



Madrid, jueves 24 de septiembre de 2020

El estudio del cromosoma Y revela antiguas hibridaciones entre los neandertales y *Homo sapiens*

- Un trabajo con participación del CSIC muestra que los neandertales tenían mayor semejanza genética con los *Homo sapiens* que con los denisovanos
- De las tres muestras neandertales analizadas, una proviene del yacimiento asturiano de El Sidrón y ratifica su relevancia internacional



Imagen del yacimiento de El Sidrón (Asturias) / César Hernández

Un equipo internacional, con participación de investigadores del Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC) y publicado en la revista [Science](https://www.science.org), ha analizado las secuencias genéticas del cromosoma Y (cromosoma sexual masculino) extraídas de tres

fósiles de neandertales y dos de denisovanos, un tipo humano que vivió en Siberia, estrechamente relacionado evolutivamente con los neandertales. Sin embargo, el estudio del cromosoma Y revela mayor similitud genética entre los neandertales y el hombre moderno, el *Homo sapiens*, lo que deja a los denisovanos como un linaje de una raíz más antigua para este marcador genético.

El análisis del ADN fósil ha cambiado nuestra manera de entender la historia evolutiva humana. La existencia de flujos genéticos entre diferentes especies humanas, incluidas las existentes entre neandertales y humanos modernos, se ha revelado como un factor clave para el estudio del árbol evolutivo humano.

“Hace unos 100.000 años había varias especies diferentes de humanos, incluidos los humanos modernos, los neandertales y los denisovanos”, explica **Antonio Rosas**, investigador del Museo Nacional de Ciencias Naturales (MNCN-CSIC). “El estudio del genoma confirmó que los neandertales eran el grupo humano hermano de la especie humana actual (*H. sapiens*)”, añade.

A su vez, el hallazgo de una nueva variante de ADN en los restos de la cueva de Denisova, en Siberia, desveló la existencia de un nuevo tipo humano, estrechamente relacionado evolutivamente con los neandertales, con quien compartieron su último antepasado hace unos 350.000 millones de años.

Sin embargo, el análisis del ADN mitocondrial de los fósiles de la Sima de los Huesos de Atapuerca, de unos 400.000 años de antigüedad y antepasados directos de los neandertales, desveló algo que no cuadraba en el esquema. “El ADN mitocondrial encontrado, un pequeño cromosoma circular que se encuentra en un orgánulo de la célula denominado mitocondria, se asemeja más al de los denisovanos que al de los neandertales, a pesar de que neandertales y denisovanos compartan un antepasado que vivió mucho tiempo después de que los linajes *sapiens* y neandertal se separaran”, indica el investigador del CSIC.

Este modelo se ha visto confirmado por el reciente estudio del cromosoma Y, en el que los investigadores han analizado las secuencias genéticas de dos homínidos denisovanos y tres neandertales, uno de ellos procedente del yacimiento de El Sidrón situado en Asturias. “Al igual que sucede con el ADN mitocondrial, el cromosoma Y revela una mayor similitud entre el hombre de neandertal y *H. sapiens*, lo que indica que ambos están muy próximos genéticamente, mientras que el cromosoma Y de los denisovanos parece tener una raíz más antigua”, puntualiza **Rosas**.

Los científicos han propuesto que la mayor similitud del ADN de *sapiens* y neandertales, en comparación con los denisovanos, podría deberse a una hibridación entre ambos. El modelo plantea que hubo un encuentro entre ambas especies hace unos 300.000 años, cuando algunos homínidos relacionados con el linaje de *H. sapiens* transfirieron ciertos genes a los neandertales en una fase antigua de su evolución. En otras palabras, “los neandertales más primitivos debieron portar originalmente un ADN mitocondrial similar al de los denisovanos y que posteriormente fue reemplazado a través de flujo génico desde un linaje relacionado con *H. sapiens*”.

Este reemplazo de los linajes genéticos durante la evolución de los neandertales podría deberse a los efectos del azar en el seno de poblaciones pequeñas y aisladas, algo que confirma la observación de pequeñas anomalías esqueléticas con base genética, debido probablemente a la endogamia o al cruzamiento entre familiares próximos. “Es en un contexto de grupos con pocos individuos y dispersos en el territorio, en los que se suaviza mucho la selección purificadora, donde puede entenderse el proceso de sustitución del ADN mitocondrial y el cromosoma Y”, destaca **Rosas**.

El análisis de los linajes paternos es una de las pocas incógnitas sobre los neandertales que quedaban por resolver, “en parte porque la mayoría de muestras bien conservadas eran mujeres”, explica **Carles Lalueza Fox**, investigador del Instituto de Biología Evolutiva, mixto del CSIC y la Universidad Pompeu Fabra. “Con este estudio, no solo descubrimos una nueva migración de África a Europa hace unos 300.000 años, sino que podemos hacer una predicción: los cromosomas Y anteriores a esta fecha serán más parecidos a los de los denisovanos que a los de los propios neandertales”, concluye **Lalueza Fox**.

Martin Petr, Mateja Hajdinjak, Qiaomei Fu, Elena Essel, Hélène Rougier, Isabelle Crevecoeur, Patrick Semal, Liubov V. Golovanova, Vladimir B. Doronichev, Carles Lalueza-Fox¹, Marco de la Rasilla, Antonio Rosas, Michael V. Shunkov, Maxim B. Kozlikin, Anatoli P. Derevianko, Benjamin Vernot, Matthias Meyer, Janet Kelso. **The evolutionary history of Neanderthal and Denisovan Y chromosomes**. *Science*. DOI: [10.1101/2020.03.09.983445](https://doi.org/10.1101/2020.03.09.983445)

CSIC Comunicación