

Lo que debemos al neandertal

Laureano Castro Nogueira / Miguel Ángel Toro Ibáñez

En el *Génesis* se dice que Dios encargó a Adán la tarea de poner nombre a los animales. Y en todas las civilizaciones los humanos se han esforzado en cumplir dicho encargo, en especial en nombrar a aquellos que son útiles o entrañan un peligro. Aun a riesgo de simplificar demasiado, podríamos decir que el concepto de especie que prevalecía hasta Darwin era un concepto tipológico, cuyas raíces se encuadran dentro del idealismo platónico: existen muchos tipos de perros, grandes y pequeños, de distintos colores, pelajes y comportamientos, a pesar de lo cual todos somos capaces de reconocer que son perros porque existe un modelo arquetípico, «ideal», del cual los perros reales son réplicas más o menos imperfectas («sombras»). Sobre este concepto de especie se desarrolló la taxonomía predarwinista, basada sobre todo en criterios morfológicos.

A partir de Darwin, los biólogos evolucionistas trataron de encontrar un criterio biológico que permitiese definir con objetividad qué son las especies. Y el criterio de categorización que resultó favorecido se fundamenta en la existencia del aislamiento reproductivo. De este modo, una especie se define como un grupo de poblaciones naturales cuyos individuos son capaces de cruzarse entre sí y dejar descendencia fértil, y que, al tiempo, son incapaces de hacerlo con individuos de otros grupos más o menos semejantes que, por ello, se consideran pertenecientes a otra especie. Esta concepción introduce en la biología evolutiva el pensamiento poblacional darwinista: los individuos de una especie difieren unos de otros de forma natural, no por ser copias imperfectas de un tipo ideal; por tanto, ninguno puede atribuirse ser un representante más fiel de la misma. La variabilidad individual constituye la única realidad que define a las poblaciones y su representación requiere una descripción estadística.

Aunque la definición de especie biológica es precisa, su aplicación presenta a veces considerables dificultades que pueden revisarse en cualquier texto de biología evolutiva. ¿Qué ocurre con las especies que no conviven en la misma área geográfica? ¿Y con aquellas cuyo aislamiento reproductivo es sólo parcial? Una situación particularmente difícil surge cuando intentamos aplicar el concepto biológico de especie a los datos del registro fósil, puesto que de ellos no podemos inferir su comportamiento en el apareamiento ni la posible esterilidad o inviabilidad de los híbridos. Además, las especies cambian a lo largo del tiempo y es difícil precisar cuándo una especie continúa siendo la misma o ha dado lugar a otra.

Varias especies de homínidos vivieron en África, Europa y Asia hace entre 1,8 y 0,5 millones de años, que suelen agruparse de forma no muy rigurosa como *Homo erectus*. El antepasado común de *Homo sapiens* y *Homo neanderthalensis* probablemente vivió en África hace poco más de medio millón de años. Los antepasados directos de los neandertales fueron los primeros que emigraron de África, mientras que los nuestros continuaron viviendo allí. Sabemos que los neandertales se extendieron desde el oeste europeo hasta Siberia y que se encontraban en Europa desde hace más de doscientos

mil años, persistiendo, al menos en la Península Ibérica, hasta hace treinta mil años (recordemos que uno de los yacimientos neandertales importantes se encuentra en la cueva de El Sidrón, en Asturias). Caminaban erguidos, medían entre 1,60 y 1,70 metros, eran robustos y su cerebro, de unos 1.500 cm³, era mayor que el nuestro. Probablemente tenían lenguaje y fabricaban instrumentos. Mientras, la transición al *Homo sapiens* moderno se produjo en África hace entre ciento cincuenta mil y doscientos mil años y desde allí se dispersaron por todo el mundo hace poco más de sesenta mil años. De esta forma, durante un tiempo, los neandertales vivieron en Eurasia y el hombre moderno en África, pero cuando estos salieron del continente africano se produjo una coexistencia en muchas zonas que duró varios milenios.

Tradicionalmente se creía que los neandertales eran antepasados de los humanos modernos, pero hoy sabemos que ambas especies no derivan una de la otra, sino de un antepasado común. Incluso es posible que la desaparición de los neandertales se debiera a la competición con nuestra especie, que, equipada con una cultura más sofisticada, los desplazara territorialmente, aunque también cabe la posibilidad de que el factor clave haya sido el cambio climático que introdujo la última glaciación y su impacto negativo sobre los ecosistemas boscosos, a los que los neandertales estaban bien adaptados.

Hasta ahora, sabíamos con certeza que neandertales y humanos modernos coexistieron, pero ignorábamos si se habían producido cruces entre individuos de ambos grupos. Sin embargo, en 2010 se publicó en la revista *Science* el primer borrador del genoma del neandertal, que parecía indicar que tales cruces existieron, publicación de la que eran coautores varios investigadores españoles. Desde entonces se han publicado nuevos estudios, entre los que se encuentra la secuencia detallada del genoma en 2013. Los últimos trabajos, publicados este año 2014 en *Science* y en *Nature*, permiten rastrear restos de ADN neandertal en los humanos actuales y parecen confirmar que dichos cruces existieron. En el estudio publicado en *Nature*, y realizado por investigadores de la Harvard Medical School (Estados Unidos) y del Max Planck Institute de Leipzig (Alemania), se buscaron huellas del genoma del neandertal en los genomas de 1.004 individuos actuales de Europa y Asia. Por otra parte, en el estudio publicado en *Science*, investigadores de la Universidad de Washington estudiaron los genomas de 397 europeos y de 286 asiáticos, aislando primero zonas del ADN potencialmente susceptibles de reflejar hibridación y, a continuación, las compararon con el genoma neandertal.

Los resultados de ambas investigaciones son similares: se detectaron un 1.38% de ADN neandertal en poblaciones de Asia oriental y un 1.15% en poblaciones europeas, mientras que se encontraba prácticamente ausente en poblaciones africanas. Esto parece indicar que existió una introducción de genes neandertal en *Homo sapiens*, debido a cruces entre individuos de ambas especies en Europa y Asia, allí donde convivieron, quedando los humanos modernos africanos excluidos de esa hibridación. Naturalmente, aunque cada individuo posee una pequeña secuencia neandertal, esta no es siempre la misma, por lo que el porcentaje de genoma neandertal que, hasta ahora, se ha mantenido en el conjunto de los genomas humanos secuenciados es mucho mayor, en torno a un 20%.

Llama la atención también que no todo el ADN de origen neandertal esté repartido

uniformemente por el genoma humano. Hay especialmente dos zonas en las que parece estar ausente: por una parte, en el cromosoma X (el cromosoma responsable de la determinación del sexo de forma que los individuos XX son mujeres y los individuos XY son varones), que alberga genes relacionados con la esterilidad masculina y, por otra, en zonas en las que se encuentran genes que se expresan en los testículos. Los autores sugieren que probablemente hubo selección natural en contra de los alelos neandertales en estas zonas del genoma, ya que es posible que provocaran infertilidad en los varones, lo que a su vez se explicaría porque las poblaciones de ambos grupos, humanos y neandertales, estaban inmersas en un proceso de aislamiento reproductivo y cerca del límite de compatibilidad biológica, más allá del cual los híbridos que se generan ya no son fértiles. Si esto es así, la introducción de material genético neandertal podría haber sido mayor, quizá de un 3%. Además, en el conjunto de todos los estudios, se han identificado más de ochenta alelos neandertales relacionados con condiciones que son desfavorables para los humanos, tales como la dificultad para dejar de fumar, el lupus, la cirrosis biliar primaria, la enfermedad de Crohn, la variación en el tamaño del disco óptico, la variación en los niveles de interleukina-18 y la diabetes tipo-2. Evidentemente, dilucidar el efecto de tales alelos constituye una ardua tarea de investigación.

En sentido opuesto, puede especularse sobre la presencia de algunos alelos de origen neandertal que podrían haber estado sujetos a selección positiva. Entre ellos hay alelos que afectan a la formación de filamentos de queratina, proteína fibrosa que influye en la dureza de la piel, el cabello y las uñas, y que pudiera haber contribuido a la adaptación de los humanos modernos a ambientes no africanos más fríos, proporcionando un mayor grado de aislamiento. También se ha interpretado como una posible adaptación al frío la presencia en los europeos actuales de algunas variantes alélicas neandertal relacionadas con el catabolismo de lípidos. En todo caso, la evidencia disponible es todavía escasa para hacer algo más que aventurar hipótesis plausibles sobre el papel de la selección natural en el mantenimiento, o en la desaparición, de variantes genéticas concretas neandertal en el genoma humano.

Los datos de hibridación avalan los procesos de especiación en la línea hominina, tal como propone la biología evolutiva, aunque cabe esperar que, a medida que el número de genomas secuenciados aumente, las relaciones entre las distintas poblaciones de ambas especies vaya complicándose, algo que ha ocurrido ya al secuenciarse el genoma de un denisovano, otra especie de *Homo* con un ancestro común con el neandertal y el hombre moderno. Esta continuidad biológica entre las diferentes especies de *Homo*, desde las primeras formas de *Homo habilis*, hace dos millones de años, hasta el ser humano actual, que poco a poco están poniendo de manifiesto los estudios de paleogenómica, puede resultar inquietante para aquellos que prefieren pensar que nuestra especie constituye una excepcionalidad evolutiva. La hibridación apoya la continuidad evolutiva de aquellos rasgos que, como la inteligencia, el lenguaje, el sentido moral o la conciencia de uno mismo, caracterizan al ser humano y lo separan de manera radical, al menos en apariencia, de nuestros parientes vivos más próximos: el chimpancé o el bonobo.