

Tejidos sin tejedores

PEC de Evolución Humana-I. Antropología social y cultural. UNED

José Vicente Pruñonosa. Enero 2020

Para la manera habitual en que trabaja nuestro razonamiento buscando explicaciones, en gran parte causales, entre los fenómenos que observamos, resulta difícil pasar a otro, más sistémico, en el que son las relaciones las que configuran tanto la emergencia de los procesos como su decaimiento.

No es extraño, por tanto, que a parte de las críticas de las jerarquías eclesiásticas, hubiera también un cierto rechazo “intelectual” inicial al planteamiento de Darwin en el sentido de que la evolución actuaba “a posteriori” como ciertas extrapolaciones de los mecanismos del azar y la selección natural que se enunciaron en “El Origen de las especies”. La propuesta de Lamarck resultaba mucho más comprensible.

Un reconocimiento de que, básicamente, el azar debe ser entendido, con humildad, como una estrategia para que la investigación no quede frenada por la incertidumbre causada por nuestro desconocimiento de todo lo que influye en un determinado evento, ha ido, afortunadamente, conduciéndonos a un camino más prometedor.

Por otra parte el advertir, como hace Máximo Sandin¹ que los condicionamientos sociales impregnan, inevitablemente, la elección de las variables más “relevantes” como es el caso de la selección natural en los procesos evolutivos, ha llevado a muchos investigadores a una sana autocrítica que abre nuevos horizontes.

En el caso de la hibridación entre Neandertales, Denisovanos y Homo sapiens sapiens, que es el objetivo de este breve comentario, esta humildad y autocrítica, así como ciertas dosis de pensamiento sistémico, se nos aparecen como imprescindibles para un acercamiento provechoso a tan apasionante tema.

Tratando de utilizar una metáfora que resuma esta aproximación nos puede resultar útil pensar que ciertas hebras se han ido entretejiendo, como en tantos procesos naturales, sin que ello signifique la existencia de ningún “tejedor” como propugnan los defensores del “diseño inteligente”. Que eso sea el efecto de complicados mecanismos de ajuste ambientales y no, principalmente, de un azar con selección posterior, como sugiere Sandin, basándose, entre otras fuentes, en los esclarecedores trabajos de Lynn Margulis², no implica la existencia de ese “tejedor”.

Para conocer cuáles pudieron ser las hebras y cual pudo ser el entretejido en el caso de nuestra especie repasemos los datos que conocemos, en estos momentos, gracias a la inestimable ayuda del proyecto Genoma Neandertal, cuyos resultados fueron divulgados en 2013 así como de investigaciones posteriores, en particular las que implican a los Denisovanos.

Como punto de partida, consideremos las dos hipótesis que los científicos han venido manejando sobre el origen de nuestra especie: La primera, conocida como “Out of Africa”,

¹ *Teoría Sintética: Crisis y Revolución* M. Sandin , 1997, ARBOR, nº 623-624, Tomo CLVIII

² *El origen de la célula eucariota*, L. Margulis y D. Sagan, 1985, Mundo científico 5 (46)

fundamentada, principalmente, en el estudio del ADN mitocondrial, establece que nuestra especie surgió en África, hace más de 150.000 años (hasta dónde se ha podido rastrear con este método, el registro fósil indica una fecha anterior entorno a los 300.000 años³) y que salió del continente en torno a hace 50.000 expandiéndose por todo el planeta sin mezclar sus genes con los de otros grupos herederos de especies del género Homo que habían salido de África con anterioridad.

La segunda, llamada “Multiregional” postula que el intercambio genético entre diversos descendientes del Homo Erectus tanto entre los que se mantuvieron en África como en los que salieron del continente, especialmente hacia Asia, fue continuo y dio lugar, con el paso del tiempo a la conformación del Homo sapiens.

Los resultados de la transcripción del genoma de los restos Neandertal analizados (con un sinfín de precauciones para evitar la contaminación con ADN de humanos “modernos” y para la mejor selección de los fragmentos) así como su comparación con las secuencias disponibles actuales de sapiens han evidenciado que en éstas, excepto en las que proceden de África, existe alrededor de un 2% de genoma Neandertal. Posteriormente se identificó un porcentaje similar de genoma de especies “arcaicas” no neandertal inserto en las actuales poblaciones africanas. Además y, por lo que respecta al primer resultado, utilizando el reloj molecular (a partir de la comparación de la separación filogenética del chimpancé) se estableció la separación entre los Neandertales y los Sapiens en, aproximadamente, 800.000 años y la hibridación (muy probablemente en Oriente medio) en torno a los 50-80.000.

El descubrimiento en 2008 en las cuevas de Denisovia de unos restos (una falange) cuyo ADN no se correspondía ni con el de los Neandertales ni con el de los sapiens contemporáneos suyos hizo que se retomaran los estudios comparativos y se obtuviera una separación de los Denisovanos y los Neandertales en torno a los 600.000 años, con una hibridación previa entre ellos y una posterior con los sapiens lo que aportaría un 5% adicional de ADN denisovano al de determinadas poblaciones de Oceanía⁴.

Como consecuencia se abrió paso una hipótesis intermedia entre las dos mencionadas anteriormente, dado que la de “Out of Africa” no encajaba adecuadamente con la hibridación y la “Multiregional” no resultaba coherente con los datos que se obtuvieron, en estudios complementarios, sobre el tamaño de estas poblaciones⁵. La que ahora goza de mayor aceptación es una modificación de la primera para incluir tanto la hibridación como sucesivas oleadas de salida de África de los sapiens.

Todo este camino no ha sido recorrido sin controversias. Tal vez la más importante la contradicción entre el ADN mitocondrial que, al menos hasta el presente, no ha revelado trazas de Neandertal entre los humanos modernos y el ADN nuclear que si lo ha hecho. Tampoco han aparecido dichas trazas en el cromosoma Y. Se han proporcionado posibles explicaciones a este hecho como la de que los descendientes de una madre neandertal y un padre sapiens sapiens pasaran a vivir con los neandertales y se extinguieran con ellos, lo que explicaría la ausencia de inserciones en el ADN mitocondrial neandertal ya que éste corresponde exclusivamente de las hembras o la de la ley Haldane que indica mayores

³ New fossils from Jebel Irhoud, Morocco ant the pan-African origin of Homo sapiens J.J. Hublin, 2017, Nature 546 pp 289-292

⁴ Neandertal ant Denisovan DNA from Pleistocene sediments Slon V. 2017, Science 356, pp 605-608

⁵ Right for the Wrong Reasons. Reflections on Modern Human Origins in the Post-Neanderthal Genome Era, T.W. Holliday et al, 2014, Current Antropology, V. 55 N. 6

probabilidades de inviabilidad o infertilidad entre heterocigotos, por lo que de los posibles hijos del cruzamiento sólo los de sexo femenino acabarían pudiendo reproducirse, lo que explicaría su ausencia en el cromosoma Y.

Pero no ha sido la única objeción. Hay quien ha defendido la posibilidad de que el ADN neandertal hallado fuera, en realidad, una supervivencia procedente de un ancestro común⁶. Sin embargo, utilizando de nuevo el reloj molecular, así como el análisis del desequilibrio entre ligamientos y los datos que aportan los fósiles, tal planteamiento no parece tener gran verosimilitud, dado que, teniendo en cuenta el tiempo transcurrido, no parece probable que estas “supervivencias” hubieran podido mantenerse sin el concurso de los neandertales y la posterior hibridación.

En apoyo de este planteamiento tenemos también hallazgos como el del niño de Lapedo encontrado en Portugal con una antigüedad de 24.500 años (se estima que los Neandertales habrían existido en el período que abarca desde hace 230.000 años hasta hace 28.000 en que se extinguirían los últimos “arrinconados” en el sur de la Península Ibérica) y que presenta características morfológicas híbridas o los restos de un *sapiens sapiens* conocido como Oase 1 de unos 40.000 años de antigüedad cuyo ADN presentaría 6-9% de Neandertal⁷ (correspondiente a una hibridación que se calcula en torno a las 4-6 generaciones) y que aunque no nos ha legado sus genes, ya que no perduraron hasta la actualidad, muestra que tal hibridación efectivamente ocurrió.

Finalmente, no podemos dejar de hacer referencia, a la discusión sobre el concepto de especie, ya que desde un punto de vista biológico la hibridación constatada abonaría el considerar a neandertales y *sapiens sapiens* como dos subespecies y los primeros deberían identificarse como *sapiens neanderthalensis*. Sin embargo algunos paleontólogos partidarios de una definición de especie más ligada a consideraciones morfológicas insisten en la denominación de *Homo Neanderthalensis* como si se tratase de dos especies diferentes.

Las conclusiones que, en mi opinión, se pueden obtener de este repaso y actualización son, por una parte, que la hibridación es un proceso constante en la naturaleza y que, aunque no exento de riesgos, permite obtener una base génica más amplia que dota de mayores recursos a la especie involucrada en su constante interrelación con el medio ambiente y por otra que, a pesar de todos los prejuicios derivados de las concepciones sociales en cada momento y lugar, el método científico, ha resultado ser, con frecuencia, el mecanismo más eficaz para acabar superándolos.

⁶ *Neanderthal and Denisova genetic affinities with contemporary humans: Introgression versus common ancestral polymorphisms*. R. Lowery et al. 2013 *Gene* 530 pp 83-94

⁷ *An early modern human from Romania with a recent Neanderthal ancestor* Q. Fu et al. 2015 *Nature* 524 pp 216-219