

Los humanos se aparearon con una especie híbrida desconocida

Científicos catalanes hallan la evidencia genética de que los sapiens se cruzaron en Asia con una misteriosa población extinta, descendiente de neandertales y denisovanos.



Ningún guion de culebrón televisivo podrá igualar jamás a la intrincada maraña de relaciones que ha impulsado la evolución humana. A lo largo de decenas de miles de años, la especie a la que todos pertenecemos, Homo sapiens, se ha cruzado íntimamente con otras emparentadas, posiblemente en varias ocasiones y en distintos puntos del planeta.

El último personaje de esta apasionante trama hizo aparición el pasado agosto, cuando un equipo del Instituto Max Planck de Antropología Evolutiva en Alemania daba a conocer la existencia del primer homínido descendiente directo de dos especies, una hembra procedente de Siberia que tuvo una madre neandertal y un padre denisovano. Pues bien, «Denny», como fue bautizada, no fue la única, sino que pertenecía a una población híbrida desconocida, compuesta por miles de individuos, a la que aún no hemos puesto nombre. Y no solo eso, sino que también nos cruzamos y tuvimos hijos con ellos.

Investigadores del Instituto de Biología Evolutiva (IBE)) y del Centro Nacional de Análisis Genómico (CNAG-CRG) en Barcelona han descubierto la huella genética de ese grupo desconocido aplicando por primera vez al ADN humano el «deep learning», el sofisticado campo de inteligencia artificial que se emplea en los coches autónomos, las máquinas imbatibles en los juegos de mesa o el procesamiento de imágenes.

El algoritmo imita la manera en que funciona el cerebro humano, con diferentes «neuronas» artificiales que se especializan y aprenden a detectar en los datos aquellos patrones que son importantes para llevar a cabo una tarea determinada.

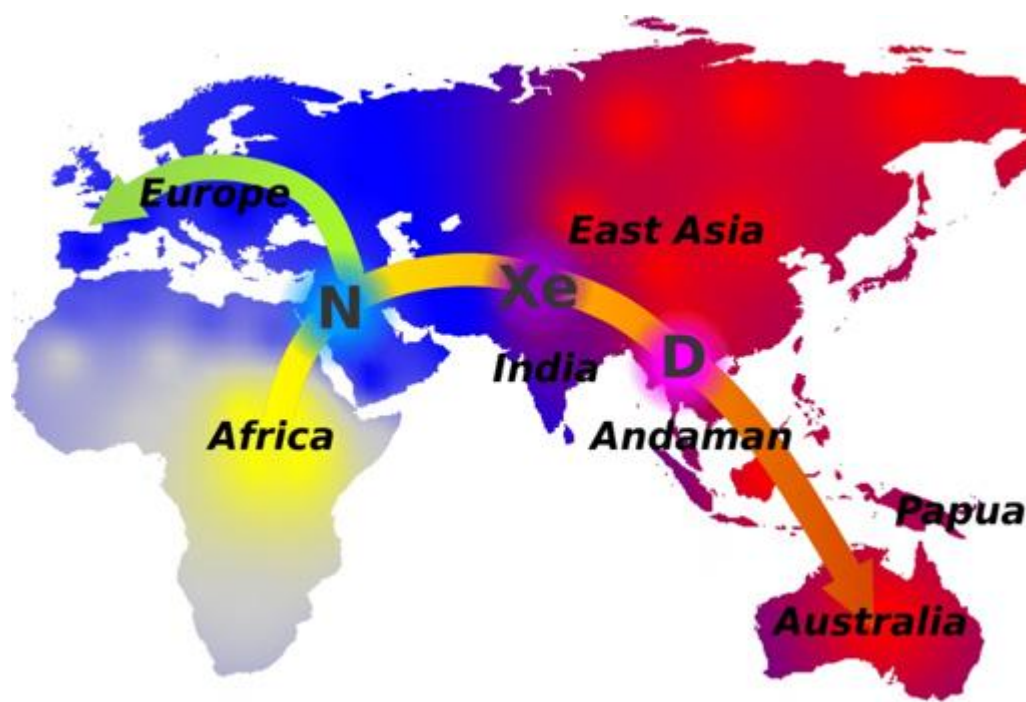
Los científicos utilizaron esa increíble capacidad de la inteligencia artificial para que aprendiera a predecir la demografía humana utilizando genomas obtenidos a través de cientos de miles de simulaciones. Cada vez que realizaban una simulación, recorrían un posible camino de la historia de la humanidad. De entre todas las simulaciones, el «deep learning» señaló una que hace que el puzle encaje.

El tercer grupo

El software reveló que algunos fragmentos de genomas humanos actuales no pueden explicarse solo con la herencia de neandertales y denisovanos -esos enigmáticos homínidos

identificados por el hueso de un dedo desenterrado en una cueva de Siberia-, dos grupos con los que nuestros antepasados practicaron sexo tras salir de África. Hacía falta un tercer grupo, al que los científicos aún no han puesto nombre pero han identificado en sus papeles de trabajo como «Xe»: los híbridos de neandertales y denisovanos en Asia. Su influencia en los genes de los asiáticos y oceánicos modernos es de un 2.6%, incluso mayor que la de los neandertales. Las conclusiones aparecen publicadas en la revista «Nature Communications».

«Se trata de una población extinta separada, que contribuyó a nuestro genoma actual de una forma incluso superior que los denisovanos o los neandertales», asegura a ABC Jaume Bertranpetit, del IBE y la Universidad Pompeu-Fabra (UPF). Pero, ¿estamos hablando de una especie humana diferente? El investigador prefiere utilizar la palabra «población», incluso para referirse a los neandertales. «Los libros de texto nos dicen que dos especies distintas no se cruzan y, si lo hacen, no producen descendencia fértil. Sin embargo, este concepto es más complejo al hablar de especies extintas, por lo que el término puede emplearse a efectos prácticos», explica.



Miles de individuos

Poco sabemos de ese grupo humano híbrido. «No podemos estimar con precisión cuántos individuos lo formaban, pero probablemente eran miles», apunta Bertranpetit. El cruce se produjo hace decenas de miles de años en Asia . Aparte de eso, poco más. De momento, es imposible hacer un retrato. Sin embargo, de la misma forma que fueron encontrados los restos de «Denny» en la cueva de Denisova, el biólogo cree que aparecerán más allí o en otras partes de Asia. «Estoy seguro. Incluso podría ocurrir que existieran más grupos que no conocemos», señala. A partir de ahí, será más fácil que su figura se vaya dibujando.

Más allá del enigma evolutivo, para el investigador la clave del estudio es el uso del «deep learning» en un área en la que nunca antes se había empleado y que ha sido posible gracias al trabajo de Òscar Lao, del CNAG-CRG. «Nos da una lección de humildad -dice Bertranpetit-, porque estos algoritmos resuelven problemas de gran complejidad, imposibles para la mente humana». A su juicio, esta tecnología revolucionaria puede cambiar de forma drástica el futuro de la investigación genética. Lo que implica, por supuesto, que nos conoceremos mucho mejor a nosotros mismos.

Fuente: abc.