

CAPÍTULO 8.....92

REMOCIÓN DE CROMO (VI) EN SOLUCIÓN ACUOSA POR DIFERENTES BIOMASAS NATURALES

Nancy C. Pacheco Castillo
Dalila del Socorro Contreras Briones
Adriana Rodríguez Pérez
Juan Fernando Cárdenas González
Víctor Manuel Martínez Juárez
Ismael Acosta Rodríguez

 https://doi.org/10.37572/EdArt_2809263388

CAPÍTULO 9..... 101

REMOCIÓN DE ROJO BÁSICO 46 MEDIANTE *Trichoderma asperellum* EN SOLUCIÓN ACUOSA

Esteban Montiel Palacios
David Antonio Moreno Medina
Veronica Arellano Solis
Jose Luis Gadea Pacheco
Angie Nicole Rios López

 https://doi.org/10.37572/EdArt_2809263389

EVOLUCIÓN BIOLÓGICA, ORIGEN DEL SER HUMANO Y CONOCIMIENTO CIENTÍFICO

CAPÍTULO 10..... 109

¿EVOLUCIÓN O CREACIÓN? DARWIN, CREACIONISMO Y LOS LÍMITES DE LA CONTROVERSI CIENTÍFICA

Humberto Álvarez Sepúlveda

 https://doi.org/10.37572/EdArt_28092633810

CAPÍTULO 11..... 121

¿EXISTIÓ EL PRIMER SER HUMANO? EL PROBLEMA DE BUSCAR UN «ADÁN BIOLÓGICO»

Humberto Álvarez Sepúlveda

 https://doi.org/10.37572/EdArt_28092633811

SOBRE A ORGANIZADORA.....133

ÍNDICE REMISSIVO134

CAPÍTULO 11

¿EXISTIÓ EL PRIMER SER HUMANO? EL PROBLEMA DE BUSCAR UN «ADÁN BIOLÓGICO»

Data de submissão: 26/08/2026

Data de aceite: 10/09/2026

Humberto Álvarez Sepúlveda

Universidad Católica de la
Santísima Concepción
Concepción – Chile

<https://orcid.org/0000-0001-5729-3404>

PALABRAS CLAVE: evolución humana; Homo sapiens; especiación; paleoantropología; genética de poblaciones.

**DID THE FIRST HUMAN BEING EXIST?
THE PROBLEM OF SEARCHING FOR A
«BIOLOGICAL ADAM»**

ABSTRACT: This chapter critically examines the question of the existence of a “first human” from the perspectives of evolutionary biology, paleoanthropology, and population genetics. The analysis is organized around three main themes: the gradual and population-based nature of evolution; the difficulties in establishing a precise boundary between Homo sapiens and its ancestors; and the significance of genetic concepts such as “Mitochondrial Eve” and “Y-chromosomal Adam”. Methodologically, it relies on a scoping review of specialized literature, developed from a qualitative-interpretive approach and using a narrative topic design. It argues that searching for an individual who was the first human confuses current taxonomic categories with the continuity of evolutionary processes. In conclusion, Homo sapiens has an identifiable evolutionary origin in population terms, but the available evidence does not allow us to transform that process into the biography of a first human individual.

KEYWORDS: human evolution; Homo sapiens; speciation; paleoanthropology; population genetics.

RESUMEN: Este capítulo examina críticamente la pregunta por la existencia de un «primer ser humano» desde la biología evolutiva, la paleoantropología y la genética de poblaciones. El análisis se organiza en tres ejes: el carácter gradual y poblacional de la evolución; las dificultades para establecer una frontera precisa entre Homo sapiens y sus antepasados; y el significado de conceptos genéticos como «Eva mitocondrial» y «Adán cromosómico-Y». Metodológicamente, se sustenta en una revisión de alcance de literatura especializada, desarrollada desde un enfoque cualitativo-interpretativo y mediante un diseño narrativo de tópico. Se sostiene que buscar un individuo que haya sido el primer humano confunde las categorías taxonómicas actuales con la continuidad de los procesos evolutivos. En conclusión, Homo sapiens posee un origen evolutivo identificable en términos poblacionales, pero la evidencia disponible no permite convertir ese proceso en la biografía de un primer individuo humano.

1. INTRODUCCIÓN

Pocas preguntas sobre la evolución humana parecen tan sencillas como preguntar quién fue el primer ser humano. Si todas las personas actuales pertenecen a la especie *Homo sapiens* y esta especie tuvo un origen, podría suponerse que en algún momento debió nacer el primer individuo que mereciera ser llamado humano. La intuición resulta poderosa porque estamos acostumbrados a pensar los comienzos mediante acontecimientos definidos: una persona nace en una fecha determinada, una ciudad es fundada en un momento concreto y una institución comienza formalmente su existencia. Sin embargo, trasladar esa lógica a la evolución biológica genera un problema. Las especies no suelen aparecer de manera instantánea y la evolución no transforma de pronto a un progenitor de una especie en un descendiente perteneciente inequívocamente a otra. Por el contrario, las poblaciones acumulan cambios heredables a lo largo de numerosas generaciones (Darwin, 2009; Futuyma y Kirkpatrick, 2017).

El problema se vuelve particularmente interesante en el caso de nuestra propia especie. La paleoantropología reconoce actualmente a *Homo sapiens* como una especie surgida en África hace aproximadamente 300.000 años, pero esta afirmación no significa que exista un fósil correspondiente al «primer humano». Los restos de Jebel Irhoud, en Marruecos, datados en aproximadamente 315 ± 34 mil años, presentan una combinación de rasgos: su morfología facial, mandibular y dental se aproxima a la de *Homo sapiens*, mientras que el neurocráneo conserva características más arcaicas (Hublin et al., 2017; Richter et al., 2017). Precisamente este mosaico muestra que aquello que denominamos anatomía humana moderna no necesariamente apareció como un conjunto completo en una única generación. La evidencia disponible favorece, por tanto, la interpretación de una transformación evolutiva prolongada antes que la hipótesis de un surgimiento repentino de nuestra especie.

La dificultad aumenta porque tampoco existe una característica única cuya aparición permita identificar inequívocamente al primer humano. El bipedismo es muchísimo más antiguo que *Homo sapiens*; la fabricación de herramientas antecede ampliamente a nuestra especie; el aumento del volumen cerebral ocurrió gradualmente; y diversas conductas complejas poseen historias evolutivas diferentes. La evolución humana se asemeja, por ello, menos a la instalación simultánea de un conjunto de atributos que a un mosaico cuyos componentes aparecieron y se transformaron en momentos distintos. Incluso características consideradas emblemáticamente humanas pueden encontrarse, en grados diferentes, entre otros homínidos. La imagen tradicional de una sucesión lineal que conduce inevitablemente desde un antepasado simiesco hasta el humano moderno

ha sido reemplazada por un árbol evolutivo ramificado en el que coexistieron diferentes especies y poblaciones humanas (Stringer, 2016).

Esta cuestión obliga además a diferenciar entre dos preguntas que suelen confundirse: cuándo podemos reconocer retrospectivamente a los primeros representantes de *Homo sapiens* y si existió un individuo biológicamente delimitable como «el primer humano». La primera pertenece legítimamente a la paleoantropología y puede abordarse mediante fósiles, dataciones, genética y arqueología. La segunda presupone una frontera individual que quizá nunca existió en la naturaleza. Los conceptos de especie permiten clasificar organismos y reconstruir linajes, pero sus límites temporales pueden resultar difusos cuando se observa una transformación evolutiva continua. Como ha señalado De Queiroz (2007), distintos criterios utilizados para delimitar especies capturan propiedades que pueden aparecer en diferentes momentos durante la divergencia de linajes. Por consiguiente, la clasificación taxonómica no debe confundirse automáticamente con un acontecimiento biológico instantáneo.

En este contexto, el presente ensayo busca responder a la siguiente interrogante: ¿Tiene sentido científico hablar de un «primer ser humano» individual o el origen de *Homo sapiens* debe entenderse como un proceso gradual y poblacional en el que resulta imposible establecer una frontera generacional absoluta?. Para responder a esta pregunta, la discusión se organiza en tres ejes complementarios. En primer lugar, se examina por qué la evolución y la especiación dificultan la búsqueda de un primer individuo humano. En segundo término, se analizan los fósiles y modelos actuales sobre el origen africano de *Homo sapiens*. Finalmente, se estudia por qué la denominada «Eva mitocondrial» y los ancestros del cromosoma Y no constituyen una pareja primordial ni equivalen a los primeros seres humanos.

2. METODOLOGÍA

Este ensayo se sustenta en una revisión de alcance de literatura especializada, siguiendo los lineamientos generales formulados por Arksey y O'Malley (2005) y por Tricco et al. (2018). Esta modalidad resulta pertinente porque el problema del «primer ser humano» atraviesa campos que utilizan evidencias y escalas de análisis diferentes: biología evolutiva, filosofía de la biología, paleoantropología, taxonomía, genética de poblaciones y arqueología prehistórica. El propósito no consiste en realizar un metaanálisis ni establecer una fecha exacta para la aparición del primer *Homo sapiens*, sino identificar las principales evidencias utilizadas para reconstruir el origen de nuestra especie y analizar qué permiten afirmar realmente acerca de la posibilidad de individualizar un comienzo biológico.

La búsqueda bibliográfica consideró literatura especializada disponible en bases de datos y repositorios académicos, principalmente Web of Science, Scopus, PubMed y Google Scholar, con especial atención a artículos revisados por pares, obras de síntesis sobre evolución y trabajos paleoantropológicos y genéticos de referencia. Se privilegiaron investigaciones relacionadas con el concepto de especie y la especiación; el registro fósil africano del Pleistoceno medio; los modelos sobre el origen de *Homo sapiens*; y la reconstrucción de ancestros comunes mediante ADN mitocondrial y cromosoma Y. Entre los trabajos centrales se encuentran De Queiroz (2007), Stringer (2016), Hublin et al. (2017), Scerri et al. (2018) y Ragsdale et al. (2023), complementados por estudios genéticos clásicos como Cann et al. (1987) y Poznik et al. (2013).

Los principales descriptores utilizados fueron *human evolution*, *origin of Homo sapiens*, *first human*, *speciation*, *species concept*, *Jebel Irhoud*, *African origin of Homo sapiens*, *population structure*, *mitochondrial Eve*, *Y-chromosomal Adam* y *human common ancestor*. La selección privilegió trabajos capaces de aportar información sobre cuatro dimensiones: mecanismos de cambio evolutivo; criterios empleados para reconocer especies; cronología y distribución de los primeros fósiles atribuidos a *Homo sapiens*; y significado genealógico de los ancestros comunes reconstruidos mediante marcadores genéticos. Se excluyeron interpretaciones que identifican personajes religiosos con individuos paleogenéticos sin proporcionar argumentos biológicos susceptibles de evaluación científica.

El corpus fue organizado mediante un enfoque cualitativo-interpretativo y un diseño narrativo de tópico articulado en tres categorías analíticas. La primera, continuidad evolutiva y delimitación de especies, examina por qué una especie puede poseer un origen histórico sin requerir un primer individuo inequívocamente diferente de sus progenitores. La segunda, origen poblacional de *Homo sapiens*, contrasta el registro fósil con los modelos que sitúan la evolución de nuestra especie dentro de poblaciones africanas conectadas. La tercera, genealogía genética y ancestros comunes, analiza las interpretaciones de la Eva mitocondrial y de los ancestros patrilineales. Esta organización permite avanzar desde el problema conceptual hacia sus manifestaciones fósiles y genéticas.

Por último, la revisión adopta una precaución interpretativa fundamental: distinguir entre categorías científicas legítimas y representaciones excesivamente literales de esas categorías. Afirmar que *Homo sapiens* apareció aproximadamente hace 300.000 años no significa que un individuo perteneciente a otra especie engendrara súbitamente un hijo idéntico a nosotros. Del mismo modo, reconstruir el ancestro común más reciente de determinados segmentos del genoma no equivale a identificar a la primera mujer o

al primer hombre. Por esta razón, es necesario distinguir entre el origen de una especie, su delimitación taxonómica, el ancestro genealógico y el ancestro genético, nociones estrechamente relacionadas, pero conceptualmente diferentes. En esta distinción radica, precisamente, el núcleo epistemológico del problema.

3. DE PADRES NO HUMANOS A HIJOS HUMANOS: LA PARADOJA DEL PRIMER INDIVIDUO

Imagínese una cadena genealógica hipotética que retrocede desde una persona actual durante cientos de miles de generaciones. Cada individuo tuvo progenitores biológicamente muy semejantes a él y sus hijos fueron igualmente semejantes. No obstante, si el recorrido retrocede millones de años, se llega finalmente a organismos que nadie clasificaría como *Homo sapiens*. Aparece entonces una paradoja: si en cada generación padres e hijos fueron casi indistinguibles, ¿en qué generación desaparece el humano y aparece el antepasado no humano? La respuesta proporcionada por la evolución es que no necesariamente existe una generación privilegiada. Pequeñas diferencias acumuladas durante periodos prolongados pueden producir grandes divergencias sin que ninguna transición generacional particular constituya una ruptura biológica absoluta (Futuyma y Kirkpatrick, 2017).

Un ejemplo cotidiano ayuda a comprender el problema. Entre el rojo y el amarillo puede construirse un gradiente con miles de tonalidades. Los extremos resultan claramente diferentes, aunque entre dos tonalidades inmediatamente contiguas sea imposible establecer una frontera natural indiscutible. La evolución temporal de un linaje puede plantear una dificultad semejante. Dos poblaciones separadas por cientos de miles de años pueden presentar diferencias suficientes para recibir denominaciones taxonómicas distintas, mientras que los individuos pertenecientes a generaciones sucesivas continúan siendo extremadamente parecidos. La analogía no pretende reducir la especiación a un cambio cromático, sino mostrar que una diferencia reconocible entre extremos no exige una discontinuidad equivalente entre cada estado intermedio.

El concepto biológico de especie, asociado especialmente a Mayr (1999), enfatiza la capacidad de las poblaciones para reproducirse entre sí y su aislamiento reproductivo respecto de otros grupos. Sin embargo, aplicarlo al registro fósil resulta problemático porque no podemos observar directamente si dos individuos muertos hace cientos de miles de años podían producir descendencia fértil. Además, como plantean Tagore y Akey (2024), la evidencia genética ha demostrado que linajes humanos reconocidos como diferentes pudieron intercambiar genes. La evidencia genómica demuestra

episodios de flujo génico entre poblaciones de humanos modernos, neandertales y denisovanos, mostrando que la historia evolutiva humana incluye separación, contacto e hibridación. En consecuencia, las especies no siempre funcionan como compartimentos completamente impermeables y la propia delimitación taxonómica depende de qué evidencias y conceptos se utilicen.

De Queiroz (2007) propone entender las especies fundamentalmente como linajes de metapoblaciones que evolucionan separadamente, mientras que propiedades como el aislamiento reproductivo, la diferenciación morfológica o la monofilia pueden considerarse evidencias adquiridas durante el proceso de divergencia. Esta perspectiva resulta especialmente útil para el problema del primer humano. Una población ancestral puede ir diferenciándose durante miles de generaciones hasta que, observada retrospectivamente, una parte posterior de ese linaje sea clasificada como *Homo sapiens*. A pesar de ello, exigir que el primer individuo clasificado de esa manera haya sido radicalmente distinto de sus padres transforma una categoría aplicada a linajes históricos en una frontera que la evolución no necesita producir.

Por ello, la pregunta «¿quién fue el primer humano?» contiene una presuposición discutible. Existieron seres humanos tempranos, y tiene sentido investigar las poblaciones más antiguas que pueden atribuirse razonablemente al linaje de *Homo sapiens*. Lo problemático es convertir esa afirmación poblacional en la existencia necesaria de un individuo inaugural. Ninguna madre perteneciente inequívocamente a una especie ancestral tuvo que dar a luz repentinamente a un bebé que cruzara por sí solo una frontera taxonómica. La evolución modifica poblaciones a través del tiempo, no etiquetas individuales de una generación a la siguiente. El «primer humano» se vuelve así comparable a una línea dibujada por el observador sobre un proceso continuo: útil para clasificar, pero potencialmente engañosa cuando se interpreta como una ruptura ocurrida literalmente en la naturaleza.

4. UN ORIGEN SIN INSTANTE: LOS PRIMEROS HOMO SAPIENS DE ÁFRICA

El registro fósil permite observar materialmente esta dificultad. Durante buena parte del siglo XX, el origen de *Homo sapiens* fue presentado con frecuencia como un acontecimiento relativamente localizado en África oriental hace alrededor de 200.000 años. Los descubrimientos posteriores han vuelto más complejo ese panorama. Los fósiles de Jebel Irhoud (Marruecos) fueron datados en aproximadamente 315.000 años y atribuidos a una fase temprana del clado de *Homo sapiens*. Lo más significativo no es únicamente su antigüedad, sino su combinación anatómica: una cara relativamente

moderna coexistía con una morfología endocraneal más arcaica (Hublin et al., 2017; Richter et al., 2017). Por tanto, en lugar de mostrar un organismo en el que todos los rasgos modernos aparecieron simultáneamente, Jebel Irhoud documenta una evolución en mosaico.

Este ejemplo dificulta cualquier intento de elegir un fósil y proclamarlo «el primer humano». Los restos fósiles constituyen muestras extraordinariamente incompletas de poblaciones que ya poseían largas historias evolutivas. El fósil más antiguo conocido de una especie no equivale al primer individuo de esa especie, del mismo modo que el documento más antiguo conservado sobre una ciudad no coincide necesariamente con el primer día de su existencia. Nuevos descubrimientos pueden ampliar hacia atrás el intervalo conocido. De hecho, el reconocimiento de Jebel Irhoud desplazó sustancialmente la cronología que durante décadas había situado los primeros humanos anatómicamente modernos principalmente en África oriental. El registro fósil identifica poblaciones antiguas y combinaciones morfológicas; no conserva un certificado de nacimiento de nuestra especie.

La distribución geográfica de las evidencias ha modificado también la manera de imaginar nuestros orígenes. Scerri et al. (2018) cuestionaron los modelos excesivamente simples de un único lugar africano de origen y propusieron considerar poblaciones subdivididas distribuidas por diferentes regiones del continente, conectadas de manera variable mediante flujo génico. Bajo esta perspectiva, las características asociadas posteriormente con *Homo sapiens* pudieron formarse dentro de una red de poblaciones cuyos contactos variaron debido a transformaciones climáticas y ecológicas. El origen de nuestra especie sería, por tanto, un proceso panafricano complejo y no necesariamente la expansión de una pequeña población surgida súbitamente en un punto geográfico singular.

Investigaciones genómicas recientes han reforzado la necesidad de abandonar modelos excesivamente lineales sobre el origen de nuestra especie. Ragsdale et al. (2023), mediante modelos demográficos aplicados a genomas africanos, encontraron que determinados patrones de diversidad pueden explicarse a partir de poblaciones ancestrales débilmente estructuradas y conectadas por flujo génico durante cientos de miles de años. Estos resultados no implican que todos los aspectos del origen de *Homo sapiens* estén resueltos; por el contrario, persisten debates sobre la estructura, localización y relaciones entre las poblaciones ancestrales. Precisamente esta complejidad hace menos plausible concebir el origen de la humanidad como un cuello de botella constituido por una única pareja o por un individuo inaugural. La evidencia más reciente

ha profundizado esta perspectiva. Como señalan Jakobsson et al. (2026), el análisis de genomas antiguos del África austral aporta nuevas evidencias sobre la profundidad de la estructuración poblacional africana y refuerza la necesidad de comprender la evolución temprana de *Homo sapiens* a partir de historias demográficas complejas y no mediante el supuesto de una población ancestral homogénea y claramente delimitada.

La pregunta por el primer humano puede reformularse entonces de una manera científicamente más productiva. En lugar de preguntar «¿quién fue?», cabe preguntar cuándo y mediante qué procesos poblaciones ancestrales comenzaron a reunir las características que utilizamos para reconocer a *Homo sapiens*. Esta formulación permite investigar cambios craneales, dentales, genéticos, tecnológicos y conductuales sin exigir que todos aparezcan simultáneamente. La ciencia puede establecer intervalos cronológicos, comparar poblaciones, reconstruir relaciones filogenéticas y modificar clasificaciones ante nuevos descubrimientos. Lo que difícilmente puede proporcionar es el nombre – o siquiera el esqueleto – del individuo exacto en que «comenzó la humanidad», porque esa exigencia presupone una discontinuidad que el propio mecanismo evolutivo vuelve innecesaria.

5. EVA SIN ADÁN: LO QUE LOS ANCESTROS GENÉTICOS REALMENTE SIGNIFICAN

La genética introdujo otra imagen susceptible de interpretaciones equívocas: la denominada «Eva mitocondrial». Cann et al. (1987), al estudiar ADN mitocondrial de individuos pertenecientes a diferentes poblaciones, reconstruyeron un ancestro matrilineal común situado en África. La expresión alcanzó enorme difusión porque parecía proporcionar una sorprendente correspondencia entre genética y relato bíblico. No obstante, su significado biológico es muy distinto. La Eva mitocondrial no fue la primera mujer, no fue la única mujer de su época y no constituye necesariamente el antepasado genealógico femenino más reciente de todas las personas actuales. Es, más precisamente, la mujer de la cual descienden por una cadena ininterrumpida de madres todas las secuencias mitocondriales humanas actuales.

La diferencia puede comprenderse mediante un ejemplo genealógico. Una mujer puede tener numerosos descendientes durante siglos y, sin embargo, dejar de contribuir al linaje mitocondrial si en algún punto todas sus líneas de descendencia continúan exclusivamente a través de hijos varones. Sus genes nucleares pueden permanecer distribuidos entre miles de personas, aunque su ADN mitocondrial deje de transmitirse. Inversamente, otra mujer contemporánea puede mantener una línea materna ininterrumpida hasta el presente. Cuando las líneas mitocondriales se rastrean

hacia atrás, terminan coalesciendo en una mujer; pero alrededor de ella vivieron muchos otros hombres y mujeres que también fueron antepasados de personas actuales. La coalescencia de un marcador genético no representa, por consiguiente, el origen demográfico de la humanidad.

Una cuestión semejante ocurre con el popularmente denominado «Adán cromosómico-Y»: el ancestro común por línea exclusivamente paterna de los cromosomas Y conservados actualmente. Los estudios genéticos permiten estimar cuándo convergen esas líneas, pero sus resultados dependen de las muestras, tasas de mutación y modelos utilizados. Poznik et al. (2013), por ejemplo, estimaron mediante metodologías comparables intervalos de aproximadamente 120-156 mil años para el ancestro común del cromosoma Y y de 99-148 mil años para el ADN mitocondrial en su conjunto de análisis. Estas estimaciones han continuado refinándose con nuevos datos. Lo esencial es que ninguno de esos individuos representa al primer hombre o a la primera mujer de *Homo sapiens*, ya que son puntos de coalescencia de sistemas particulares de herencia.

Tampoco existe ninguna exigencia genética de que la Eva mitocondrial y el Adán cromosómico-Y hayan vivido juntos, se hayan conocido o formado una pareja. Sus denominaciones pueden inducir precisamente esa representación. Si nuevas líneas mitocondriales o cromosómicas desaparecen con el transcurso de las generaciones, la identidad del ancestro común reconstruido puede desplazarse hacia individuos más recientes; y si se descubren linajes profundamente divergentes no considerados anteriormente, las estimaciones pueden cambiar en sentido contrario. El concepto describe la genealogía de marcadores específicos dentro de poblaciones y no un acontecimiento fundacional en el cual dos individuos fueron los únicos progenitores biológicos de todos los humanos posteriores.

Esta distinción permite precisar los límites entre las afirmaciones científicas y otras interpretaciones del origen humano. La genética puede reconstruir relaciones de parentesco, estimar tiempos de coalescencia y estudiar cambios en el tamaño y la estructura de las poblaciones, pero no permite identificar a un ancestro mitocondrial con el personaje histórico de una tradición religiosa. Tampoco necesita pronunciarse sobre el significado teológico de Adán, pues la noción de «primer ser humano» puede adquirir sentidos filosóficos o religiosos distintos del concepto biológico de *Homo sapiens*. El problema surge cuando se pretende establecer una correspondencia directa entre categorías procedentes de tradiciones religiosas y conceptos propios de la genética de poblaciones. Por tanto, un «Adán biológico», entendido como el primer individuo de una especie, no equivale al ancestro patrilineal común reconstruido mediante el cromosoma Y.

Esta dificultad, siguiendo a Zeberg et al. (2024), se extiende incluso al plano genómico, ya que las comparaciones recientes entre humanos modernos, neandertales y denisovanos sugieren que aquello que caracteriza genéticamente a *Homo sapiens* debe comprenderse como una combinación de rasgos, antes que como la aparición de una única diferencia universal capaz de establecer una frontera biológica absoluta.

6. CONCLUSIÓN

La búsqueda del primer ser humano revela una paradoja producida, en gran medida, por nuestra manera de formular la pregunta. *Homo sapiens* posee una historia evolutiva y, por consiguiente, hubo poblaciones más antiguas que otras dentro del linaje que actualmente denominamos nuestra especie. Sin embargo, de ello no se sigue que haya existido una generación en la que progenitores inequívocamente no humanos produjeran súbitamente un hijo inequívocamente humano. La evolución opera mediante variación heredable, reproducción diferencial, flujo génico, deriva y transformaciones poblacionales acumuladas durante numerosas generaciones. Las diferencias entre puntos temporalmente distantes pueden ser profundas, aunque entre padres e hijos nunca haya existido una ruptura comparable.

El registro fósil confirma esta continuidad. Jebel Irhoud muestra que hace alrededor de 300.000 años existían individuos en África con una combinación de rasgos modernos y arcaicos, mientras que otras evidencias africanas revelan una historia geográficamente amplia y morfológicamente diversa. Por este motivo, establecer una fecha aproximada para los orígenes de *Homo sapiens* constituye una inferencia científica razonable; transformar esa fecha en el nacimiento de un individuo inaugural no lo es. El fósil más antiguo descubierto proporciona un límite mínimo para nuestro conocimiento actual y no la identidad del primer representante biológico de una especie.

La genética profundiza esta conclusión. La Eva mitocondrial y el denominado Adán cromosómico-Y son ancestros comunes de líneas particulares de transmisión genética; por tanto, no constituyen una pareja humana originaria. Ambos coexistieron con poblaciones formadas por muchos otros individuos, y esos contemporáneos pudieron contribuir ampliamente al genoma de las generaciones posteriores, aunque sus líneas estrictamente maternas o paternas se extinguieran. Confundir coalescencia genética con origen de la especie produce una imagen radicalmente distinta de aquello que los estudios genéticos demuestran. La humanidad actual posee ancestros comunes, pero tener ancestros comunes no significa descender biológicamente de una única pareja fundadora.

La pregunta inicial – ¿tiene sentido científico hablar de un «primer ser humano» individual? – puede responderse, por tanto, distinguiendo escalas. En un sentido taxonómico convencional, es posible clasificar ciertos fósiles como los representantes más antiguos conocidos de *Homo sapiens*. En una perspectiva evolutiva estricta, en cambio, resulta problemático identificar un individuo como el punto exacto en que una especie ancestral dejó de existir y comenzó la nuestra. La frontera es retrospectiva y depende de criterios taxonómicos aplicados a poblaciones separadas temporalmente. El proceso biológico fue continuo, aunque nuestras categorías sean discretas. No es la evolución la que debe proporcionar necesariamente un primer humano inequívoco; somos nosotros quienes necesitamos nombres para ordenar etapas de una historia continua.

El problema del «Adán biológico» ofrece así una enseñanza más amplia acerca de la explicación científica. La ciencia no siempre responde una pregunta encontrando aquello que esta presupone; en ocasiones, progresa demostrando que la presuposición debe reformularse. Preguntar quién fue el primer humano supone imaginar la evolución como una sucesión de casillas claramente separadas. Las evidencias fósiles y genéticas describen una cuestión diferente: poblaciones que cambian, se dividen, vuelven a encontrarse e intercambian genes durante enormes periodos. En ese escenario, la ausencia de un individuo inaugural no constituye una laguna que algún fósil futuro necesariamente resolverá. Puede ser, precisamente, lo que deberíamos esperar si nuestra especie nació como nacen los linajes evolutivos: no en un instante, sino a través de generaciones.

REFERENCIAS

- Arksey, H., & O'Malley, L. (2005). Scoping studies: Towards a methodological framework. *International Journal of Social Research Methodology*, 8(1), 19-32. <https://doi.org/10.1080/1364557032000119616>
- Cann, R., Stoneking, M., & Wilson, A. (1987). Mitochondrial DNA and human evolution. *Nature*, 325, 31-36. <https://doi.org/10.1038/325031a0>
- Darwin, C. (2009). *On the origin of species by means of natural selection*. Cambridge University Press.
- De Queiroz, K. (2007). Species concepts and species delimitation. *Systematic Biology*, 56(6), 879-886. <https://doi.org/10.1080/10635150701701083>
- Futuyma, D., & Kirkpatrick, M. (2017). *Evolution*. Sinauer Associates.
- Hublin, J., Ben-Ncer, A., Bailey, S., Freidline, S., Neubauer, S., Skinner, M., Bergmann, I., Le Cabec, A., Benazzi, S., Harvati, K., & Gunz, P. (2017). New fossils from Jebel Irhoud, Morocco and the pan-African origin of *Homo sapiens*. *Nature*, 546, 289-292. <https://doi.org/10.1038/nature22336>
- Jakobsson, M., Bernhardsson, C., McKenna, J., Hollfelder, N., Vicente, M., Edlund, H., Coutinho, A., Sjödin, P., Brink, J., Zipfel, B., Malmström, H., Lombard, M., & Schlebusch, C. (2026). *Homo sapiens-*

specific evolution unveiled by ancient southern African genomes. *Nature*, 650(8100), 156-163. <https://doi.org/10.1038/s41586-025-09811-4>

Mayr, E. (1999). *Systematics and the origin of species, from the viewpoint of a zoologist*. Harvard University Press.

Poznik, G., Henn, B., Yee, M., Sliwerska, E., Euskirchen, G., Lin, A., Snyder, M., Quintana, L., Kidd, J., Underhill, P., & Bustamante, C. (2013). Sequencing Y chromosomes resolves discrepancy in time to common ancestor of males versus females. *Science*, 341(6145), 562-565. <https://doi.org/10.1126/science.1237619>

Ragsdale, A., Weaver, T., Atkinson, E., Hoal, E., Möller, M., Henn, B., & Gravel, S. (2023). A weakly structured stem for human origins in Africa. *Nature*, 617, 755-763. <https://doi.org/10.1038/s41586-023-06055-y>

Richter, D., Grün, R., Joannes-Boyau, R., Steele, T., Amani, F., Rué, M., Fernandes, P., Raynal, J., Geraads, D., Ben-Ncer, A., Hublin, J., & McPherron, S. (2017). The age of the hominin fossils from Jebel Irhoud, Morocco, and the origins of the Middle Stone Age. *Nature*, 546, 293-296. <https://doi.org/10.1038/nature22335>

Scerri, E., Thomas, M., Manica, A., Gunz, P., Stock, J., Stringer, C., Grove, M., Groucutt, H., Timmermann, A., Rightmire, G., d'Errico, F., Tryon, C., Drake, N. A., Brooks, A., Dennell, R., Durbin, R., Henn, B., Lee-Thorp, J., deMenocal, P., . . . Chikhi, L. (2018). Did our species evolve in subdivided populations across Africa, and why does it matter? *Trends in Ecology & Evolution*, 33(8), 582-594. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2018.05.005>

Stringer, C. (2016). The origin and evolution of Homo sapiens. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 371(1698), Article 20150237. <https://doi.org/10.1098/rstb.2015.0237>

Tagore, D., & Akey, J. (2024). Archaic hominin admixture and its consequences for modern humans. *Current Opinion in Genetics & Development*, 87, 102280. <https://doi.org/10.1016/j.gde.2024.102280>

Tricco, A. C., Lillie, E., Zarin, W., O'Brien, K. K., Colquhoun, H., Levac, D., Moher, D., Peters, M. D. J., Horsley, T., Weeks, L., Hempel, S., Akl, E. A., Chang, C., McGowan, J., Stewart, L., Hartling, L., Aldcroft, A., Wilson, M. G., Garritty, C., ... Straus, S. E. (2018). PRISMA extension for scoping reviews (PRISMA-ScR): Checklist and explanation. *Annals of Internal Medicine*, 169(7), 467-473. <https://doi.org/10.7326/M18-0850>

Zeberg, H., Jakobsson, M., & Pääbo, S. (2024). The genetic changes that shaped Neandertals, Denisovans, and modern humans. *Cell*, 187(5), 1047-1058. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2023.12.029>

SOBRE A ORGANIZADORA

La **Dra. Alda Rocío Ortiz Muñiz** es bióloga, maestra y doctora en Ciencias por la Facultad de Ciencias de la Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM). Desde 1979 desarrolla actividades académicas y de investigación en la Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa (UAM-I), donde actualmente es Profesora Titular “C” de tiempo completo en el Departamento de Ciencias de la Salud de la División de Ciencias Biológicas y de la Salud.

Es fundadora y responsable del Laboratorio de Biología Celular y Citometría de Flujo de la UAM-I. Sus principales líneas de investigación son: 1) el estudio de los efectos asociados con la desnutrición y la obesidad, con énfasis en alteraciones celulares, citogenéticas y genómicas; y 2) la aplicación de la citometría de flujo en investigación básica y clínica para el análisis de procesos celulares en diferentes condiciones fisiológicas y patológicas.

Ha dirigido proyectos de investigación, tesis de licenciatura y posgrado, y ha contribuido a la formación de recursos humanos especializados en las áreas de nutrición, genética toxicológica, biología celular y citometría de flujo. Sus investigaciones se han centrado en el estudio de la inestabilidad genómica, la genotoxicidad y la evaluación de biomarcadores celulares en modelos experimentales y poblaciones humanas.

Ha publicado artículos científicos, capítulos de libro y trabajos de divulgación, además de participar activamente en redes de colaboración académica. Fue Presidenta de la Sociedad Mexicana de Genética durante el periodo 2003–2005 y es integrante del Sistema Nacional de Investigadoras e Investigadores desde 1986. Actualmente cuenta con el nombramiento de Investigadora Nacional Nivel III.

Orcid: <https://orcid.org/0000-0003-2501-2916>

ÍNDICE REMISSIVO

A

Aceite de aguacate 50, 55, 57

Aceite de girasol 50, 53, 54, 56, 57

Aceite de oliva 12, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 50, 52, 53, 54, 55, 56, 58

Aceite ozonizado 50, 52, 53, 54

Aguas 82, 83, 85, 93, 94, 99, 100, 103, 106

Alcohol polivinílico 38, 39, 40, 42, 46, 47

Ammonium sulfate precipitation 1

Antimicrobiano 13, 24, 50, 52, 53, 55, 56, 57

Azocolorante 101, 102, 104, 106

B

Biocontrol 60, 62, 70, 75, 76, 78, 79

Biodegradación 102, 105, 106

Biomassas naturales 92, 93

Biorremediación 90, 93, 95, 102, 103, 106, 107

C

Células troncales mesenquimales 39, 40, 42, 45, 46, 47

Chili powder 59, 60, 62, 74, 75, 79, 80

Citotoxicidad 22, 25, 27, 33, 35

Contaminación 26, 83, 84, 90, 91, 93, 101, 107

Creacionismo 109, 110, 111, 112, 113, 114, 115, 116, 118, 119

Cromo (VI) 92, 93, 94, 99, 100

Cupressaceae 22, 37

D

Darwinismo 109

Demarcación científica 109, 111

E

Eliminación 90, 93, 99, 100, 107

Especiación 111, 117, 121, 123, 124, 125

Evolución biológica 109, 110, 122

Evolución humana 121, 122

Extracción de proteína de plantas 1

F

Fungal pathogens 60, 64, 71

G

Genética de poblaciones 118, 121, 123, 129

Genome sequencing 60, 62, 64, 74, 75, 77, 78

H

Homo sapiens 121, 122, 123, 124, 125, 126, 127, 128, 129, 130, 131, 132

Hongos contaminantes 83, 84

I

Índice mitótico 22, 27, 28, 29, 33, 34, 35, 36

K

Kosakonia cowanii Ch1 59, 60, 61

L

Lacasas 102, 103, 105, 106

M

Membranas 13, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 46, 47, 48, 103

Metales pesados 82, 83, 84, 85, 86, 90, 91, 93, 94, 99

Morfología 12, 18, 19, 20, 39, 40, 42, 46, 48, 122, 127

N

Nanopartículas 12, 13, 14, 15, 17, 18, 19, 20

Naturaleza de la ciencia 109, 118

O

Óxido de zinc 12, 13, 14, 15, 17, 18, 19

P

Paleoantropología 121, 122, 123

Planta medicinal 3, 22

Q

Quitosano 38, 39, 40, 42, 43, 46, 47, 48

S

Síntesis biogénica 12, 18, 20

Suelos 82, 83, 84, 94

T

Taxodium huegelii 22, 37

TCA/acetona 1, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10

Tierras agrícolas 82, 83

TRI-Reagent 1, 2, 4, 5, 6, 7, 9

V

Volatile organic compounds 60, 62, 64, 70, 72, 74, 80

