

● CIENCIA

EL ADN SUGIERE QUE EL HOMO SAPIENS DESCIENDE DE AL MENOS DOS ESPECIES HUMANAS ANCESTRALES

CAMBRIDGE. A diferencia de lo que se creía hasta ahora, que evolucionamos a partir de un solo linaje, una investigación descubrió una mezcla en la genética del humano moderno.

Efe

Hasta ahora, la opinión predominante 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 estudio sugiere que nuestra especie no desciende 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 de ellas 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 del Departamento de Genética de la Universidad de Cambridge (Reino Unido), publicado en la revista Nature Genetics.

"Durante mucho tiempo se ha supuesto que evolucionamos a partir de un único linaje ancestral continuo, pero los detalles exactos de nuestros orígenes son inciertos", comentó Cousins.

"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 humanas 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 representa cerca del 2% del genoma de los humanos modernos no africanos, esta antigua mezcla aportó hasta 10 veces esa cantidad y se encuentra en todos los humanos modernos.

UN ESTUDIO GENÉTICO

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, iniciativa mundial que contiene secuencias de ADN de poblaciones de África, Asia, Europa y América.

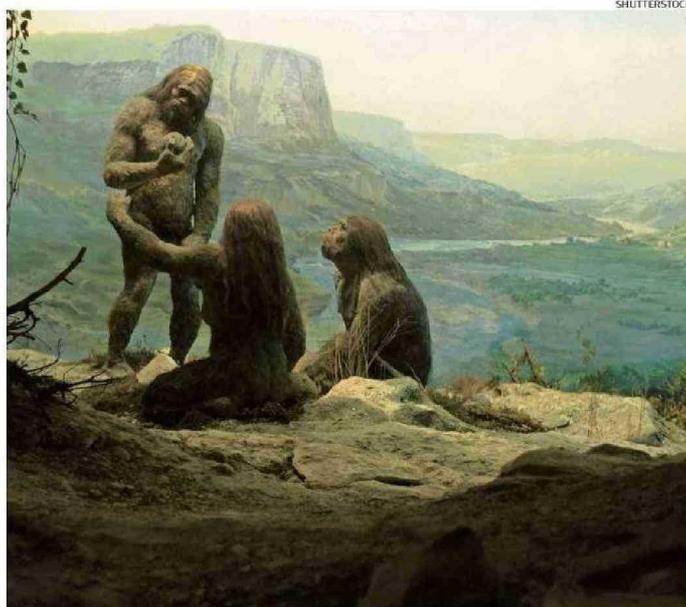
ca, Asia, Europa y América.

El equipo desarrolló un algoritmo computacional 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 Proyecto 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, de Cambridge.

"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".



UNA ESPECIE ANCESTRAL COMPONE EL 80% DE LA GENÉTICA DEL HUMANO MODERNO Y LA OTRA, EL 20%.

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 descubrieron que los genes heredados de la segunda población solían estar lejos de regiones del genoma vinculadas a funciones genéticas, lo que apunta a un proceso conocido como selección purificadora, en el que la selección natural elimina las mutaciones perjudiciales con el paso del tiempo.

UN 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 demasiado 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.

OPINIÓN DE LOS EXPERTOS

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 a Efe- "siempre me ha parecido con un fuerte componente ideológico y con poco fundamento científico. Creo que la diversidad de homínidos en África estaba fuertemente estructurada geográficamente 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 bastante incompleto y si duda contencioso de interpretar".