

03/2012

Leyendo el código genético de los neandertales



Los neandertales coexistieron con los *Homo sapiens* pero el parentesco que nos relaciona no está del todo claro. Este estudio, en que ha participado Eulalia Subirà, antropóloga de la UAB, ha permitido decodificar una secuencia de ADN de uno de los pocos restos de neandertal encontrados en Cataluña: la llamada Mandíbula de Sitges. El estudio filogenético posterior de la secuencia encontrada revela que se trata de un fragmento idóneo como herramienta de clasificación taxonómica de los fósiles humanos del Pleistoceno superior al tiempo que ratifica este resto como el de un neandertal.

En Cataluña los restos de neandertales son escasos. Hasta finales del siglo pasado, la pieza más conocida era la mandíbula de Banyoles encontrada fuera de contexto a principios del siglo XX. En el año 2005 se publicó un nuevo hallazgo en la revista *Journal of Human Evolution* de una mandíbula, la de la cueva del Gigante, en Sitges. El hallazgo fue hecho por unos jóvenes estudiantes de doctorado en el archivo histórico municipal de Sitges entre los restos de fauna de

la cueva del Gigante excavadas en 1952 por el paleontólogo Santiago Casanova i Giner.

Las excavaciones en la cueva se reanudaron y permitieron la reconstrucción estratigráfica del yacimiento y, consecuentemente, de la pieza y su datación, con un nuevo artículo en la revista *Journal of Human Evolution* el año 2010. Pero quedaba el análisis del ADN de este individuo.

Actualmente, se está secuenciando el ADN de cada una de los nuevos restos encontrados y de los ya descritos de antemano. El conocimiento de estas secuencias de neandertal permite establecer las relaciones, tanto temporales como espaciales a lo largo de la cuenca mediterránea, entre ellos mismos así como conocer mejor las relaciones de parentesco con el hombre actual y profundizar en las causas de su extinción.

La colaboración entre los arqueólogos que hicieron el descubrimiento de la pieza y la excavación del yacimiento (Universidad de Barcelona), con el equipo de antropólogos (UAB, Universidad Complutense de Madrid-ISCIII, American Museum of Natural History of New York), así como con los genetistas (Universidad Complutense de Madrid-ISCIII y University of Uppsala) han permitido una interdisciplinariedad que queda patente en este artículo.

Se ha podido aislar una secuencia de 52 pares de bases de una región del ADN mitocondrial (de la región del D-Loop, concretamente, entre las posiciones 16210 y la 16261). La metodología empleada se basa en un método descrito en el año 2005 (por Malmström y colaboradores) pero han hecho falta algunas modificaciones teniendo en cuenta todas las recomendaciones propias de muestras tan antiguas.

Se ha comparado esta secuencia con las 500 secuencias de *Homo sapiens* más similares de la base de datos de secuencias genéticas *GenBank* y con las secuencias previamente publicadas de neandertales. Para ello, se ha empleado como *outgroup* la secuencia de chimpancé común (*Pan troglodytes*). Un *outgroup* es un grupo de referencia que se utiliza para situar un grupo muestra en un árbol filogenético. El *outgroup* debe estar emparentado de manera cercana con todos los grupos de la comparación pero no tanto como se supone que lo están todos los demás entre sí.

Los resultados de esta investigación en la que la UAB ha participado en la figura de Eulalia Subirà como la antropóloga del equipo desde un inicio, indican que se trata de un fragmento idóneo como herramienta de clasificación taxonómica en los fósiles humanos del Pleistoceno superior al tiempo que clasifican este resto como el de un neandertal.

Eulàlia Subirà

Àrea d'Antropologia Física

Eulalia.Subira@uab.cat

Referencias

"A Neandertal mandible from the Cova del Gegant (Sitges, Barcelona, Spain)". Daura, J; Sanz, M; Subirà, ME; Quam, R; Fullola, JM; Arsuaga, JL. *Journal of Human Evolution*, 49,2005, 56-70).

"Stratigraphic context and direct dating of the Neanderthal Mandible from Cova del Gegant

(Sitges, Barcelona)". Daura J; Sanz M; Pike A; Zilhão J; Subirà ME; Fornós F; Fullola JM; Julià R. Journal of Human Evolution, 59, 2010, 109-122.

[View low-bandwidth version](#)