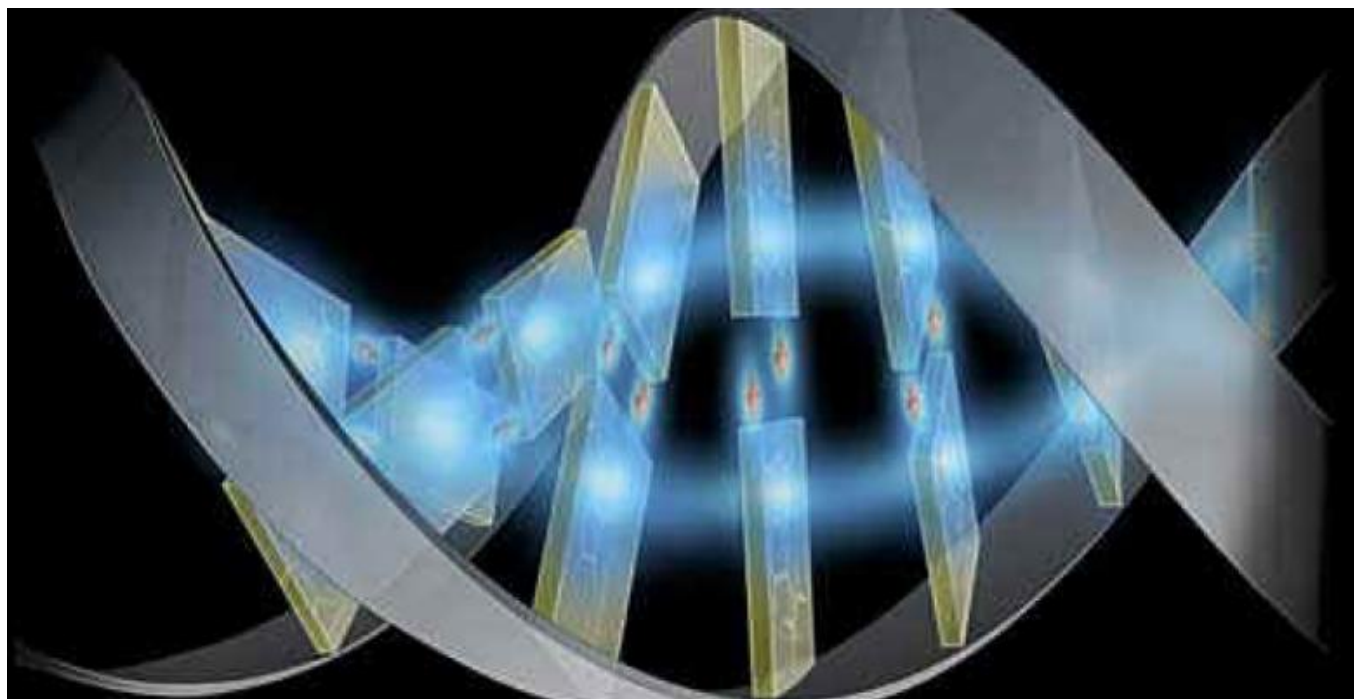

Decodifican en España el genoma humano más antiguo

05/12/2013



La decodificación de la secuencia genética de unos huesos humanos de más de 400.000 años abre una nueva frontera en el estudio de nuestros ancestros.

Ese es el veredicto de expertos en evolución humana después de que se publicara en la revista Nature un estudio sobre el genoma más antiguo hasta ahora secuenciado.

El resultado, además, es muy sorprendente y resulta que arroja más incógnitas que respuestas sobre la evolución humana.

El material del estudio procede de Atapuerca, España. Más concretamente, del yacimiento conocido como La Sima de los Huesos, el mayor del mundo en fósiles de homínidos del Pleistoceno Medio, periodo que va de hace 700.000 a 100.000 años.

Los antropólogos encontraron la "sorpresa" de que está relacionado con el homínido de Denisova de Siberia, lo que lleva a pensar que la evolución humana ha sido más complicada de lo que se creía.

Los fósiles presentan rasgos típicos del neandertal y pertenecen a una especie ancestral conocida como *homo hidelbergensis*, o como sugiere el paleoantropólogo británico Chris Stringer sugiere, un ejemplo primitivo del linaje del neandertal.

La tendencia del ADN a deshacerse con el paso del tiempo había hecho que hasta ahora no se hubiera podido decodificar el genoma de homínidos tan antiguos.

Pero las últimas evoluciones tecnológicas en el proceso de secuencias genéticas ha sorprendido a muchos científicos.

"Hace años, los genetistas aseguraban que no se podría encontrar ADN más antiguo de 60.000 años. Por supuesto no era cierto. Las técnicas han avanzado enormemente", dijo Jose Bermúdez de Castro, miembro del equipo de excavación de la Sima de los Huesos.

De Siberia a Iberia

Los investigadores del Instituto Max Planck de Antropología Evolutiva de Leipzig (Alemania) se han encargado de impulsar tales avances bajo la supervisión del profesor Svante Paabo.

Paabo, director del instituto, comentó que en cualquier caso los resultados "demuestran que ahora se puede estudiar ADN de ancestros humanos de cientos de miles de años".

Los científicos fueron capaces de ensamblar casi al completo el ADN mitocondrial (el material genético contenido en las pequeñísimas "baterías" que dan energía a las células) de un fémur.

Luego compararon el resultado con el código genético de humanos de la actualidad, simios, neandertales y el que resultó ser su pariente, el grupo de Denisova.

El hecho de que estuviera emparentado con el grupo siberiano fue una sorpresa: está genéticamente más cerca del geográficamente más alejado, según comentó Matthias Meyer, otro de los coautores del estudio.

"Es sorprendente en tanto los restos del esqueleto tienen características derivadas del neandertal", dijo Meyer.

El científico explicó que el descubrimiento puede tener tres explicaciones: una es que estuvieran relacionados con un pariente común del neandertal y su grupo hermano, el Denisova.

Ese grupo es un homínido identificado sólo por el ADN de unos huesos hallados en los montes Urales. Su relación con los humanos no está clara. Para algunos científicos se trata de un "genoma a la búsqueda de fósiles".

Desorden en el medio

Así que hay varias explicaciones al hecho de que la genética del Denisova aparezca en el Pleistoceno Medio de lo que ahora es España.

Primero, que el ADN mitocondrial de Atapuerca provenga de una población incluso más antigua de ancestros humanos compartidos por los homínidos españoles y el Denisova. Este linaje debe haberse perdido de los genes del neandertal.

Secundariamente, el cruzamiento entre los homínidos de la Sima de los Huesos (o sus ancestros) y otra especie anterior que trajera la carga genética del Denisova a la población occidental.

El profesor Chris Stringer, del Museo de Historia Natural de Londres, le dijo a la BBC que se trata de un descubrimiento "muy excitante". "Tener ADN de fósiles de 400.000 años de verdad empieza a abrir toda una nueva área de interés".

"Necesitamos todo los datos que podamos obtener para reconstruir toda la historia de la evolución humana. No podemos hacerlo sólo con herramientas de piedra o de los fósiles. Tener el genoma nos da toda una nueva forma de mirarlo", agregó.

