



¿Qué ocurrió con los neandertales?

Resumen

La evidencia genómica demuestra que los humanos y los neandertales se cruzaron. En la actualidad, los genomas de la mayoría de los humanos fuera de África contienen entre un 2 y 3% de ADN neandertal. Sin embargo, aún se debate la causa de la extinción de los neandertales y si los humanos contribuyeron a ese proceso. En esta sección de preguntas y respuestas, exploramos lo que tienen para decir los datos genómicos.

En 2010, Svante Pääbo y sus colegas publicaron un artículo que postulaba que los humanos y los neandertales se cruzaron, ¿hoy esa conclusión sigue siendo válida?

Sí, cada año se acumula más evidencia sobre el mestizaje humano/neandertal. El hallazgo inicial de Pääbo y sus colegas [1] del 2010 fue notable, ya que se basó en un "borrador" del genoma neandertal, el cual estaba altamente degradado pero contenía información genética útil. Sin embargo, para 2014, Pääbo y sus colegas mejoraron sus técnicas de secuenciación de ADN y obtuvieron un genoma neandertal de mejor calidad que muchas secuencias del genoma humano moderno [2]. Al comparar y buscar regiones de alta similitud entre el ambos genomas, los biólogos computacionales identificaron miles de fragmentos del genoma humano que provienen de ancestros neandertales recientes. Humanos y neandertales incluso fueron casi atrapados en el mismo acto de hibridación ya que se aisló el ADN de un esqueleto humano de 40.000 años de Rumania [3] y se demostró que era un híbrido reciente con un tátara-tátara-tátara abuelo neandertal. El ADN neandertal en el genoma humano procede de un cruce que ocurrió hace unos 50.000 años, aunque hay evidencias de flujo génico anterior, hasta hace más de 100.000 años [4].

Traducción y adaptación
Pablo Adrián Otero

Este artículo es una traducción y adaptación del artículo:
Where did the Neanderthals go?
Author: Kelley and Rasmus Nielsen.
Publicado en BMC Biology (2017) 15:73.

Figura de portada: Un fotógrafo hace un primer plano de la reconstrucción de un neandertal en el Museo Prehistórico en Halle, Alemania.
Photo: Sebastian Willnow.

Pablo A. Otero es biólogo (FCEN:UBA) y docente de biología.

Los neandertales ya no están aquí hoy. ¿Qué sabemos de cuándo y cómo se extinguieron?

El registro fósil demuestra que la población neandertal comenzó a declinar hace unos 40.000 años. Existe desacuerdo sobre cuánto tiempo coexistieron ambas especies, pero la especie habría desaparecido completamente hace 39.000 años, aunque algunos estudios de datación por radiocarbono sugieren que los neandertales podrían haber sobrevivido en Asia hasta hace 24.000 años. Aunque son muchos los factores que probablemente contribuyeron a su extinción, su declive coincide notablemente con el desplazamiento de los humanos anatómicamente modernos a Europa y Asia [5].

¿Qué teorías antropológicas podrían explicar la extinción de los neandertales?

Se han propuesto muchas explicaciones para la desaparición de los neandertales. Una posibilidad es la competencia por los recursos con los humanos modernos o conflictos violentos entre estas especies. Para el momento del encuentro los humanos estaban más avanzados tecnológicamente y habrían sido cazadores más eficientes. La evidencia anatómica también sugiere que los humanos eran mejores corredores. También se ha propuesto que los neandertales estaban adaptados a climas más fríos, lo que podría haberles dificultado adaptarse a climas más cálidos. Los parásitos y patógenos también podrían haber contribuido al declive de los neandertales. Al igual que hicieron los conquistadores en el Nuevo Mundo, los humanos pueden haber transmitido enfermedades a las que los neandertales no habían desarrollado inmunidad.

¿Qué tienen que decir la evidencia genética sobre las posibles causas de extinción?

Hay pruebas genéticas sólidas de que las comunidades neandertales solían ser pequeñas y endogámicas (para los estándares humanos) y con poca migración (y flujo génico) entre las diferentes poblaciones de Europa. El genoma neandertal de Altai, que proviene de Siberia, es el genoma de una niña cuyos padres eran medio hermanos. Esta endogamia puede haberlos vuelto vulnerables a enfermedades genéticas y así amenazar la salud de la población y conducir a un espiral de muertes. Además el caso de la niña Altai no representa un hecho aislado, sino que provenía de una sociedad que había mantenido una población pequeña durante decenas de miles de años. Algo análogo ocurre con los genomas humanos que contienen evidencia de un "cuello de botella en la salida de África": las poblaciones africanas actuales tienen más diversidad genética que las poblaciones no africanas dado que la población humana que abandonó África era relativamente pequeña y

endogámica; sin embargo, esa población humana parece haberse recuperado rápidamente. Los neandertales nunca se recuperaron; simplemente siguió disminuyendo el tamaño de la población hasta que desaparecieron por completo del registro fósil.

Si los neandertales eran genéticamente poco saludables, ¿qué significaba esto para los niños de los neandertales que se cruzaron con los humanos?

Recientemente encontramos evidencia de que la ascendencia neandertal probablemente perjudicaba significativamente la aptitud de los primeros híbridos humanos-neandertales. En el momento en que se encontraron por primera vez con humanos anatómicamente modernos, su largo periodo de endogamia los hizo al menos un 40% menos aptos. Si suponemos que los neandertales transmitieron esta desventaja en la aptitud física a sus hijos híbridos, podemos predecir que la fracción de ascendencia neandertal en la población humana habría ido disminuyendo, y que fue luego eliminada por la selección natural. De acuerdo con la teoría y las simulaciones genéticas, los neandertales pudieron haber contribuido hasta con un 10% del acervo genético humano en algún momento, pero esa contribución se ha reducido a solo un 2-3% en la actualidad [6,7] (Figura 1). Dado que la población humana superó en número a los neandertales en aproximadamente 10 a 1 durante el periodo de mestizaje, es posible que los neandertales no murieran realmente, sino que simplemente se fundieron junto con la especie humana. Quizás se podría argumentar que los neandertales no desaparecieron debido a la guerra o la competencia, sino al amor.

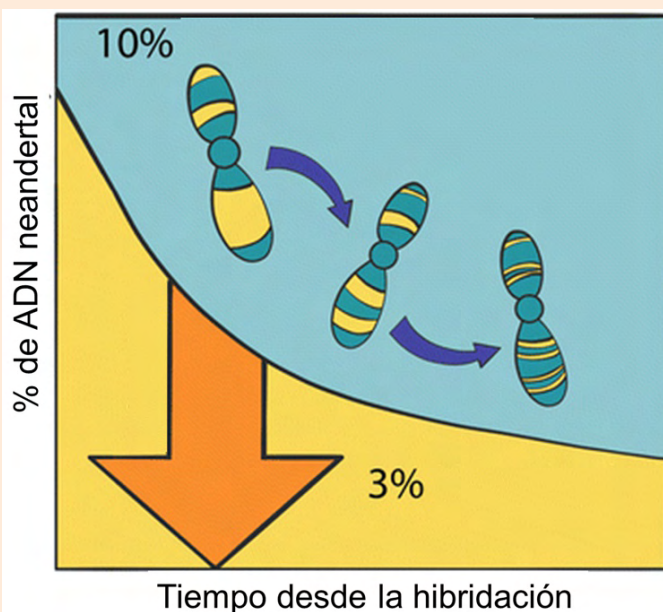


Figura 1: El declive de ADN neandertal en humanos debido a la selección. La curva muestra la disminución esperada en la proporción de ADN neandertal en los humanos modernos debido a la selección natural basada en las simulaciones en Harris y Nielsen [6]. Los cromosomas ilustran el hecho de que la proporción de ADN neandertal no solo disminuye a lo largo del tiempo, sino que también se distribuye en segmentos cada vez más pequeños debido al efecto de la recombinación.

Este argumento asume que el ADN neandertal fue eliminado por selección natural del acervo genético, ¿hay evidencia de esto?

Podemos ver evidencia de selección en contra del ADN neandertal al comparar las regiones más importantes del genoma humano con las del "ADN basura" que ocupa espacio en nuestro genoma sin ayudarnos a mantenernos vivos. Cuando Sriram Sankararaman, David Reich, Benjamin Vernot y Joshua Akey usaron técnicas computacionales para identificar fragmentos de ADN de neandertal en grandes repositorios de genoma humano moderno, encontraron que estos fragmentos de ADN de neandertal tenían muchas menos probabilidades de superponerse a genes importantes de lo que cabría esperar si el ADN neandertal se distribuyó al azar [8,9]. Esto sugiere que las personas con ADN neandertal en ciertas partes importantes de sus genomas históricamente habrían tenido menos hijos en comparación con las personas cuyo ADN neandertal está confinado a regiones de "ADN basura" del genoma [10].

¿Hay alguna evidencia empírica de que la proporción de ADN neandertal en los humanos fue disminuyendo con el tiempo?

Días después de que publicáramos nuestro análisis teórico de la dinámica de la introgresión neandertal, el equipo liderado por Qiaomei Fu y David Reich [11] publicó una confirmación empírica de una de nuestras predicciones. Ellos observaron la ascendencia neandertal en 51 humanos anatómicamente modernos que vivieron hace 45.000 y 7000 años; descubrieron que los primeros tenían un mayor componente neandertal en su genoma. Este estudio proporciona pruebas sólidas de que nuestros antepasados tenían más ADN neandertal que las personas en la actualidad, y respalda la idea de que la selección natural ha depurado lentamente el ADN neandertal de nuestro acervo genético.

¿Cómo podría esta teoría ser probada más a fondo?

Necesitamos más estimaciones de la proporción de ADN neandertal en restos humanos antiguos. Cuantos más de estos datos tengamos, mejor podremos estimar cuánto ADN neandertal estuvo presente en el acervo genético humano durante el período de cruce humano-neandertal, así como el período inmediatamente después de que se detuvo esta hibridación.

Referencias Bibliográficas

Nota: la bibliografía de la sección «Traducciones» es citada y reproducida tal cual figura en el artículo original.

1- Green RE, Krause J, Briggs AW, Maricic T, Stenzel U, Kircher M, Patterson N, Li H, Zhai W, Fritz MH, Hansen NF, Durand EY, Malaspina AS, Jensen JD, Marques-Bonet T, Alkan C, Prüfer K, Meyer M, Burbano HA, Good JM, Schultz R, Aximu-Petri A, Butthof A, Höber B, Höffner B, Siegemund M, Weihmann A, Nusbaum C, Lander ES, Russ C, et al. A draft sequence of the Neanderthal genome. *Science*. 2010;328:710–22.

2- Prüfer K, Racimo F, Patterson N, Jay F, Sankararaman S, Sawyer S, Heinze A, Renaud G, Sudmant PH, de Filippo C, Li H, Mallick S, Dannemann M, Fu Q, Kircher M, Kuhlwilm M, Lachmann M, Meyer M, Ongyerth M, Siebauer M, Theunert C, Tandon A, Moorjani P, Pickrell J, Mullikin JC, et al. The complete genome sequence of a Neanderthal from the Altai Mountains. *Nature*. 2014;505:43–9.

3- Fu Q, Hajdinjak M, Moldovan OT, Constantin S, Mallick S, Skoglund P, Patterson N, Rohland N, Lazaridis I, Nickel B, Viola B, Prüfer K, Meyer M, Kelso J, Reich D, Pääbo S. An early modern human from Romania with a recent Neanderthal ancestor. *Nature*. 2015;524:216–9.

4- Kuhlwilm M, Gronau I, Hubisz M, de Filippo C, Prado-Martinez J, Kircher M, Fu Q, Burbano HA, Lalueza-Fox C, de la Rasilla M, Rosas A, Rudan P, Brajkovic D, Kucan Z, Gusic I, Marques-Bonet T, Andres AM, Viola B, Pääbo S, Meyer M, Siepäl A, Castellano S. Ancient gene flow from early modern humans into Neanderthals. *Nature*. 2016;530:429–33.

5- Higham T, Douka K, Wood R, Ramsey CB, Brock F, Basell L, Camps M, Arrizabalga A, Baena J, Barroso-Ruiz C, Bergman C,

Boitard C, Boscato P, Caparros M, Conard NJ, Draily C, Froment A, Galvan B, Gambassini P, Garcia-Moreno A, Grimaldi S, Haesaerts P, Holt B, Iriarte-Chiapusso MJ, Jelinek A, et al. The timing and spatiotemporal patterning of Neanderthal disappearance. *Nature*. 2014;512:306–9.

Harris K, Nielsen R. The genetic cost of Neanderthal introgression. *Genetics*. 2016;203:881–91.

6- Juric I, Aeschbacher S, Coop G. The strength of selection against Neanderthal introgression. *PLoS Genet*. 2016;12:e1006340.

7- Sankararaman S, Mallick S, Dannemann M, Prüfer K, Kelso J, Pääbo S, Patterson N, Reich D. The genomic landscape of Neanderthal ancestry in present-day humans. *Nature*. 2014;507:354–7.

8- Vernot B, Akey J. Resurrecting surviving Neanderthal lineages from modern human genomes. *Science*. 2014;343:1017–21.

9- Castellano S, Parra G, Sanchez-Quinto FA, Racimo F, Kuhlwilm M, Kircher M, Sawyer S, Fu Q, Heinze A, Nickel B, Dabney J, Siebauer M, White L, Burbano HA, Renaud G, Stenzel U, Lalueza-Fox C, de la Rasilla M, Rosas A, Rudan P, Brajkovic D, Kucan Z, Gusic I, Shunkov MV, Derevianko AP, Viola B, Meyer M, Kelso J, Andres AM, Pääbo S. Patterns of coding variation in the complete exomes of three Neanderthals. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 2014;111:6666–71.

10- Fu Q, Posth C, Hajdinjak M, Petr M, Mallick S, Fernandes D, Furtwängler A, Haak W, Meyer M, Mittnik A, Nickel B, Peltzer A, Rohland N, Slon V, Talamo S, Lazaridis I, Lipson M, Mathieson I, Schiffels S, Skoglund P, Derevianko AP, Drozdov N, Slavinsky V,