

El proyecto genoma Neandertal arranca con un millón de 'letras' de ADN de un fósil

Los científicos anuncian una descripción completa para 2008 de la especie extinta

JAVIER SAMPEDRO, Madrid
Muchos expertos lo consideraban imposible, pero el proyecto genoma Neandertal está en marcha, y hoy presenta en *Nature* y *Science* una espectacular haza-

ña técnica: la secuencia de su primera megabase, o lectura de un millón de letras del ADN fósil de esa especie hermana, desaparecida hace 30 milenios. Los datos ya han permitido calcular que los

neandertales se separaron de nuestra especie hace 500.000 años. Cuando el genoma esté completo, en 2008, sabremos si hablaban, cuáles eran sus talentos y, sobre todo, cuáles son las claves genéticas

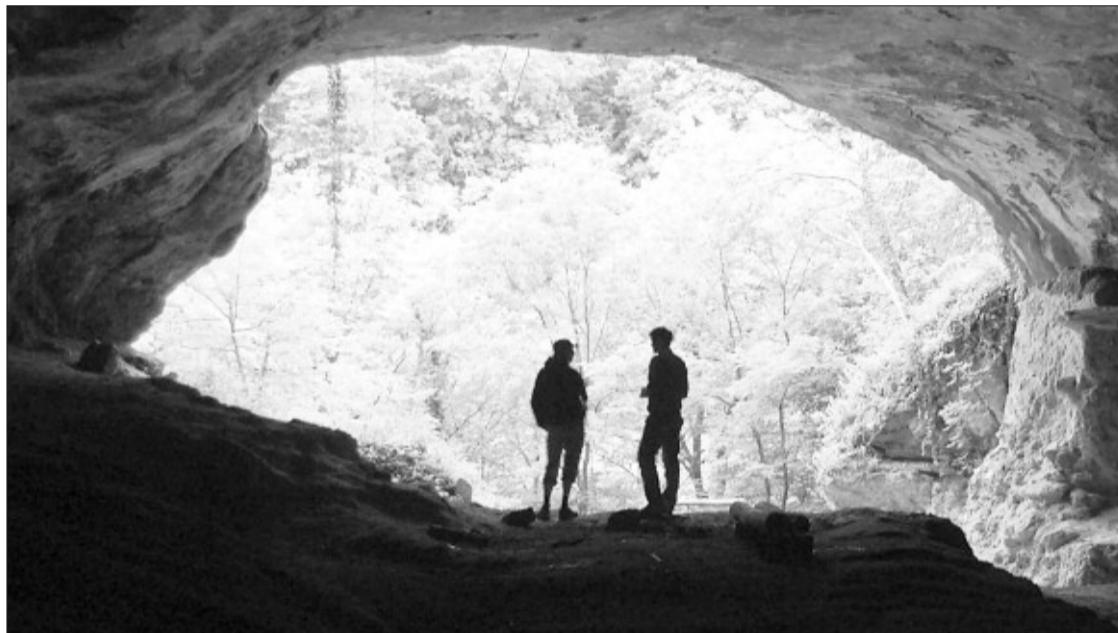
de los nuestros. Las mutaciones esenciales para la evolución humana han ocurrido durante la divergencia entre las dos especies, y la comparación entre los dos genomas es un diamante biológico.

El proyecto Neandertal es una colaboración de una veintena de científicos alemanes, norteamericanos y croatas. Su alma es Svante Pääbo, director del Instituto Max Planck de Antropología Evolutiva, en Leipzig, y su principal objetivo no es entender a los neandertales, ni mucho menos reconstruir a uno al estilo de *Parque Jurásico*, sino averiguar las claves de la evolución de nuestra especie, el *Homo sapiens*.

Pääbo ya estuvo detrás del proyecto genoma del chimpancé, cuyo objetivo era el mismo: compararlo con el humano para localizar las diferencias genéticas que explican nuestras capacidades cognitivas y enfermedades específicas.

Pero esas comparaciones han revelado 35 millones de cambios de letra (*snips*) y otras muchas inserciones o deleciones de segmentos, acumulados durante cinco o seis millones de años de separación. Y la mayoría de las mutaciones cruciales para la evolución humana son recientes, lo que en este contexto quiere decir que han ocurrido en los últimos 500.000 años.

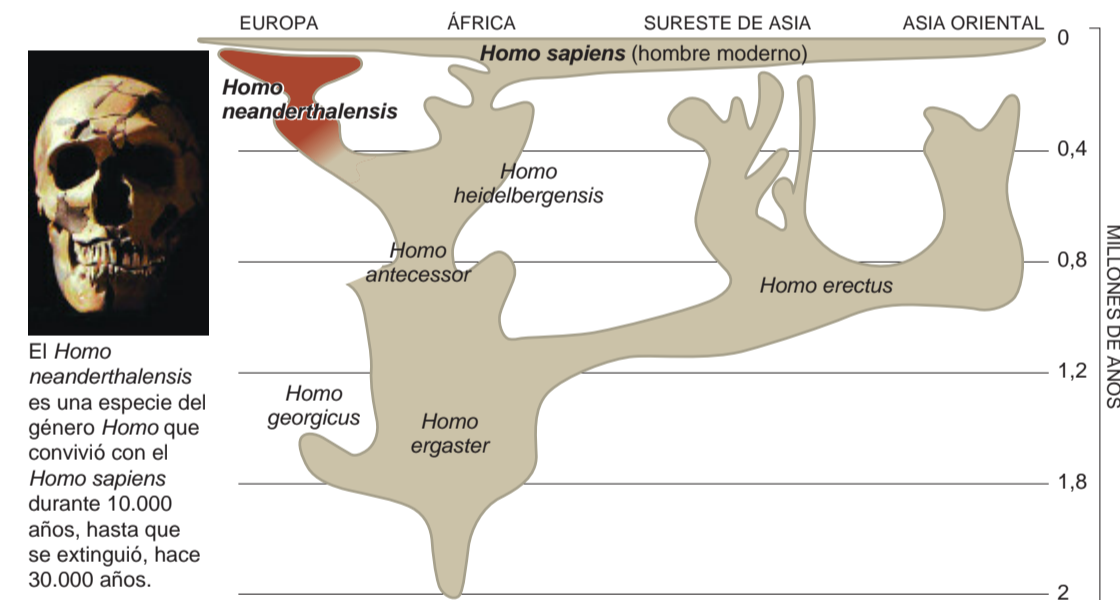
Y también quiere decir que comparar el genoma humano con el del chimpancé no es tan útil como hacerlo con el del homínido más próximo a nuestra especie, aunque éste se extinguiera hace 30.000 años. Ésta es la razón que ha movido a Pääbo a interesarse por el genoma del



La cueva de Vindija, en Croacia. / JOHANNES KRAUSE

El genoma del Neandertal

EVOLUCIÓN DEL HOMBRE



El *Homo neanderthalensis* es una especie del género *Homo* que convivió con el *Homo sapiens* durante 10.000 años, hasta que se extinguió, hace 30.000 años.

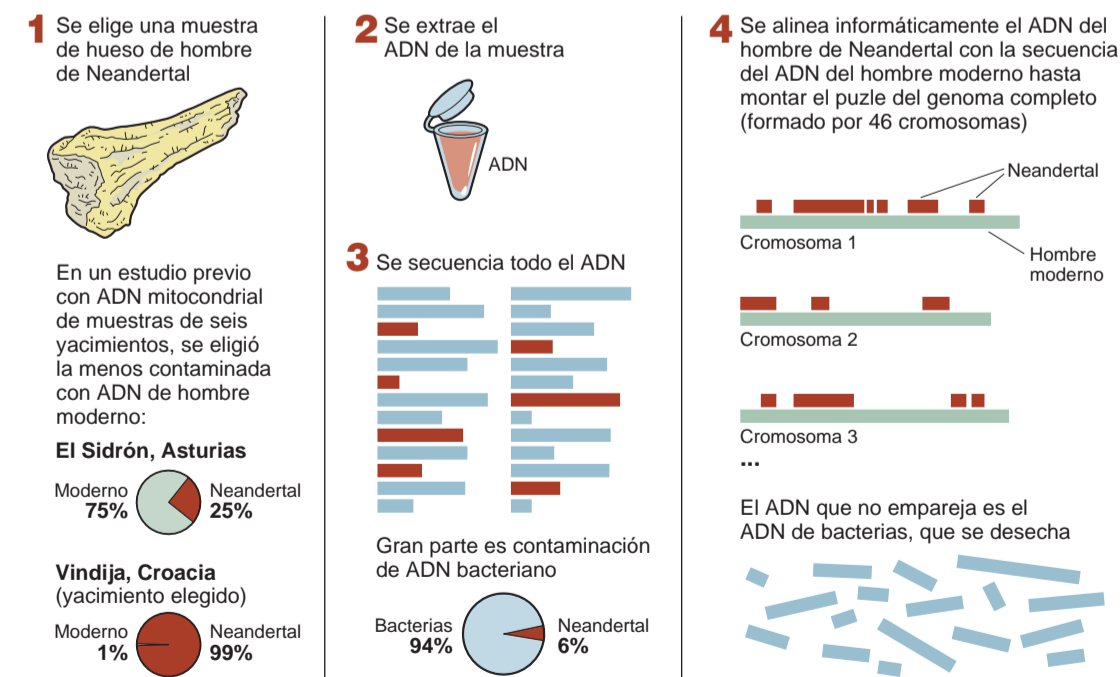
Las dos especies se separaron hace unos 500.000 años. Los cruces fueron infrecuentes

hombre de Neandertal, pese a que la mayor parte de sus colegas lo consideraban imposible técnicamente.

Hace casi exactamente 150 años que los neandertales fueron reconocidos como una especie peculiar de homínidos —los primeros fósiles se habían descubierto unos años antes en el valle de Neander, junto a Düsseldorf—, y los paleontólogos han documentado desde entonces que camparon por Europa y Asia occidental desde hace unos 400.000 años.

Nuestra especie salió de África hace 50.000 años y, cuando llegó a Europa, hace 40.000, los neandertales aún estaban allí. Ambos coexistieron durante 10 milenios, y no está claro en qué circunstancias. Hay evidencias de que algunos neandertales adoptaron ornamentos corporales de los sapiens y, la semana pasada, Bruce Lahn, de la Universidad de Chicago, presentó pruebas de que los neandertales nos pasaron un gen esencial para el desarrollo del cerebro. Ello implicaría, naturalmente, que las dos especies se cruzaron, aunque sólo infrecuentemente.

PROCESO DE SECUENCIACIÓN



Fuente: Nature y elaboración propia.

La lectura del primer millón de bases arroja algo de luz sobre estas cuestiones. La comparación entre *sapiens* y *neandertales*

permite calcular que las dos especies se separaron hace 500.000 años. Pero el porcentaje de cambios de letra en que los neander-

tales llevan la versión moderna es tan inesperadamente alto (30%) que, según los científicos, "es incompatible con un modelo de se-

paración simple entre las dos especies", y "sugiere un flujo genético entre los humanos modernos y los neandertales". Concretamente, ese flujo sería probablemente "desde los hombres modernos" hacia las mujeres neandertales, aunque los investigadores admiten que se necesitan más datos para afianzar este punto.

Varios estudios recientes apuntan a un flujo genético limitado entre las dos especies, que habría dejado una huella no superior al 5% en el genoma de la humanidad actual. Los estudios de ADN antiguo no habían detectado ese flujo hasta ahora porque se habían hecho con ADN mitocondrial. Las mitocondrias son unos pequeños órganos (*orgánulos*) del interior de las células que funcionan como factorias energéticas. En la fecundación, sólo son aportadas por el óvulo. Si los escasos cruces entre las dos especies fueron de hombres sapiens con mujeres neandertales, el ADN mitocondrial no sería un buen criterio para detectar la hibridación.

Otro dato inesperado es el tamaño de la población fundadora de los neandertales, el grupo a partir del cual se originó toda la especie. Como el fósil del que se obtuvo el ADN tiene dos juegos de cromosomas —como todo mamífero—, las diferencias entre un juego y otro dan una idea de la cantidad de variación genética existente en la especie. Y a partir

Todavía no se ha encontrado en los neandertales la mutación del habla

de esa variación se puede inferir cuál era la variación de partida, es decir, cuántos individuos formaban la población fundadora. Y el resultado es que eran muy pocos: no más de 3.000. Es un número muy similar al calculado hace años para nuestra especie, que fue una sorpresa en su momento (por lo pequeño).

"Nuestra conjetura", escriben los científicos, "es que ese pequeño tamaño, tal vez asociado con numerosas expansiones a partir de cuellos de botella, ha sido típico no sólo del *Homo sapiens*, sino de muchos grupos del género *Homo*. De hecho, el origen del *Homo erectus* [el primer representante del género al que pertenecemos] pudo estar asociado con adaptaciones culturales o genéticas que resultaron en drásticas expansiones de población, como indica su aparición fuera de África hace dos millones de años".

Tarde o temprano aparecerá el gen FOXP2 de los neandertales: el *gen del lenguaje*. Un solo cambio de letra en ese gen se asocia a la capacidad humana del lenguaje. En este caso, una letra valdrá por mil imágenes.

HEBER LONGÁS / EL PAÍS