

La genealogía del *Homo sapiens*

Posted on 14 de febrero de 2019 by Carlos López-Fanjul

En 1900, año que marca el inicio de la moderna genética, la antropología al uso seguía recurriendo a los preceptos establecidos en 1735 por Linneo para encasillar a la humanidad en razas, esto es, en poblaciones de distinto origen geográfico caracterizadas por una dotación hereditaria esencial que diferenciaba a unas de otras, determinante tanto de las cualidades físicas, intelectuales y morales de sus miembros como de los rasgos externos utilizados a modo de indicadores de éstas, entre los que el más conspicuo era el color de la piel. Aunque el número de esas razas variaba de acuerdo con las múltiples preferencias taxonómicas de los investigadores en cada momento, todos ellos coincidían en situar a la suya, invariablemente blanca, en la cúspide de la jerarquía racial.

Pocos años después, concretamente en 1919, comenzaron a estudiarse de manera directa las distinciones hereditarias entre poblaciones asentadas en varias zonas del globo, tan pronto como fue posible acceder a marcadores genéticos de fácil identificación. En un principio, estos se reducían a grupos sanguíneos, en especial el ABO, y aunque la información proporcionada por un puñado de genes sobre el comportamiento del resto del genoma carece de mayor valor, no dejó de recurrirse a ella si parecía apoyar interesadas presunciones, hoy plenamente descartadas, sobre la pureza y singularidad de algunos grupos locales, como ocurrió en España con el vascoLa inexistencia de diferencias genéticas de

consideración entre las actuales poblaciones del País Vasco y otras regiones españolas se ha documentado repetidas veces, por ejemplo en Hafid Laayouni, Francesc Calafell y Jaume Bertranpetit, «A genome-wide survey does not show the genetic distinctiveness of Basques», *Human Genetics*, vol. 127, núm. 4 (abril de 2010), pp. 455-458.. Con todo, fue preciso esperar hasta 1972 para que Richard C. Lewontin publicara su conocido análisis de la diversidad genética humana, basado en la caracterización de unas treinta poblaciones por cada uno de los cinco continentes con respecto a diecisiete proteínas sanguíneas. Los resultados adjudicaron el 85-90% de la variabilidad total del conjunto a las diferencias promedio entre los individuos de una misma población, mientras que sólo el restante 10-15% correspondía, aproximadamente por mitad, a las diferencias apreciadas entre los habitantes de distintos continentes o bien a las observadas entre los pobladores de los diversos territorios en que estos se dividían. Es más, dichas disparidades no solían deberse a la presencia o ausencia de variantes genéticas privativas de unos u otros grupos, sino a la desigualdad de las frecuencias con que éstas se presentaban en cada uno de ellos.

A partir de la publicación de la primera secuencia genómica humana en 2001, el número de variantes accesibles pasó de unas pocas docenas a cientos de miles, recurriéndose a los llamados SNP (*single nucleotide polymorphisms* o polimorfismos de un solo nucleótido), esto es, a los cambios de un nucleótido por otro que se dan en unos diez millones de posiciones del genoma como consecuencia de la acción continuada de la mutación a lo largo de las generaciones. Aunque, en términos generales, las conclusiones de Lewontin sobre la extraordinaria homogeneidad de la especie humana siguen vigentes, la enorme potencia de análisis que proporciona la información utilizada hace posible la detección de diferencias genéticas entre poblaciones autóctonas que, a pesar de su escaso monto, permiten discernir unas de otras.

Cuarenta mil años atrás, los neandertales se extinguieron, siendo reemplazados por los emigrantes africanos que habían llegado a Europa cinco mil años antes

La información antedicha también ha sido aplicada a la investigación de la historia demográfica de la humanidad, partiendo de datos recolectados en poblaciones actuales situadas en distintos lugares de la Tierra. Entre los primeros intentos sobresalen los llevados a cabo por el grupo de Luigi Luca Cavalli-Sforza, inicialmente basados en marcadores proteicos, aunque más tarde se incorporaran al estudio algunos datos genómicos. Sobre este fundamento empírico se construyó un modelo que procuraba explicar la presente diversidad genética poblacional como consecuencia de un largo proceso de dispersión de la especie partiendo de su origen africano, que se habría producido mediante sucesivos asentamientos de pequeñas cuadrillas de cazadores-recolectores a lo largo y ancho del planeta, seguidos de migraciones entre ellos y continuados por la posterior expansión o contracción de las

poblaciones mestizas resultantes. En otras palabras, un mecanismo de muestreo condicionado por el reducido censo de los grupos fundadores sería el principal causante tanto de la progresiva diferenciación genética de las poblaciones actuales como de la paralela reducción de su variabilidad genética a medida que su emplazamiento se aleja más de la cuna africana, ambos fenómenos mitigados, aunque sólo parcialmente, por esporádicos eventos migratorios. Esta propuesta poseía el atractivo de su extrema sencillez, por cuanto pretendía dilucidar las observaciones en términos de la acción única de dos fuerzas –azar y migración– sobre la variación hereditaria generada por mutación, pero ignoraba, injustificadamente, que los actuales moradores de una determinada región pueden tener poco o nada que ver con los asentados en la misma zona en un pasado más o menos remoto. Evidentemente, se excluyeron del estudio aquellos casos que, por conocidos, contradecían flagrantemente los supuestos de partida, por ejemplo el marcado por la reiterada integración reproductiva de migrantes europeos y africanos en América.

Esos intentos de descifrar el pasado partiendo del presente fueron la única vía abierta al estudio de la diversificación genética de la especie humana hasta que en 2010 se publicaron los primeros datos genómicos correspondientes a restos fósiles no totalmente mineralizados, en particular los de neandertales y denisovanos, logrados mediante la aplicación de las técnicas desarrolladas por el grupo dirigido por Svante Pääbo. A partir de ese momento pudo empezar a elucidarse el pretérito demográfico del *Homo sapiens* recurriendo a una información directa, mucho más explícita que la arqueológica o paleontológica, cuyo volumen ha ido creciendo aceleradamente. Siete años más tarde ya habían sido secuenciados los genomas pertinentes a unos tres mil residuos fósiles humanos distintos, datados por métodos radiocarbónicos, por el grupo de investigadores encabezado por el autor de la obra que aquí se reseña.

David Reich, profesor de la Universidad de Harvard, fue designado por la revista *Nature* como uno de los diez científicos más sobresalientes del año 2015, concesionario en 2017, junto con Pääbo, del premio de la fundación israelí Dan David, dotado con un millón de dólares por su contribución al estudio de la hibridación entre neandertales y humanos modernos. Reich ha desarrollado procedimientos automatizados de secuenciación de genomas fósiles que operan a una escala que pudiera calificarse de industrial, tan eficientes que proporcionan resultados al precio de unos quinientos dólares por muestra. En sus propias palabras, esta facilidad operativa ha permitido tal acopio de datos que la mayor parte de los discutidos en su obra, en buena medida obtenidos en su laboratorio, habían sido publicados una vez iniciada la redacción de ésta.

El texto reseñado está dividido en tres grandes secciones, dedicadas, respectivamente, a la investigación genética del pasado remoto del *Homo sapiens*, al análisis genealógico de su dispersión por los distintos lugares del globo durante las últimas decenas de miles de años y, por último, a exponer las implicaciones sociales de los modernos hallazgos de la paleogenómica. En lo que sigue, analizaré sucesivamente y con cierto pormenor cada una de ellas.

En lo que podría considerarse como el relato canónico de la evolución de nuestra especie, suele indicarse que han transcurrido al menos quinientos cincuenta mil años desde que se separaron del tronco del *Homo erectus* africano dos linajes, uno que volvió a bifurcarse hace trescientos ochenta mil años en las ramas correspondientes a los neandertales euroasiáticos y los denisovanos siberianos, y otro que dio lugar a los humanos modernos, cuyos antepasados permanecieron en África hasta que salieron de allí para poblar el planeta a lo largo de los últimos cien mil añosEn esta reseña denominaré humanos modernos a los pertenecientes a nuestra subespecie, independientemente del período en que haya transcurrido su existencia, para diferenciarlos de los miembros de las dos subespecies de *Homo sapiens* extinguidas: neandertales y denisovanos. Todas las dataciones indicadas en el texto corresponden al extremo inferior del intervalo cronológico usualmente propuesto. El relato de Reich oscila entre *Homo heidelbergensis* y *Homo erectus* en la elección del antecesor más próximo del *Homo sapiens*. Más tarde, cuarenta mil años atrás, los neandertales se extinguieron, siendo reemplazados por los emigrantes africanos que habían llegado a Europa cinco mil años antes. Aunque estos dos últimos grupos se habían diferenciado genéticamente durante un largo período de aislamiento geográfico, la desemejanza adquirida no fue lo suficientemente importante para impedir la producción de descendencia fértil en apareamientos entre individuos de una y otra procedencia, de manera que, de promedio, un 2% del genoma de los europeos de hoy proviene de neandertales, por más que dicha fracción varíe de unas personas a otras, de tal forma que aproximadamente la mitad de ellas no son portadores de genes de ese último origen. En otras palabras, neandertales y humanos modernos, aunque diferenciables anatómicamente, no habían alcanzado en el momento de su encuentro la categoría de especies distintas, sino que eran, sencillamente, subespecies de *Homo sapiens* que aún podían intercambiar genes, si bien con ciertas dificultades. Es más, durante el período en que convivieron compartían comportamientos semejantes en lo que toca a la elaboración de utensilios de piedra, la confección de adornos personales y los cuidados suministrados a sus congéneres más débiles. Sin embargo, utilizando datos de restos datados a lo largo de los últimos cincuenta mil años, el grupo de investigadores dirigido por Reich ha podido establecer que, como consecuencia de su condición perjudicial en nuestro contexto genómico, el porcentaje de genes neandertales en los humanos modernos ha disminuido linealmente desde un 5% inicial

al 2% actual por acción de la selección natural, algo que no ha ocurrido en otras mezclas poblacionales mucho más recientes, como, por ejemplo, la afroamericana, donde no se ha podido detectar selección a favor o en contra de las contribuciones genéticas correspondientes a sus ascendencias europeas y africanas, separadas evolutivamente hace mucho menos tiempo.

En paralelo a lo sucedido en Eurasia con los neandertales, también se produjeron cruzamientos entre humanos modernos y denisovanos hace unos cuarenta y cuatro mil años, de manera que las presentes poblaciones asiáticas portan una pequeña fracción de genes del último origen (0,2-0,6%) que aumenta notablemente en Australasia (3-6%). Esta disparidad se atribuye a la bifurcación, ocurrida hace doscientos ochenta mil años, del linaje ancestral denisovano en dos ramas, una de ellas, la siberiana, antecesora parcial de las distintas etnias del continente asiático, y otra que transmitió sus genes a grupos autóctonos residentes en Filipinas, Nueva Guinea y Australia.

Reich, cuyo laboratorio ha aportado muchos de los datos referidos, ofrece una cuidada descripción de las técnicas que permitieron obtenerlos, a la que se añade un imparcial examen del alcance de las distintas hipótesis elaboradas a partir de ellos. En este sentido, considera científicamente atendible una novedosa conjetura formulada por María Martinón-Torres y Robin Dennell, basada en datos paleontológicos procedentes del yacimiento de Atapuerca e información arqueológica referente a utensilios líticos. Esta propuesta mantiene que la teoría comúnmente aceptada, que postula la división de una estirpe ancestral africana de *Homo erectus* en dos ramas, una establecida en Asia y Europa, de la que procederían denisovanos y neandertales, y otra que permaneció en África, de la que derivarían los humanos modernos, podría reemplazarse por un supuesto más sencillo admitiendo que el *Homo erectus* ingresó hace un millón y medio de años en Europa, donde se originarían las tres subespecies mencionadas, de las que la nuestra retornaría a África para pasar a repoblar el planeta más adelante. Dicho de otro modo, el hecho de que los restos más antiguos de los humanos modernos se hayan encontrado en África (Jebel Irhoud, Marruecos), y que los humanos actuales genéticamente más diferentes del resto sean africanos (bosquimanos y pigmeos), puede ser únicamente indicativo de lo sobrevenido en los últimos trescientos mil años, pero no de lo acaecido anteriormente, entre esas fechas y la aparición africana del *Homo erectus*, de la misma manera que los datos genéticos de poblaciones actuales son sólo un reflejo de lo ocurrido en el pasado próximo, pero no de lo sucedido en tiempos más remotos, tal como se relata en la siguiente parte de la obra.

Los actuales pobladores de India son genéticamente muy distintos de los que moraban en este subcontinente hace cinco mil años

La mitad del texto de Reich está dedicada a exponer la genealogía de las poblaciones humanas del presente utilizando la información directa proporcionada por el análisis genómico de restos fosilizados datados a lo largo de los últimos cincuenta mil años por métodos radiocarbónicos, complementándola con datos paleontológicos, arqueológicos y lingüísticos. Su principal conclusión es que el acervo genético de los antiguos pobladores del planeta presenta escasas coincidencias con el de sus congéneres más recientes, siendo este último el producto de múltiples mestizajes entre distintas etnias, hoy desaparecidas, acaecidos en diferentes momentos del pasado. En definitiva, las ideologías que propugnan el concepto de pureza racial denodadamente mantenida durante milenios son insostenibles.

La llegada de los primeros cazadores-recolectores de origen africano a Europa, donde se cruzaron con neandertales, se produjo hace unos cuarenta y cinco mil años. Sus descendientes fueron los únicos pobladores del continente durante los treinta y cinco mil años siguientes, hasta que a finales del Paleolítico (unos diez mil años atrás) un nuevo grupo de cazadores-reproductores denominado ANE (*Ancient North Eurasian*) irrumpió desde el nordeste, sustituyendo casi por completo a las poblaciones precedentes, cuya contribución a la presente dotación genética europea es mínima.

Aunque los europeos actuales forman un conjunto genéticamente muy homogéneo, sus antecesores de hace unos diez mil años se distribuían en dos grandes grupos: los antedichos ANE, generalmente de tez y cabello oscuros, pero a veces dotados de ojos azules, y unos recién llegados procedentes de Anatolia, importadores de las técnicas agrícolas, en los que predominaba una piel más clara, el pelo negruzco y los ojos pardosRestos fósiles de un cazador-recolector de piel oscura y ojos azules datados hace siete mil años han sido excavados en la vertiente leonesa de la cordillera Cantábrica (La Braña-Arintero) (Íñigo Olalde *et al.*, «Derived immune and ancestral pigmentation alleles in a 7,000-year-old Mesolithic European», *Nature*, núm. 507 (13 de marzo de 2014), pp. 225-228.. A lo largo de un ulterior período de unos cuatro mil años de duración, dichos grupos se cruzaron para dar finalmente lugar a una población mixta cuya ascendencia provenía en su mayor parte de los agricultores, es decir, el grueso de su genoma se forjó mediante la reiteración temporal de apareamientos entre machos emigrantes y hembras nativas. Al final de ese intervalo hicieron su entrada desde la estepa rusa, provistos de caballos y carros, los ganaderos yamnayas introductores del idioma protoindoeuropeoYamnaya (del ucraniano «yamna», fosa) es el nombre que suele darse a los pueblos constructores de grandes túmulos funerarios.. Estos individuos, algo menos pigmentados que los anteriores residentes en la zona, se aparearon con estos y de esa nueva mezcla provienen los presentes europeos, cuya ascendencia en la Edad de Bronce ya era similar a la de hoy. Una vez más, la contribución de cada estirpe parental a la descendencia mestiza fue muy asimétrica. En esta mixtura predominan los

cromosomas Y yamnayas, encasillados en unos pocos tipos muy diferentes de los europeos anteriores a la Edad de Bronce, sugiriendo que un corto número de machos invasores fecundaron a muchas hembras autóctonas, cuya aportación a la progenie cruzada, medida en términos del ADN mitocondrial que se transmite exclusivamente por vía materna, presenta una diversidad considerablemente mayor que la correspondiente a los cromosomas Y. Datos obtenidos por el equipo de Reich indican que al menos un 30% de la población de Iberia fue reemplazada por yamnayas, y que el 90% de sus varones portaban cromosomas Y de esta procedencia, diferentes de los ibéricos anteriores a la invasión.

Tal como ocurre en Europa, los actuales pobladores de India son genéticamente muy distintos de los que moraban en este subcontinente hace cinco mil años y, en su mayor parte, son también fruto de la mezcla de tres ingredientes. Así, a las cuadrillas primitivas de cazadores-recolectores se agregaron hace unos nueve mil años agricultores procedentes de Irán, una invasión paralela a la que por esas mismas fechas irrumpía en Europa desde Anatolia. Del mestizaje entre esos dos grupos resultaron dos nuevas etnias, denominadas ANI (*Ancestral North Indians*) y ASI (*Ancestral South Indians*), asentadas respectivamente en el norte y el sur de India. A la primera se incorporaron, hace unos cinco mil años, los pastores yamnayas originarios de la estepa rusa al norte del mar Caspio, que en tiempos próximos habían migrado asimismo hacia Europa. En resumidas cuentas, la actual población india es una amalgama de contribuciones ANI y ASI cuya composición sigue un gradiente norte-sur establecido a lo largo de los últimos cuatro mil años, de suerte que la proporción de ascendencia ANI es mayor en el norte, donde los idiomas predominantes son de origen indoeuropeo, mientras que la aportación de ASI es superior en el sur, donde los lenguajes derivados del tronco dravídico son los más comunes. Otra vez, la mayor parte del legado genómico ANI se transmitió a través de machos, mientras que el ASI proviene de hembras. El gradiente aludido presenta una complejidad adicional determinada por la estratificación social impuesta por el sistema de castas, cada una de ellas mantenida en régimen de intensa endogamia durante milenios, de modo que los presentes habitantes de India se encuadran en un agregado compuesto por un gran número de grupos de censo reducido, reproductivamente aislados unos de otros en buena medida.

Aunque son muy escasos los genomas fósiles procedentes del Lejano Oriente analizados hasta la fecha, los datos apuntan a la existencia, hace unos nueve mil años, de dos etnias, una asentada al norte del río Amarillo y otra establecida al sur del río Yang Tse, que desarrollaron, respectiva e independientemente, el cultivo del mijo y el arroz. Tal como sucedió en India, la mayoría de las poblaciones actuales provienen de mixturas en diferentes proporciones de los dos grupos anteriores con los cazadores-recolectores ancestrales,

predominando la contribución procedente del río Amarillo en China y Tíbet y la originaria del río Yang Tse en el Sudeste asiático.

A diferencia de lo ocurrido en Europa y Asia, la colonización de América comenzó en tiempos más recientes, hace unos quince mil años. Por ello, la constitución genética de las poblaciones nativas actuales concuerda por lo general con la correspondiente a la ramificación de un único tronco ancestral de raíz asiática, el denominado Primeros Americanos (*First Americans*), de manera que los actuales residentes en una determinada región del continente descienden mayoritariamente de los pequeños grupos de cazadores-recolectores inicialmente establecidos en ese mismo territorio. Esto no quita para que se hayan documentado distintas invasiones posteriores, también de oriundez asiática, pero de mucha menor entidad, entre ellas la denominada población Y, sin representación actual en Asia pero conectada con algunas tribus de Amazonia, y también relacionada con los presentes pobladores autóctonos de las islas Andamán, Nueva Guinea y Australia.

La obtención e interpretación de los datos genómicos fósiles no han estado exentas de dificultades. En primer lugar, las impuestas por limitaciones técnicas, puesto que la extracción de ADN de materiales óseos antiguos excavados en zonas de clima tropical es muy laboriosa, aunque actualmente están desarrollándose métodos más eficientes. En segundo lugar, las derivadas de la corrección política, expresadas, por ejemplo, en las denominaciones ANI y ASI, propuestas para soslayar el rechazo oficial a aceptar que migraciones procedentes de Eurasia Occidental (iraní o yamnaya) pudieran contribuir de manera substancial a la composición de la población india de hoy. Del mismo cariz son las objeciones de los indios norteamericanos al estudio de los restos de sus ancestros, motivados por la repugnancia a admitir aquellos hallazgos científicos que consideran incompatibles con las tradiciones referentes a su origen tribal. Esta actitud contrasta con el patente interés que suelen manifestar los afroamericanos por enlazar genealógicamente con sus etnias africanas de origen, un deseo difícil de satisfacer por la complejidad de su ascendencia mixta.

Con todo, los principales problemas que plantea el esclarecimiento de la genealogía del *Homo sapiens* residen en la validez de los procedimientos de análisis de la información genómica recogida, generalmente referida a las mutaciones causantes de los polimorfismos de un solo nucleótido. Dichas mutaciones son, en general, neutras, es decir, no están sujetas a la acción de la selección natural y, por tanto, se acumulan en las poblaciones a una tasa constante en el tiempo. Esta propiedad permite comparar las diferencias entre poblaciones para establecer si éstas son el resultado de una mezcla de estirpes ancestrales por el hecho de compartir variantes genéticas privativas de cada una de ellas, o bien para determinar el momento en que cada grupo se ha desgajado del tronco común, puesto que a mayor disparidad corresponde una separación más antigua.

Es posible reconstruir la historia demográfica de la especie humana utilizando modelos estadísticos extraordinariamente complejos

Basándose en estas premisas, es posible reconstruir la historia demográfica de la especie humana utilizando modelos estadísticos extraordinariamente complejos que permiten la simulación y contraste de distintas hipótesis con miras a obtener las conclusiones que, hoy por hoy, se ajustan mejor a las observaciones. Inevitablemente, el procedimiento seguido adolece de una cierta subjetividad, puesto que es dependiente de los supuestos de partida, y suele exigir la postulación de poblaciones de transición denominadas «espectrales» (*ghost populations*), partícipes en mestizajes ocurridos en el pasado pero extinguidas en la actualidad, que son precisas para lograr el encuadre estadístico de los datos, pero cuya existencia no pasa de ser una mera conjetura cuya validez sólo puede aceptarse o rechazarse empíricamente a posteriori. A algunas de éstas me he referido más arriba, entre ellas la ANE (Europa), las ASI y ANI (India), la Y (América) y las de los ríos Amarillo (China) y Yang Tse (Lejano Oriente). En un caso, sin embargo, la publicación en 2013 del genoma de un muchacho que vivió hace veinticuatro mil años en Mal'ta (Siberia), semejante al propuesto para la población espectral ANE, ha suministrado una prueba convincente de la realidad de esta última. No obstante, a pesar de que la información correspondiente a cada resto fósil es muy completa, por cuanto refiere a la práctica totalidad de su genoma, el número de residuos a los que ha podido accederse durante la última década, referidos a los pobladores de una zona geográfica concreta en una época determinada, es muy reducido. Dicho de otro modo, aunque la caracterización genética de los individuos es correcta, la de los grupos de que forman parte es, por el momento, imprecisa, y esta carencia ha ocasionado inevitables cambios de interpretación a medida de que la compilación de resultados ha ido enriqueciéndose con la adición de nuevos hallazgos. Así, la opinión generalmente aceptada en 2012 proponía que los europeos actuales procedían del mestizaje entre los cazadores-recolectores primitivos y los agricultores invasores procedentes de Anatolia, pero las indicaciones proporcionadas por datos obtenidos dos años más tarde han revelado tanto el reemplazo de la población original por otra de los mismos hábitos alimenticios (ANE), como la posterior entrada de los migrantes yamnayas. Como he apuntado más arriba, el autor insiste en que la mayor parte de lo expuesto en su obra era desconocido tres años antes de su publicación.

Uno de los principales intereses de Reich, no desvelado hasta el penúltimo capítulo del texto, es recalcar que la escasa diferenciación detectada por Lewontin entre las poblaciones humanas actuales se aplica exclusivamente a la variación genética neutra. Por ello pone especial empeño en subrayar que la fracción no neutra de nuestro acervo hereditario, sobre la que la selección natural ha operado para impulsar la adaptación diferencial a variables

hábitats locales, puede ser más heterogénea que su complemento neutro. Así ocurre con varios rasgos de base poligénica, entre los que el autor toma como modelo la estatura adulta, carácter sometido a una acción selectiva en el pasado que parece ser responsable de una parte de las distinciones detectadas entre las presentes poblaciones del norte y el sur de Europa (particularmente la española). Pero, si se sigue al pie de la letra la exposición del texto, el bosque no permite ver los árboles, y se hace preciso puntualizar que, si bien parece probado que en 89 de 139 genes, de efecto significativo pero pequeño, las variantes que aumentan la talla son más frecuentes en el primer grupo que en el segundo, también es cierto que la diferencia promedio en frecuencia génica entre ambos grupos, algo menor del 1%, es insignificante a efectos prácticos. En este sentido, cabe añadir que aunque la heredabilidad de la estatura es muy elevada, del orden del 80%, la influencia ambiental sobre este rasgo ha demostrado ser muy importante, de manera que la altura de los habitantes del norte y el centro de Europa ha aumentado a razón de 1,3 centímetros por decenio desde principios del siglo xx y en el sur lo ha hecho en igual medida a partir de la década de 1950.

No es sorprendente que la presión selectiva haya favorecido por vía genética una mayor talla al norte y otra menor al sur en el pasado: al fin y al cabo, esta observación no pasaría de ser una consecuencia admisible de la aplicación al caso de la conocida regla de BergmannLa propuesta formulada por Carl Bergmann en 1847 de la existencia generalizada de una asociación negativa entre la masa corporal de los mamíferos y la temperatura que caracteriza su entorno.. Cosa muy distinta es afirmar que la situación de otros caracteres cuantitativos, tales como distintos aspectos del comportamiento o incluso de la inteligencia, pueda ser asimilable a la de la estatura, algo de lo que el autor parece estar convencido. Es más, considera oportuno advertirnos de que debemos estar dispuestos a afrontar sus aflictivas secuelas llegado el caso, esto es, si la presunta existencia de desigualdades hereditarias entre grupos alcanzara su plena demostración científica. Sin embargo, la acción de la selección como causante de presuntas diferencias genéticas poblacionales para la inteligencia parece poco plausible y Reich reconoce que no existen pruebas que avalen su existenciaReich basa sus conclusiones en el artículo de Aysu Okbay *et al.*, «Genome-wide association study identifies 74 loci associated with educational attainment», *Nature*, núm. 533 (23 de mayo de 2016), pp. 539-542. Sin embargo, la utilización en este trabajo de los años de escolaridad de un individuo como indicador de su cociente intelectual parece, al menos, discutible.. Por otra parte, aun admitiendo una alta heredabilidad del cociente intelectual, mejoras en alimentación, sanidad, educación y condiciones económicas han promovido un impulso ambiental muy potente, como atestigua el incremento temporal de dicho cociente en tres puntos por década, detectado en treinta países desarrollados a lo largo de los últimos setenta años. Afirmar o negar la existencia de diferencias entre

poblaciones para variantes genéticas no neutras es algo que cabe establecer únicamente por vías empíricas, carácter por carácter, y no es posible recurrir a extrapolaciones de los casos conocidos a otros desconocidos sin que se hayan llevado a cabo los estudios pertinentes. Tampoco debe ignorarse la naturaleza flexible de la herencia biológica, en especial la poligénica, cuya expresión fenotípica depende en buen grado de las circunstancias ambientales del entorno en que se produce.

Es de estricta justicia añadir que Reich se ha defendido, a mi manera de ver con acierto, de las acusaciones de racismo de que ha sido objeto, tanto a raíz de los pronunciamientos antedichos como a consecuencia de sus investigaciones paleogenómicas, subrayando enérgicamente el carácter difuso de la correspondencia entre ascendencia étnica (una noción plenamente científica) y raza (un concepto social que sólo actitudes xenófobas hacen sinónimo del anterior). En otras palabras, por más que se haya documentado la existencia de diferencias hereditarias entre poblaciones humanas para algunos atributos, éstas no se corresponden con estereotipos raciales ni permiten juzgar al individuo por su ascendencia en vez de por sus méritos.

Carlos López-Fanjul es catedrático de Genética en la Universidad Complutense y profesor del Colegio Libre de Eméritos. Es coautor, con Laureano Castro y Miguel Ángel Toro, de *A la sombra de Darwin. Las aproximaciones evolucionistas al comportamiento humano* (Madrid, Siglo xxi, 2003) y ha coordinado el libro *El alcance del darwinismo. A los 150 años de la publicación de «El Origen de las Especies»* (Madrid, Colegio Libre de Eméritos, 2009).

Autor: David Reich

Edicion: Oxford, Oxford University Press, 2018

Paginas: 368 pp. £20.00

Precio: COMPRAR ESTE LIBRO

Titulo: Who We Are and How We Got Here