

EVOLUCIÓN HUMANA

¿Fueron asimilados los neandertales por nuestra especie?

Los últimos datos genómicos permiten suponer que los últimos neandertales no fueron sustituidos por los humanos modernos, sino absorbidos por ellos

CARLES LALUEZA FOX



NUMEROSOS DATOS señalan que los neandertales vivían en pequeños grupos familiares. El genoma antiguo de cuatro humanos modernos europeos contiene elementos neandertales de incorporación reciente, lo cual indica que el cruce con ellos fue habitual.

En la región occidental de Eurasia, los restos de humanos anatómicamente modernos de la supuesta época de contacto con los neandertales, en el Pleistoceno tardío (hace entre 40.000 y 50.000 años), se cuentan con los dedos de la mano. Solamente se han obtenido abundantes datos genómicos de dos de ellos: el hombre de Ust-Ishim, en Siberia occidental, y el de Oase I, en Rumanía, con una antigüedad de 45.000 años y entre 37.000 y 42.000 años, respectivamente. Por esta razón, sabemos poco sobre las afinidades genéticas y las dinámicas demográficas de los primeros humanos modernos que se asentaron en Eurasia.

En cambio, hay más neandertales de la misma época de los cuales se han ob-

tenido datos a escala genómica. Son los hallados en los yacimientos de Les Cottés (Francia), Spy (Bélgica), Goyet (Bélgica), Vindija (Croacia), Mezmaiskaya (Rusia) y El Sidrón (Asturias).

Y hace poco se ha publicado el genoma de otros cuatro europeos modernos. En un artículo publicado en *Nature*, Mateja Hajdinjak, del Instituto Max Planck de Antropología Evolutiva, en Leipzig, y sus colaboradores han presentado los datos de los polimorfismos mononucleotídicos (SNP) en el genoma de tres individuos procedentes de la cueva de Bacho Kiro, en Bulgaria; y en *Nature Ecology & Evolution*, Kay Prüfer, del Instituto Max Planck para la Ciencia de la Historia Humana, en Jena, y sus colaboradores han descrito el

genoma de una mujer de Zlatý Kůň, en la República Checa. Con una antigüedad fechada por radiocarbono de entre 42.580 y 45.930 años, los restos de Bacho Kiro corresponden a los europeos modernos más antiguos de los que se dispone de datación fehaciente. Pese a los repetidos intentos, no se han podido fechar los restos de Zlatý Kůň mediante radiocarbono, pero los datos moleculares indican que tienen más de 45.000 años, de modo que pertenecen al cráneo más antiguo que se ha conservado casi íntegro en el continente, y posiblemente son contemporáneos a los habitantes de Bacho Kiro. Kůň

Las relaciones genéticas de estos nuevos genomas con las poblaciones humanas actuales revelan una diferencia sorpren-



dente entre ambos yacimientos: Zlatý Kůň no aportó nada a los europeos y asiáticos modernos, como tampoco Oase 1, aunque de este último solo contamos con datos de SNP, así que no sabemos si podría pertenecer a la misma población que la de Zlatý Kůň; en cambio, los individuos de Bacho Kiro están relacionados con poblaciones orientales y americanas posteriores. Esta intrigante heterogeneidad demuestra la existencia de poblaciones humanas diferenciadas en el Paleolítico superior. Para entender mejor la expansión de los humanos modernos por Eurasia, sin duda hará falta secuenciar más genomas antiguos.

Parientes neandertales cercanos

La genética nos ofrece información sobre ancestralidad, pero también ilumina la historia demográfica de las poblaciones antiguas y sus entrecruzamientos. Gracias al estudio de su genoma, sabemos que los neandertales sufrieron un largo declive demográfico —antes incluso de sus encuentros con los humanos modernos—, mientras que nuestra especie creció de forma ininterrumpida desde el éxodo africano de hace unos 65.000 años. Además, muchos datos genéticos, arqueológicos y paleoantropológicos señalan que los neandertales vivían en pequeños grupos familiares con una endogamia acumulada y, en algunos casos, una marcada consanguinidad.

Por el contrario, los primeros humanos modernos del Paleolítico superior, incluidos algunos individuos fechados poco después del período de contacto, como los de Kostenski 14 o los de Sunguir, ambos yacimientos rusos, no muestran signos de endogamia. En la línea de lo expuesto ahora por Hajdinjak y Prüfer,

estos hallazgos hacen pensar que las primeras poblaciones de humanos modernos eran sustancialmente mayores que las de los neandertales, y que sus redes sociales eran más extensas.

Dos genomas publicados anteriormente de humanos modernos del Pleistoceno tardío (Ust-Ishim y Oase1), contienen fragmentos de ADN neandertal notablemente más largos que las poblaciones actuales (Oase1 tenía un ancestro neandertal entre cuatro y seis generaciones atrás). Los genomas de humanos modernos que se han secuenciado ahora contienen la misma señal: todos ellos tenían ancestros neandertales muy recientes; un varón de Bacho Kiro, menos de seis generaciones antes. Esto indica que la introgresión de ADN neandertal en el genoma de los humanos modernos del Pleistoceno tardío habría sido habitual.

Curiosamente, por ahora no se ha detectado la señal contraria, es decir, la cesión de genes de humanos modernos a los neandertales. Quizá sea porque los humanos modernos toleraban los híbridos pero los neandertales, no; o quizá porque los neandertales repudiaban a los individuos mestizos. También es posible que su ausencia se deba, sencillamente, a la mayor fragmentación demográfica o incluso a diferencias genéticas. De hecho, las secuencias del cromosoma Y de algunos neandertales revelan mutaciones que podrían explicar la incompatibilidad de híbridos de padre neandertal. Habrá que investigar si estas coincidencias representan diferencias fundamentales en cuestiones como la cultura y la estructura social o si solo reflejan incompatibilidades biológicas.

YACIEMENTOS CON FÓSILES de los que se han obtenido datos de todo el genoma, en el supuesto período de contacto entre los neandertales y los humanos modernos, hace entre 40.000 y 50.000 años (los círculos azules corresponden a neandertales; los rojos, a humanos modernos; 1, El Sidrón, Asturias; 2, Spy, Bélgica; 3, Goyet, Bélgica; 4, Les Cottés, Francia; 5, Vindija, Croacia; 6, Mezmaiskaya, Rusia; 7, Oase 1, Rumanía; 8, Zlatý Kůň, Rep. Checa; 9, Bacho Kiro, Bulgaria; 10, Ust-Ishim, Rusia).

El hallazgo sistemático de ancestralidad neandertal reciente en los humanos modernos del Pleistoceno tardío indica que los cruces no eran la excepción, sino la regla. Los nuevos datos genómicos permiten suponer que los últimos neandertales no fueron sustituidos por los humanos modernos, sino absorbidos por ellos. La señal neandertal del genoma habría quedado diluida en el acervo genético del Paleolítico superior por las diferencias demográficas y, más adelante, por la llegada de sucesivas poblaciones con menos ascendencia neandertal. Entre los muchos cambios que ha habido últimamente en el marco conceptual de la evolución humana, este podría ser uno de los más espectaculares.

Carles Lalueza Fox dirige el Laboratorio de Paleogenómica en el Instituto de Biología Evolutiva, de la Universidad Pompeu Fabra y el CSIC.

Artículo original publicado en *Nature Ecology & Evolution*, vol. 5, págs. 711-712, 2021

Traducido con el permiso de Nature Research Group © 2021

Con la colaboración de **nature**

PARA SABER MÁS

Initial upper palaeolithic humans in Europe had recent neanderthal ancestry. Mateja Hajdinjak et al. en *Nature*, vol. 592, págs. 253-257, abril de 2021.

A genome sequence from a modern human skull over 45,000 years old from Zlatý Kůň in Czechia. Kay Prüfer et al. en *Nature Ecology & Evolution*, abril de 2021.

EN NUESTRO ARCHIVO

Neandertales y humanos modernos en la península ibérica: encuentros y desencuentros. Manuel Vaquero Rodríguez en *lyC*, octubre de 2018.

Nuestra herencia neandertal. Kate Wong en *lyC*, septiembre de 2010.