

Genes de neandertal

Carles Lalueza Fox

1 marzo, 2006

El ser humano siempre ha sido consciente de su excepcionalidad en el mundo natural y esto ha comportado que muchas culturas, de forma independiente, hayan postulado para nuestra especie un marco cosmogónico relacionado con una creación divina. Pero, ¿qué hubiera ocurrido si no hubiéramos sido los únicos representantes vivos del antaño frondoso y diversificado linaje homínido? ¿Cómo hubiera afectado esto a nuestra concepción del mundo y a la propia visión que tenemos de nuestra singularidad? Quizá no nos hubiéramos visto tan especiales si otra especie hubiera sido, por ejemplo, capaz de hablar, o capaz de creer en otra vida después de la muerte, o capaz de crear arte.

Los neandertales, un grupo de humanos europeos extinguidos hace veintiocho mil años, tienen todavía la virtud de cuestionar nociones básicas sobre nuestra humanidad. Tanto es así, que diferentes antropólogos han llegado con frecuencia a interpretaciones contradictorias analizando los mismos fósiles, sencillamente porque los prejuicios y las preconcepciones sobre el grado de humanidad de otras especies de homínidos tienden a sesgar inevitablemente las conclusiones presuntamente objetivas de nuestros estudios. Estereotipos opuestos como el ideal *rousseauiano* del buen salvaje o el de la ciencia racial –y racista– de principios del siglo XX han hecho bailar la imagen de los neandertales desde el bruto primitivo, incapaz de comunicarse y de tener sentimientos, hasta el humano pacífico, afectuoso con su clan, integrado en su ecosistema y poseedor de lenguaje.

Surgidos hace aproximadamente doscientos cincuenta mil años a partir de poblaciones humanas arcaicas de *Homo heidelbergensis*, representadas por individuos como los hallados en la Sima de los

Huesos, en Atapuerca, los neandertales constituyen la especie humana más parecida a la nuestra que haya existido y, al mismo tiempo, junto con el extraño homínido enano de la remota isla de Flores, en Indonesia, la especie que llegó a encontrarse cara a cara con nuestros antepasados directos, los cromañones. El contacto con éstos determinó, sin embargo, su destino: la extinción.

Nuestra especie surgió en África hará unos ciento setenta y cinco mil años; cien mil años más tarde, empezó a expandirse por los otros continentes, en un proceso global que representó la extinción de poblaciones locales más o menos arcaicas descendientes de migraciones anteriores de humanos arcaicos. Los primeros humanos modernos, los cromañones, entraron en Europa hace unos 40.000 años y se encontraron con sus residentes ancestrales, los neandertales. Al final de un proceso de contacto de doce mil años, cuyos detalles concretos desconocemos, los neandertales se habían extinguido y los cromañones habían prevalecido. Europa no era un sitio apropiado para un homínido diseñado evolutivamente para un clima tropical; a lo largo del Pleistoceno Medio, el clima fue deteriorándose progresivamente y se sucedieron diversos máximos glaciales, alternando con períodos más cálidos y episodios de gran inestabilidad climática, que cubrieron buena parte de nuestro continente de hielos perpetuos. La morfología corporal y facial de los neandertales refleja el resultado del duro proceso de selección a que se vieron sometidas las poblaciones de homínidos europeos. Efectivamente, el cuerpo de los neandertales era compacto y extraordinariamente musculoso; sus extremidades (especialmente los segmentos distales de brazos y piernas) eran cortas respecto del tronco, unas proporciones que encontramos hoy día en algunos grupos humanos, como los saami (lapones) y los inuit (esquimales), adaptados a condiciones árticas. Su rostro también se había visto modificado: la parte media de la cara se proyectaba hacia delante, lo que conformaba una nariz ancha y larga, sin parangón en la humanidad actual, probablemente diseñada para calentar el aire helado que inspiraban. Por otra parte, su capacidad craneal era, en promedio, mayor que en la humanidad actual, lo que, según algunos autores, implica que tenían capacidades cognitivas parecidas a las nuestras o al menos la capacidad de desarrollarlas. Es cierto, sin embargo, que la expresión de algunas de estas potencialidades, como el fantástico arte rupestre que desarrollaron los cromañones, está ausente en neandertales, pero quizá no se daban las condiciones ideales para su desarrollo.

No sabemos cómo fue exactamente el contacto entre cromañones y neandertales: nunca se han encontrado sus restos conviviendo, por así decirlo, en un mismo yacimiento. Los neandertales se encuentran en niveles arqueológicos que terminan por desaparecer en sitios marginales o periféricos de Europa, como la Península Ibérica, los Balcanes o el Cáucaso, hace veintiocho mil años. Nuevamente, las controversias arrecian en este punto; para algunos, es imposible pensar que neandertales y cromañones se encontraran por Europa y no se cruzaran. Para estos investigadores, podría ser incluso que los europeos actuales tuviéramos genes de neandertal y que, en este sentido casi místico, los neandertales hubieran sobrevivido. Para otros, ahora una mayoría, se trata de dos especies diferentes que no se cruzaron o que, incluso si lo intentaron, no eran capaces de producir descendientes fértiles debido a la cantidad de diferencias genéticas y morfológicas acumuladas desde la separación de ambos linajes. Una pregunta evolutiva de este tipo es, sin embargo, difícil de contestar desde la morfología, en parte porque desconocemos qué aspecto debería

tener el esqueleto de uno de estos posibles híbridos de neandertales y cromañones. Este es el debate que solucionó una técnica, denominada ADN antiguo, que permite recuperar material genético de restos del pasado y explorar así algunos acontecimientos evolutivos directamente en el tiempo en que tuvieron lugar.

Desde hace dos décadas, los avances en las técnicas de la biología molecular propiciadas por desarrollos como la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) –una reacción química que permite obtener billones de copias de un fragmento de ADN previamente seleccionado, partiendo incluso de una única copia inicial– han permitido afrontar algunos problemas evolutivos desde una nueva fuente de información: la genética.

Nuestro genoma está formado por tres mil millones de nucleótidos, que conforman unos veinticinco mil genes, los cuales codifican por otras tantas proteínas y productos génicos. Nosotros, en tanto que seres humanos, con un aspecto físico, un metabolismo, una fisiología y unas capacidades cognitivas concretas, somos en buena medida el resultado de la expresión de nuestros genes. Éstos, por tanto, deben de conservar en su secuencia rastros del largo proceso evolutivo que los ha modelado y que ha hecho que los humanos seamos como somos.

Hay que decir que no todo el ADN está en el genoma del núcleo de la célula, ya que una pequeña parte se encuentra fuera del núcleo, dentro de las mitocondrias. Las mitocondrias son pequeños orgánulos que se hallan en el citoplasma de la célula y que se encargan de proporcionarle energía; contienen, además, un pequeño genoma circular propio de unos 16.500 nucleótidos (lo que constituye menos del uno por mil del total del genoma nuclear). Debido al hecho de que sólo el núcleo de los espermatozoides penetra en el óvulo, el ADN mitocondrial se transmite únicamente por línea materna, y no experimenta entrecruzamientos de material genético, como sí sucede con los cromosomas nucleares. Esto significa que, desde un punto de vista evolutivo, su interpretación es más lineal que un marcador nuclear. Las mitocondrias tienen una ventaja añadida: como hay hasta decenas de miles de ellas en cada célula, su ADN se conservará en restos fósiles en mayor medida que las dos únicas copias del ADN genómico.

En el año 1997, un equipo liderado por Svante Pääbo (actualmente en el Instituto Max Planck de Leipzig) consiguió recuperar, por vez primera, una secuencia del ADN mitocondrial de un neandertal (concretamente del neandertal de la cueva Feldhofer 1, proveniente del valle de Neander, en Alemania, que precisamente en 1856 dio nombre al grupo). La secuencia de ADN de Feldhofer 1 era muy diferente a la que podemos encontrar en humanos modernos: es decir, no hay nadie en la actualidad que tenga una secuencia como ésta en sus mitocondrias. Este hito científico demostró que neandertales y cromañones no se hibridaron o, si lo hicieron, estos cruzamientos no tuvieron continuidad genética. Empleando el cálculo del denominado reloj molecular (la idea es muy sencilla: conociendo las secuencias de dos especies que han divergido y sabiendo cuál es el ritmo al que se acumulan mutaciones en los linajes genéticos, puede inferirse cuánto tiempo hace que éstos se separaron) pudo estimarse en cerca de medio millón de años la separación evolutiva de neandertales y humanos modernos. Esta antigüedad es congruente con lo observado en el registro fósil, ya que algunos restos de *Homo heidelbergensis*, un poco posteriores a esta fecha, prefiguran en su rostro a

los posteriores neandertales.

Más tarde, aunque con cuentagotas, fue recuperándose ADN mitocondrial de otros neandertales, la mayoría datados hace unos cuarenta mil años; vinieron a continuación Mezmaiskaya (Cáucaso, Rusia), Vindija 75 (Croacia) y Feldhofer 2 (Alemania). De otros fósiles, como Engis 2 (Bélgica), La Chapelle-aux-Saints (Francia) o Vindija 77 y 80 (Croacia), fue sólo posible recuperar, debido a su elevado estado de degradación química, un pequeño fragmento diagnóstico del ADN mitocondrial. Hay que tener en cuenta que menos del 10% de los neandertales analizados han demostrado tener material genético conservado; no es de extrañar, pues, la escasez de datos genéticos. De todas estas secuencias fue posible inferir que los neandertales eran un grupo bastante uniforme desde un punto de vista genético, al menos de la misma magnitud que los humanos modernos. Esto es congruente también con la uniformidad morfológica que observamos en el registro fósil de los neandertales. Mientras tanto, en el año 2003 participé, junto a un grupo de colegas italianos, en una investigación que consiguió recuperar, por primera vez, ADN mitocondrial de dos cromañones, datados hace unos veinticinco mil años. Sus secuencias eran idénticas a algunas presentes en los europeos actuales, lo que demostraba que los cromañones eran genéticamente como nosotros, y muy diferentes, por tanto, de los neandertales.

En el año 2004, Antonio Rosas (del Museo Nacional de Ciencias Naturales de Madrid) contactó conmigo para intentar recuperar ADN de los restos neandertales de El Sidrón (Asturias), procedentes de una cueva que estaban excavando los arqueólogos de la Universidad de Oviedo Javier Fortea y Marco de la Rasilla. El Sidrón es un sistema complejo kárstico, dentro del cual, a unos doscientos cincuenta metros de la entrada, están extrayéndose cantidades enormes de huesos neandertales, provenientes de al menos cinco individuos. Es, ahora mismo, el yacimiento neandertal más importante de España. A lo largo de la primavera de 2004, trabajé en el laboratorio con una muestra de diente de El Sidrón, hasta que el 19 de mayo pude obtener la secuencia de un pequeño fragmento de ADN mitocondrial de este individuo.

La secuencia era idéntica a la de otros neandertales, como Feldhofer 1, Vindija 75, 77 y 80. Era la primera vez que se obtenía una secuencia de neandertal de la Península Ibérica (y en general, del sur de Europa). La Península Ibérica representa el extremo oeste del mundo neandertal y el extremo sur de la distribución europea; debido a que los cromañones entraron por el este de Europa, era la región donde tuvieron lugar los encuentros más tardíos entre neandertales y cromañones. Por este motivo, era vital tener un dato genético de la Península Ibérica para estar seguros de que los neandertales eran efectivamente tan homogéneos como sugerían los análisis anteriores. Además, empleando técnicas estadísticas de inferencia filogenética, determinamos que el origen común de la variación genética neandertal podía establecerse hace doscientos cincuenta mil o trescientos mil años, una edad que es coherente con la aparición de la morfología neandertal «clásica» en el registro fósil y que, curiosamente, coincide también con la llegada de la industria lítica musteriense al continente europeo. Podría ser que la andadura neandertal estuviera relacionada con un evento de especiación que afectó a algunas poblaciones de *heidelbergensis* y a su expansión posterior gracias a una industria lítica mejorada. Naturalmente, la obtención de más secuencias permitirá afinar más estas

estimaciones en el futuro. Las secuencias de neandertal siempre serán una rareza, pero el descubrimiento de nuevos restos en el futuro podría permitir aumentar ligeramente la cifra de secuencias disponibles, quizás hasta un máximo de veinte.

Los estudios genéticos sobre neandertales constituyen una ventana única al pasado, una oportunidad excepcional para obtener datos objetivos sobre otra especie de humanos que por unos pocos miles de años no hemos llegado a conocer. Estudiando más y más secuencias, podríamos reconstruir los procesos demográficos y migratorios que afectaron a los neandertales a lo largo de su periplo evolutivo propio y podríamos, de esta manera, compararlos con los que ha sufrido nuestra especie desde que salió de África.

El futuro de los estudios paleogenéticos es muy prometedor y su techo casi lo impone nuestra imaginación. Diversas innovaciones técnicas y la capacidad actual de tipajes genéticos masivos permiten ahora recuperar miles o incluso centenares de miles de fragmentos de genes nucleares en muestras bien conservadas. Recientemente, investigadores del Instituto Max Planck han creado una librería genómica del extinto oso de las cavernas, y su intención es aplicar la misma aproximación a los neandertales mediante un gran proyecto financiado por los Institutos Nacionales de Salud de los Estados Unidos. Algunos investigadores se han sentido defraudados con la información evolutiva proporcionada por el reciente proyecto de secuenciación del chimpancé y lo han atribuido al hecho de que la separación del linaje del chimpancé y del ser humano tiene unos seis o siete millones de años de antigüedad y es, por tanto, bastante lejana. La consecución del genoma neandertal nos proporcionaría información evolutiva más cercana en el tiempo, que permitiría concretar los genes que hacen que los humanos seamos humanos (aquellos que serían diferentes en los humanos e iguales en los neandertales y chimpancés). Por el contrario, la obtención de genes que presentaran diferencias funcionales en los neandertales y no en chimpancés y humanos nos permitiría conocer finalmente el proceso evolutivo propio de estos humanos extinguidos. De esta manera, podríamos llegar a entender, en su nivel más profundo, los cambios morfológicos -y probablemente fisiológicos- que durante ciento cincuenta años los antropólogos han descrito en los huesos de neandertal. No cabe duda de que toda esta información modificará la concepción filosófica que tenemos de nosotros mismos y de nuestra excepcionalidad en el mundo natural.