

Los humanos modernos no africanos comparten entre 1 % y 4 % de los genes con los neandertales

Así lo confirma un equipo internacional de científicos con participación española que presenta en el último número de *Science* el primer borrador del genoma neandertal. El estudio, que comparó el genoma de neandertal con el de cinco seres humanos de la época actual, demuestra que los humanos primitivos se mezclaron con Neandertales en el Oriente Próximo, tras salir de África y antes de extenderse hacia Eurasia.

SINC

6/5/2010 20:00 CEST



Varios cráneos de neandertales y, al fondo, un cráneo de *Homo sapiens*. Foto: CSIC.

Los neandertales son unos de los parientes evolutivos más cercanos de los seres humanos modernos. Surgieron hace cerca de 400.000 años, se extendieron a lo largo de Europa y Asia Occidental, y se extinguieron hace aproximadamente 30.000 años.

El primer borrador del genoma neandertal, que publica hoy la revista *Science*, demuestra que durante esas migraciones los antepasados de los seres

humanos modernos se hibridaron a su salida de África con los neandertales hace menos de 100.000 años. El resultado es que el humano moderno no africano (las poblaciones africanas no se mezclaron con neandertales) comparte entre 1 y 4% de los genes con los neandertales.

“Prácticamente todo nuestro ADN es muy similar a los neandertales ya que estamos evolutivamente muy próximos. Lo que los no africanos compartimos especialmente con ellos son variantes en rasgos no fundamentales de nuestra biología”, señala a SINC Antonio Rosas, uno de los autores del estudio y paleobiólogo en el Museo Nacional de Ciencias Naturales (CSIC).

Según los investigadores, liderados por el Instituto Max-Planck de Antropología Evolutiva en Leipzig (Alemania), el porcentaje "relativamente bajo" de ADN de neandertal en el genoma del humano moderno podría sugerir que el entrecruzamiento fue “bastante limitado”.

“Hubo flujo génico entre neandertales y el tronco común de todas las poblaciones no africanas hace unos 80.000, cuando estas salían de África. La información genética neandertal incorporada a la descendencia de esa población humana, aunque escasa, pronto se dispersó dado un inferido elevado crecimiento demográfico. Se dice que el ADN neandertal pudo “surfear” en el ADN moderno”, apunta a SINC Rosas.



Mandíbulas de neandertal encontradas en la cueva asturiana de El Sidrón.

La exclusividad genómica del hombre moderno

Los investigadores compararon el genoma del neandertal con los genomas de cinco humanos de la época moderna procedentes de diferentes lugares del mundo: un sudafricano del grupo San, un africano del grupo Yoruba, un chino Han, un francés, y un nativo de Papúa-Nueva Guinea.

Los resultados revelan una variedad de genes que son únicos en los humanos actuales, incluso un “puñado” de genes que se propagaron

rápidamente entre el *Homo sapiens* después de que humanos y neandertales se separaran de un ancestro común.

Los hallazgos también ofrecen una lista preliminar de regiones genómicas y genes claves para la identidad humana. “Por primera vez podemos identificar ahora características genéticas que nos diferencian del resto de los organismos, incluyendo nuestros parientes evolutivos más cercanos”, señala Svante Pääbo, autor principal e investigador en el Instituto Max-Planck.



Interior de la cueva del yacimiento croata de Vindija.

Según el paleobiólogo español, la investigación ha permitido identificar 83 genes específicos de *Homo sapiens*. “Estos están relacionados con funciones cognitivas, con la anatomía y fisiología de la piel, y con el desarrollo esquelético del cráneo”, declara Rosas quien añade: “Con el avance de la investigación se identificarán otros genes, y también genes específicos de neandertales”.

Por ahora, los genes identificados corresponden a aspectos fisiológicos, metabólicos, morfológicos y cognitivos -éstos últimos implicados en el síndrome de Down, la esquizofrenia y el autismo- que presentan diferencias entre los sapiens y los neandertales. No obstante, aún se desconocen las funciones concretas que se relacionarían con los cambios genéticos.

Genes con diferentes funciones

Entre los genes con funciones dispares destaca el gen SPAG17, que desempeña un papel importante en el movimiento del esperma; el TTF1, que es un factor de transcripción que activa otros genes; el gen DCHS-1, que codifica para una proteína que interviene en la adhesión entre células y que está implicada en la cicatrización de heridas; el gen RPTN que interviene en las glándulas sudoríparas, la raíz de los cabellos y las papilas de la lengua; y el gen SOLH, que codifica para una proteína de la cual todavía se desconoce su función.

Otros genes que han podido experimentar cambios evolutivos en uno u otro

linaje son el gen TRPM1, que codifica para una proteína implicada en la pigmentación; el gen AUTS2, que codifica para una proteína que se expresa en el cerebro durante el desarrollo neuronal e implicada en casos de autismo; el ACCN1 y el CADP2, también implicados en el autismo; el NRG3, implicado en la esquizofrenia; el gen THADA, que se ha asociado a diabetes de tipo II en algunos estudios, y el gen RUNX2, que interviene en la osificación esquelética y que está implicado en un trastorno conocido como displasia cleidocraneal.

Asturias es una de las claves

Los científicos obtuvieron el borrador genómico a partir de tres muestras procedentes del yacimiento croata de Vindija, correspondientes a tres individuos femeninos diferentes. El borrador se completó con la secuenciación parcial de otros tres neandertales de Mezmaiskaya (Rusia), de Feldhofer (Alemania), y de la cueva de El Sidrón (Asturias).

La aportación científica del yacimiento asturiano viene de [Javier Fortea](#), director del Área de Prehistoria de la Universidad de Oviedo, fallecido en octubre de 2009, y al que “debemos mucho”, proclama Rosas.

“Siempre fue un hombre al que no le asustaban los retos. Fue capaz de acometer con todo el rigor la excavación científica de El Sidrón y supo acomodar su amplio saber sobre la Prehistoria a las nuevas técnicas y conceptos. Con su generosidad y entrega supo sabiamente dirigir aspectos claves de la investigación que ahora se publica”, atestigua el investigador del MNCN-CSIC.

Para [analizar los restos de la cueva de El Sidrón](#), los científicos españoles usaron nuevas tecnologías de ultrasecuenciación masiva que permiten estudiar millones de secuencias de ADN a partir de huesos antiguos. Del individuo masculino analizado en este yacimiento se generaron 2,2 millones de nucleótidos.

De la muestra de El Sidrón, cuya excavación dirige ahora el arqueólogo de la Universidad de Oviedo, Marco de la Rasilla, también se han genotipado todas aquellas posiciones de genes en las que difieren los humanos modernos y los chimpacés.

Referencias bibliográficas:

Green, R.E. et al. "A draft sequence and preliminary analysis of the Neandertal genome". *Science* vol 328, 7 de mayo de 2010.

Burbano, H.A. et al. "Targeted Investigation of the Neandertal Genome by Array-Based Sequence Capture". *Science* vol 328, 7 de mayo de 2010.

Derechos: **Creative Commons**

TAGS

NEANDERTAL | HUMANOS | ADN | GENES | SECUENCIA | GENOMA |

Creative Commons 4.0

Puedes copiar, difundir y transformar los contenidos de SINC. [Lee las condiciones de nuestra licencia](#)