



Svante Pääbo y el Sorprendente Hombre de Neandertal

Profesionales del Siglo XXI



En el año de 1856, unos picapedreros desenterraron, en una cueva del Valle del Neander en Alemania, los huesos de un hombre bípedo, cavernícola, de cráneo y dientes masivos y más grande que el ser humano. Pronto aparecieron esqueletos similares al del hombre de Neandertal, que se encontraron en cuevas por toda Europa, desde España hasta la China, donde cohabitaban por milenios con el ser humano. No parecían ser de nuestra especie, ellos eran altos, más fornidos, con cráneos gruesos y mandíbulas que se distinguían por no tener un mentón (barbilla) prominente, como en nuestra especie *Homo sapiens*. El análisis de los esqueletos con carbono-14 indica que este "hermanoide" nuestro, salió de África hace unos 400 milenios, incluso antes que apareciera nuestra especie, se dispersó

ampliamente por Europa y Asia y luego desapareció de la faz de la Tierra hace 40 milenios. En total, existió durante más tiempo que nuestra propia especie lo ha hecho, que se estima apareció hace unos 200-300 milenios.

El siglo pasado, los cráneos y otros restos óseos eran la base de arqueología y su morfología la base de nuestra comprensión del proceso evolutivo.

Sin embargo, incrustado en esos huesos antiguos se encuentran secuencias de ADN genómico, dos genomas completos por cada célula, o sea, miles de copias en un fragmento de hueso o en un diente. Durante los últimos 50 años se han explorado métodos para aislar, amplificar y secuenciar este ADN, pues aunque esté degradado

la secuencia puede reconstruirse ya que existen tantas copias que se traslapan y permiten conocer la secuencia del ADN sin interrupciones.

En resumen, usando la tecnología de la PCR (reacción en cadena de la polimerasa; base del diagnóstico del Covid19) es posible secuenciar ADN antiguo aplicando programas de computación para empatar las secuencias emergentes hasta generar un genoma completo. Cada genoma puede secuenciarse más de una vez para aumentar la precisión. Cada especie que se secuencia aporta una mega base de datos que permite medir, con gran precisión, los cambios en las secuencias entre especies diferentes, vivas o extintas. Estos avances de la biología molecular y la informática, en pocos años cambiarían la situación inicial.

Con estas nuevas tecnologías moleculares a la mano, Svante Pääbo, un científico sueco radicado en Leipzig, Alemania, obtuvo el Premio Nobel de Medicina o Fisiología, por la secuencia completa del genoma del Hombre de Neandertal y otros genomas antiguos. Pääbo describe con gran candidez esta tremenda aventura en su libro *El Hombre de Neandertal*: en busca de genomas perdidos. Relata que esta maratón se inició

con su visita a un laboratorio en la Universidad de California, Berkeley, donde se desarrollaba la PCR con ADN antiguo (en 1988) y donde empezó a diseñar los procedimientos para aislar este ADN degradado, amplificarlo y secuenciarlo, empezando con un fragmento de momia que llevaba.

El genoma del hombre de Neandertal arrancó con el ADN mitocondrial en 2009, cuya secuencia resultó bastante diferente a la humana y generó un debate entre biólogos y antropólogos sobre nuestra relación con ellos: si se designan como *Homo sapiens neanderthalensis*, (una sub-especie humana) o como *Homo neanderthalensis*, una especie diferente, dentro del mismo género *Homo*.

Sin embargo, luego de publicar la secuencia del genoma nuclear Neandertal en 2010, ¡los resultados de Pääbo y su grupo volvieron a sorprender! El genoma nuclear presenta mayor similitud que lo esperado comparado al ADN mitocondrial, pero distinto al genoma humano y con claras "signaturas" ca-

racterísticas que aparecen luego de miles de años de separación de los dos genomas. Además, la secuencia del genoma Neandertal presenta ¡clara evidencia de cruce con ciertos grupos humanos! Genes Neandertales aparecen en europeos y asiáticos, no así en algunos africanos. Pääbo y otros proponen que los cruces que injertaron entre 1% y 4% de secuencias neandertales en el genoma humano, se dieron al salir los primeros *sapiens* de África hace unos 200 milenios. Luego ocurre la diseminación de estos genes neandertales en el genoma humano al dispersarse la especie humana en Eurasia para

cohabitar con el hombre de Neandertal durante más de 100 milenios, posiblemente como competidores.

Pääbo también describe la colaboración con científicos rusos para la secuenciación del genoma completo de otra especie humana más antigua que el Neandertal, cuyo ADN se obtuvo del dedo de una niña. La niña perteneció a otra estirpe humana, salida de África aparentemente antes que el mismo Neandertal. La niña de Denisova presenta un genoma más parecido al de los grandes simios; tal vez era un *Homo erectus* fuera de

África, se especula. Si está claro que Denisova también se cruzó con los humanos y sus secuencias aparecen en genomas de grupos aborígenes de Australasia. ¡Otro impactante hallazgo!

Pääbo ha logrado, en una colaboración internacional, fundar el nuevo campo de la arqueología genómica ("arqueogenómica"). Al hacerlo han gestado el enfoque de la arqueología virtual en la que ¡algunas especies se conocen sólo como una larga secuencia de ADN! Su contribución es invaluable en cuanto a conocernos a

nosotros mismos como organismos biológicos y como la especie *sapiens* dentro del linaje de *Homo*, "los humanos sabedores". Se ha dicho que para conocer y controlar nuestro destino, debemos conocer nuestra historia aquí en la tierra y entender por qué otros miembros de este linaje humano han desaparecido.

Referencia
Dr. Pedro León Azofeifa, Biólogo. Academia Nacional de Ciencias de Costa Rica.

