

Los genomas secuenciados más antiguos de humanos modernos

Genomas de siete europeos antiguos muestran que pertenecían a un pequeño grupo aislado recientemente mezclado con neandertales, pero que no dejó descendientes en la actualidad.

Pocos son los genomas que han sido secuenciados de los primeros humanos modernos, quienes llegaron a Europa cuando esta región ya estaba habitada por neandertales. Un equipo internacional liderado por investigadores del Instituto Max Planck de Antropología Evolutiva ha secuenciado ahora los genomas más antiguos de humanos modernos hasta la fecha. Los genomas fueron recuperados de siete individuos que vivieron entre 42.000 y 49.000 años en Ranis, Alemania, y Zlatý kůň, Chequia. Estos genomas pertenecían a individuos formaban parte de un pequeño grupo estrechamente emparentado, constituyendo un linaje que se separó de la primera población que salió de África hace aproximadamente 50.000 años, y que más tarde se asentó en el resto del mundo. Aunque se separaron temprano, el ADN neandertal presente en sus genomas se remonta a un evento de mezcla común a todas las personas fuera de África, que los investigadores datan entre hace 45.000 y 49.000 años, mucho más reciente de lo que se pensaba anteriormente.

Vínculo Zlatý kůň y Ranis

Un nuevo estudio publicado hoy en *Nature* analizó los genomas nucleares de 13 especímenes de Ranis y encontró que representaban al menos seis individuos. El tamaño de los huesos indicó que dos de estos individuos eran infantes y, genéticamente, tres eran hombres y tres mujeres. Curiosamente, entre estos individuos había una madre y su hija, así como otros parientes biológicos más lejanos. El equipo también secuenció más ADN del cráneo femenino encontrado en Zlatý kůň, produciendo un genoma de alta calidad para este individuo. “Para nuestra sorpresa, descubrimos una relación genética de quinto o sexto grado entre Zlatý kůň y dos individuos de Ranis”, dice Arev Sümer, autora principal del estudio. “Esto significa que Zlatý kůň era genéticamente parte de la familia extensa de Ranis y probablemente también fabricaba herramientas del tipo LRJ”.

Entre los seis individuos de Ranis, uno de los huesos estaba particularmente bien conservado; de hecho, es el hueso de humano moderno mejor preservado del Pleistoceno para la recuperación de ADN. Esto permitió al equipo obtener un genoma de alta calidad de este individuo masculino, conocido como Ranis13. Juntos, los genomas de Ranis13 y Zlatý kůň representan los genomas de humanos modernos más antiguos y de alta calidad secuenciados hasta la fecha.

Al analizar las variantes genéticas relacionadas con rasgos fenotípicos, descubrieron que los individuos de Ranis y Zlatý kůň eran portadores de variantes asociadas con piel y cabello oscuros, así como ojos marrones, reflejando aún el origen africano de esta reciente población Europea.



Ilustración de Zlatý kůň, quien pertenecía a la misma población que los individuos de Ranis y estaba estrechamente relacionado con dos de ellos. Créditos: Tom Björklund

Al analizar los segmentos heredados de un mismo ancestro común en los genomas de Ranis y Zlatý kůň, los investigadores estiman que su población estaba compuesta, como máximo, por unos pocos cientos de individuos que posiblemente estuvieran distribuidos en un territorio más amplio. Los autores no encontraron evidencia de que esta pequeña población temprana de humanos modernos haya contribuido a los europeos posteriores ni a ninguna otra población mundial.

Un marco temporal más reducido para la mezcla con neandertal compartida

Los miembros de la población Zlatý kůň/Ranis coexistieron con neandertales en Europa, lo que plantea la posibilidad de que pudieran haber tenido neandertales entre sus ancestros recientes tras su migración a Europa. Estudios previos sobre humanos modernos de hace más de 40.000 años encontraron evidencia de eventos recientes de mezcla entre humanos modernos y neandertales. Sin embargo, no se detectó evidencia de tal mezcla reciente con neandertales en los genomas de los individuos Zlatý kůň/Ranis.

“El hecho de que los grupos de humanos modernos, que posiblemente llegaron a Europa más tarde, presenten esta ascendencia neandertal, mientras que Ranis y Zlatý kůň no, podría significar que el linaje más antiguo de Zlatý kůň/Ranis ingresó a Europa por una ruta diferente o no coincidió tan extensamente en las regiones donde vivían los neandertales”, especula Kay Prüfer, quien co-supervisó el estudio.



Ilustración del grupo Zlatý kůň/Ranis por Tom Björklund. Hace unos 45.000 años, los individuos de Ranis, en Alemania, y Zlatý kůň, en Chequia, probablemente viajaban juntos a través de los paisajes abiertos de estepa de Europa.

La población de Zlatý kůň/Ranis representa la divergencia más temprana conocida del grupo de humanos modernos que emigraron de África y se dispersaron posteriormente por Eurasia. A pesar de esta separación temprana, la ascendencia neandertal en Zlatý kůň y Ranis proviene del mismo evento antiguo de mezcla que se puede detectar en todas las personas fuera de África hoy en día. Al analizar la longitud de los segmentos heredados de los neandertales en el genoma de alta cobertura de Ranis¹³ y utilizando dataciones directas por radiocarbono de este individuo, los investigadores situaron este evento compartido de mezcla con neandertales entre hace 45.000 y 49.000 años. Dado que todas las poblaciones actuales no africanas comparten esta ascendencia neandertal con Zlatý kůň y Ranis, esto implica que hace entre 45.000 y 49.000 años todavía existía una población ancestral no africana unificada.

"Estos resultados nos proporcionan una comprensión más profunda de los primeros pioneros que se asentaron en Europa", señala Johannes Krause, autor principal del estudio. "También indican que cualquier resto humano moderno encontrado fuera de África con una antigüedad superior a 50,000 años no podría haber formado parte de la población común no africana que se cruzó con los neandertales y que ahora se encuentra en gran parte del mundo".

Publicación original:

Title: Earliest modern human genomes constrain timing of Neanderthal admixture

Authors: Arev P. Sümer, Hélène Rougier, Vanessa Villalba-Mouco, Yilei Huang, Leonardo N. M. Iasi, Elena Essel, Alba Bossoms Mesa, Anja Furtwaengler, Stéphane Peyrégne, Cesare de Filippo, Adam B. Rohrlach, Federica Pierini, Fabrizio Mafessoni, Helen Fewlass, Elena I. Zavala, Dorothea Mylopotamitaki, Raffaella A. Bianco, Anna Schmidt, Julia Zorn, Birgit Nickel, Anna Patova, Cosimo Posth, Geoff M. Smith, Karen Ruebens, Virginie Sinet-Mathiot, Alexander Stoessel, Holger Dietl, Jörg Orschiedt, Janet Kelso, Hugo Zeberg, Kirsten I. Bos, Frido Welker, Marcel Weiss, Shannon McPherron, Tim Schüller, Jean-Jacques Hublin, Petr Velemínský, Jaroslav Brůžek, Benjamin M. Peter, Matthias Meyer, Harald Meller, Harald Ringbauer, Mateja Hajdinjak, Kay Prüfer, Johannes Krause

Journal: Nature (2024).

DOI:

Contactos:

Arev Pelin Sümer

Max Planck Institute for Evolutionary Anthropology, Leipzig

Email: arev_suemer@eva.mpg.de

Dr. Kay Prüfer

Max Planck Institute for Evolutionary Anthropology, Leipzig

Email: pruefer@eva.mpg.de

Prof. Dr. Johannes Krause

Max Planck Institute for Evolutionary Anthropology, Leipzig

Email: krause@eva.mpg.de

Sandra Jacob

Max Planck Institute for Evolutionary Anthropology, Leipzig

Press and Public Relations

Email: jacob@eva.mpg.de