



[TENDENCIAS]

El Homo sapiens descende de al menos dos especies humanas

Estudio genético sugiere que se trata de especies que se separaron durante un millón de años y volvieron a reunirse.

Agencia EFE

La opinión hasta ahora ha sido que el Homo sapiens surgió de África hace entre 200.000 y 300.000 años a partir de un único linaje, pero un reciente estudio refuerza algo que ya se comenzaba a discutir, como es la posibilidad de que la especie no descienda de una, sino de al menos dos poblaciones ancestrales.

Hace 1,5 millones de años, estas dos poblaciones humanas se separaron y hace 300.000 años volvieron a encontrarse. Como resultado, una aportó el 80% de la composición genética de los humanos modernos y la otra el 20%.

Esta es la principal conclusión de un estudio genético, liderado por Trevor Cousins, biólogo de la Universidad de Cambridge (Reino Unido).

“Nuestra investigación muestra indicios claros de que nuestros orígenes evolutivos son más complejos, con la participación de distintos grupos que se desarrollaron por separado durante más de un millón de años y luego volvieron para formar la especie humana moderna”, añadió el coautor, Richard Durbin, también de Cambridge.

Aunque se sabe que los neandertales y los denisovanos -dos especies extintas- se cruzaron con el Homo sapiens hace unos 50.000 años, el estudio sugiere que mucho antes de esas interacciones, hace unos 300.000 años, se produjo una mezcla genética mucho más sustancial.

Y a diferencia del ADN neandertal, que supone cerca del 2% del genoma de los humanos modernos no africanos, esta anti-



LA INVESTIGACIÓN FUE LIDERADA POR CIENTÍFICOS DE CAMBRIDGE.

gua mezcla aportó hasta 10 veces esa cantidad y se encuentra en todos los humanos modernos.

En lugar de extraer material genético de huesos antiguos, el equipo se basó en el análisis del ADN humano moderno, los datos procedentes del Proyecto 1000 Genomas, una iniciativa mundial que contiene secuencias de ADN de poblaciones de África, Asia, Europa y América.

El equipo desarrolló un algoritmo computacional llamado cobraa que modela cómo las antiguas poblaciones humanas se separaron y posteriormente se fusionaron, lo probó con datos simulados y lo aplicó a datos genéticos humanos reales del Pro-

yecto 1000 Genomas.

El estudio no sólo encontró pruebas de estas dos poblaciones ancestrales, sino que también detectó algunos cambios sorprendentes que tuvieron lugar después de que las dos poblaciones se separaran inicialmente.

“Inmediatamente después de que las dos poblaciones ancestrales se separaran, observamos un grave cuello de botella en una de ellas, lo que sugiere que se redujo a un tamaño muy pequeño antes de crecer lentamente durante un periodo de un millón de años”, explicó el coautor, Aylwyn Scally.

“Esta población aportaría posteriormente alrededor del 80% del material

genético de los humanos modernos, y también parece haber sido la población ancestral de la que divergieron neandertales y denisovanos”.

Además, “algunos de los genes de la población que aportó una minoría de nuestro material genético, en particular los relacionados con la función cerebral y el procesamiento neuronal, pueden haber desempeñado un papel crucial en la evolución humana”, apuntó Cousins.

También hallaron que los genes heredados de la segunda población solían estar lejos de regiones del genoma vinculadas a funciones génicas, lo que apunta a un proceso conocido como selección puri-

ficadora, en el que la selección natural elimina las mutaciones perjudiciales con el paso del tiempo.

NUEVO MÉTODO

El equipo defiende que su método podría ayudar a transformar la forma en que los científicos estudian la evolución de otras especies: “Lo que está quedando claro es que la idea de que las especies evolucionan en linajes limpios y distintos es simplista”, subrayó Cousins.

“Es probable que el mestizaje y el intercambio genético hayan desempeñado un papel importante en la aparición de nuevas especies repetidamente en todo el reino animal”, añadió.

Las pruebas fósiles sugieren que especies como Homo erectus y Homo heidelbergensis vivieron tanto en África como en otras regiones en este periodo, lo que las convierte en posibles candidatas para estas poblaciones ancestrales, aunque harán falta más investigaciones (y quizá más pruebas) para identificar qué antepasados genéticos correspondían a cada grupo fósil.

Para el paleogenetista del Instituto de Biología Evolutiva (IBE) de Barcelona, Carles Lalueza-Fox, el estudio de Durbin, “un biólogo computacional de un prestigio enorme”, contiene “resultados interesantes porque van en contra del pensamiento generalizado de que nuestra especie tiene un origen difuso, pan-africano”.

Esta idea, apuntó, “siempre me ha parecido una idea con un fuerte componente ideológico y con poco fundamento científico. Personalmente creo que la diversidad de homínidos en África estaba fuertemente estructurada geográfica y genéticamente, lo que no va en contra de que hubiera poblaciones con rasgos físicos y simbólicos que identificamos como modernos”.

A su juicio, una derivada del estudio sería “mirar con nuevos ojos al registro fósil africano del último millón de años para ver si es posible identificar estas dos poblaciones o especies ancestrales. Desafortunadamente es un período incompleto y si duda contencioso de interpretar”.

Aunque “siempre he pensado que la arqueología africana en torno a medio millón de años atrás es clave para conocer el origen de nuestra especie”, concluyó el experto. 🌐