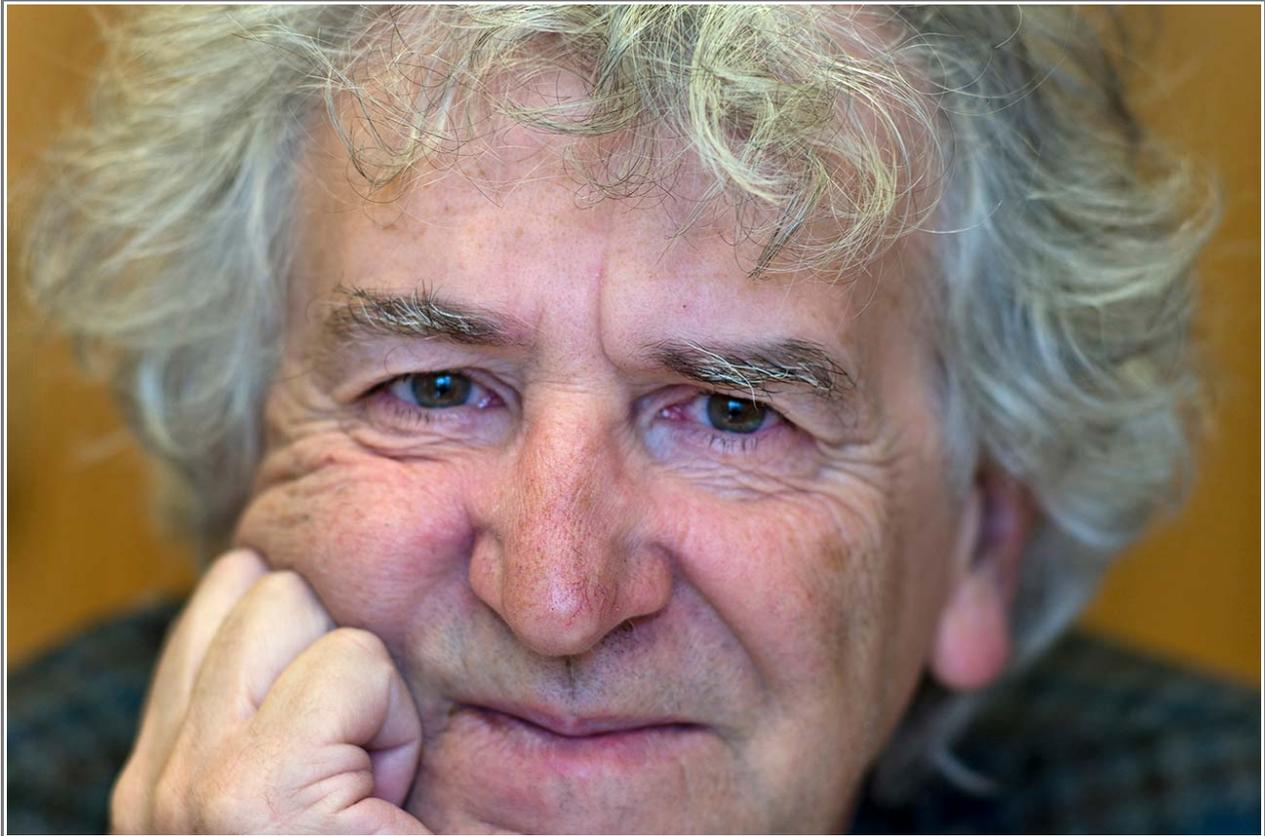


Juan Luis Arsuaga: "Nadie nos podía decir que algún día íbamos a disponer de una tecnología como la proteómica para estudiar fósiles a nivel molecular"

*Texto: Jaime Fernández, Fotografías: Jesús de Miguel* - 2 ABR 2020 a las 19:51 CET



La revista Nature acaba de publicar un artículo basado en el estudio del proteoma dental de *Homo Antecessor*, por el que se establece una relación filogenética estrecha entre los homínidos de diferentes etapas del Pleistoceno, como el propio *Homo antecessor*, *Homo sapiens*, los neandertales e incluso los denisovanos. El trabajo lo han liderado los investigadores Frido Welker y Enrico Cappellini, de la Sección de Genómica Evolutiva del Instituto Globe, de la Universidad de Copenhague, y entre sus 26 firmantes se encuentra Juan Luis Arsuaga, profesor del Departamento de Paleontología de la Facultad de Ciencias Geológicas de la UCM, y miembro de las excavaciones de Atapuerca, de cuyo yacimiento de la Gran Dolina han salido precisamente los restos de *Homo antecessor* analizados en este trabajo. Hemos querido hablar con Arsuaga, que lleva "décadas colaborando con esos investigadores de Dinamarca", para que nos explique la repercusión que puede tener este estudio para desentrañar ese gran árbol que es la evolución humana.

Lo primero que llama la atención es el uso del proteoma en este estudio. ¿Por qué no se ha utilizado el ADN?

Antes de nada, te diré que para el estudio de los fósiles hay varias herramientas principales, por un lado está la anatomía, que es a lo que nos dedicamos los paleontólogos, y por otro el

ADN. Son dos elementos complementarios, pero no son lo mismo, porque entre medias está el desarrollo, y eso es mucho más complejo. Pero volvamos al ADN. El problema que tiene es que el más antiguo que se conserva en todo el mundo es el de la Sima de los Huesos, otro yacimiento de Atapuerca, del que se conserva la totalidad del ADN mitocondrial, que no llega ni de lejos al 1% de lo que es el ADN nuclear. Esos huesos que son los más antiguos donde se conserva ADN tienen en torno a los 400.000 años, y esa fecha puede marcar el límite de conservación del ADN, mientras que los fósiles de *Homo antecessor*, analizados en este estudio, están en torno a los 800.000 años. Además la población de la Sima de los Huesos, ya estaba en la línea de los neandertales, podríamos llamarles proto neandertales. Y por cierto, en el mismo número de *Nature* aparece también la [datación de un fósil africano de Broken Hill \(Kabwe\)](#), que sería un proto *Homo sapiens*, en torno a los 300.000 años.

### Un poco antes del de la Sima de los Huesos.

Grosso modo es en la misma fecha y ese fósil se relaciona con lo que podríamos decir que son protocromañones, proto humanos modernos. Así que en esa misma fecha, entre 300.000 y 400.000 años (es difícil definir con mucha más precisión en estas cronologías), ya existen unos protoneandertales en Europa y unos protocromañones en África. ¿Hacia atrás en el tiempo cómo se puede ir? Ya hemos visto que el ADN más antiguo que tenemos es el de la Sima de los Huesos y en África no hay nada, así que sí se sabe que son protocromañones es por la anatomía, pero no por el ADN porque no hay, y es muy difícil que lo haya.



### ¿Por qué ocurre eso?

Fundamentalmente porque hace mucho calor. La conservación tiene mucho que ver con la temperatura, así que en África no se espera encontrar ADN. En la Sima de los Huesos ya hemos visto que hay muy poco, aunque hablamos de 3.000 millones de pares de base, pero desde ahí hacia atrás no hay ADN que estudiar. Lo que sí hay son proteínas, que están codificadas por los

genes. No es lo mismo una proteína que un gen, pero para que lo entienda todo el mundo, la proteína es como el plato y el ADN sería la receta, así que es lo mejor que tenemos, después de los genes, para hacer estudios moleculares de evolución.

### ¿Dónde se conservan esas proteínas?

Las que mejor se conservan son las del colágeno de los huesos, que si tienen elasticidad es precisamente por ese colágeno. Cuando uno se muere, el hueso fresco todavía tiene cierta flexibilidad porque tiene esas fibras de colágeno, y cuando pasa mucho tiempo el hueso se seca, pierde esa elasticidad y se parte, pero incluso así queda el colágeno degradado, restos de la molécula. El colágeno de los huesos tiene un pequeño gran problema y es que es muy conservador, y es casi igual en todos los mamíferos.

### ¿Así que no sirve para identificar si un hueso es de homínino o de otro animal?

Pues era así hasta hace poquísimo, en concreto hasta el año 2016, cuando se celebró el congreso de la European Society for the Study of Human Evolution (ESHE) en Alcalá de Henares. Allí se presentó el primer trabajo realizado para identificar las proteínas de fósiles humanos a partir del colágeno de fragmentos, de esquirlas de hueso que son imposibles de identificar anatómicamente. Y eso es muy importante, no sólo porque es una prueba barata, sino porque una vez que se discriminan los que son humanos, ahí se puede buscar ADN antiguo, que esa sí es una prueba muy cara. De todos modos, los firmantes de este trabajo que se acaba de publicar en *Nature* no han sacado el colágeno de los huesos.

### ¿Y de dónde lo han hecho?

La aportación de los investigadores de la Universidad de Copenhague ha sido estudiar el colágeno, o mejor dicho, las proteínas que se encuentran en el esmalte de los dientes y resulta no sólo que existen sino que además son más variables que el colágeno de los huesos, así que tienen más resolución, porque no son iguales para todos los mamíferos. Los mismos investigadores publicaron primero [un estudio con el esmalte de un rinoceronte](#) y a partir de ahí se propusieron probarlo con humanos. Es



cierto que no tiene la misma resolución que el ADN, pero es una técnica bastante buena, que nos proporciona lo que, en un símil fotográfico, sería una fotografía de grano grueso. Nadie nos podía decir que algún día íbamos a disponer de una tecnología como la proteómica para estudiar fósiles a nivel molecular.

### ¿Y qué se obtiene con esa "imagen de grano grueso"?

Pues en este caso tiene la suficiente resolución como para situar a *Homo antecessor* en el sitio en el que le sitúa la anatomía, que es en un momento anterior a la separación de neandertales y sapiens. Y eso tiene mucho interés a la hora de interpretar los datos anatómicos paleontológicos, sobre todo para lo que se conoce como la polaridad de los rasgos, que permite saber si una especie tiene unos rasgos concretos porque los ha conservado de un antepasado común o porque se han modificado con la evolución. Para poder conocer esa polaridad es fundamental tener una población que sea anterior a la separación, que sea un antepasado común, porque en caso contrario no sabes qué es lo primitivo y qué es lo derivado.

### ¿Qué habríamos heredado nosotros de aquel *Homo antecessor*?

Te pongo un ejemplo. Por lo que sabemos, esta población de *antecessor* tiene una cara como la nuestra, no igual, pero muy parecida, mientras que en los neandertales la cara es apuntada, es en cuña. En ese caso, ¿cuál es la polaridad? ¿El antepasado tiene una cara en cuña que los neandertales han conservado y que nosotros hemos cambiado o tiene una cara como la nuestra que nosotros hemos conservado y los neandertales se han especializado y han desarrollado una cara en cuña? Ahora, gracias al estudio proteómico, sabemos que *Homo antecessor* es anterior a la separación de *sapiens* y neandertales, que además tiene una cara como la nuestra y que los que han cambiado son los neandertales. Y así para todos los demás rasgos.



En el trabajo también se nombra a los denisovanos. ¿Qué sabemos de ellos?

- De su anatomía no sabemos nada todavía. Hay una cueva en la que tenemos ADN, pero no tenemos anatomía, porque sólo se han encontrado trozos, y hay otras cuevas asiáticas en las que tenemos anatomía, pero no tenemos ADN. Todos los investigadores implicados en la evolución tenemos nuestros candidatos de cuáles de esos fósiles pueden ser de denisovanos, pero de momento son sólo especulaciones.

¿Pero sabemos si provienen también de los *Homo antecessor*?

Si nos imaginamos un tridente que proviene de *antecessor*, que da lugar a sapiens, neandertales y denisovanos eso no sería real, porque en realidad no se trata de un tridente auténtico, ya que los denisovanos y los neandertales comparten un antepasado común. Es decir, que si nos imaginamos una rama que sale de *Homo antecessor*, en un momento se divide en dos, una va hacia el *Homo sapiens* y la otra hacia ese antepasado común que tendrían

denisovanos y neandertales.

Ahora que se ha descubierto el potencial de esta tecnología, ¿se plantean desde el Centro Mixto UCM ISC-III de Evolución y Comportamiento Humano hacer estudiar de proteómica con los fósiles?

Lo cierto es que no nos lo planteamos, aunque la decisión no es tanto técnica como económica. Lo podríamos hacer, pero hay que plantearse si merece la pena montar un laboratorio con todo el personal, equipamiento e inversión que se necesita, o si es mejor mandar mi muestra a un laboratorio que ya existe. A veces no tiene mucho sentido que monte una línea en algo que ya tienen otros, sobre todo porque ahora mismo el país en el que vivimos se llama Europa. Por ejemplo, un artículo como este está publicado por daneses, alemanes, ingleses, españoles..., todos europeos, como si fuéramos un único país.



## Comentarios - 0

No hay comentarios aun.

Universidad Complutense de Madrid - Ciudad Universitaria - 28040 Madrid -  
Tel. +34 914520400

ISSN: 1697-  
5685

