

El mito de Eva y la evolución humana

por **D. Francisco J. Ayala**

*Conferencia pronunciada
el 30 de abril de 1996*

Forum Deusto

El mito de Eva y la evolución humana

por D. Francisco J. Ayala*

Introducción y perspectiva

¿Existieron Adán y Eva, los personajes de quienes la Biblia dice que todos descendemos? ¿Cuándo y dónde vivieron?

El 26 de mayo de 1995, tres científicos de las universidades de Yale y Harvard, uno de ellos el Nobel Walter Gilbert, publicaron los resultados de su búsqueda del antepasado de la humanidad en la línea paterna. La herencia biológica está cifrada en los genes, que constan de ADN. Los genes están empaquetados en 46 cromosomas, uno de los cuales, el cromosoma Y, se da sólo en los varones y se transmite de padre a hijos, como se transmite el apellido familiar. Gilbert y sus colaboradores estudiaron el gen ZFY y concluyeron que todos los hombres actuales hemos heredado ese gen de un hombre que vivió hace 270.000 años. ¿Sería éste el Adán de la ciencia, semejante al Adán de la Biblia, tal como lo han interpretado algunos periodistas?

Unos años antes, científicos de la Universidad de California en Berkeley habían estudiado otro elemento genético, el ADN mitocondrial

* Francisco J. Ayala nació en Madrid, ha vivido en Estados Unidos desde 1961 y se hizo ciudadano americano en 1971. Es «Donald Bren Professor of Biological Sciences» en la Universidad de California, Irvine. Es también presidente de la American Association for the Advancement of Science y miembro del Comité de Asesores de Ciencia y Tecnología del presidente Clinton. Es además miembro de la Academia Nacional de Ciencias de los Estados Unidos, la Academia Americana de Artes y Ciencias, la Sociedad Filosófica Americana, las academias de Ciencias española y rusa, etc. Sus investigaciones científicas están dedicadas a la genética de poblaciones y la evolución biológica. Sus estudios filosóficos se centran en epistemología, ética y cuestiones relacionadas con la biología. Ayala es autor de más de 500 artículos y doce libros, entre los que cuentan *La Teoría de la Evolución*, *Genética moderna*, *Origen y evolución del hombre*, *Evolución molecular*, etc. Es también doctor Honoris Causa por varias universidades españolas y extranjeras.

(mtDNA), que sólo lo transmiten las mujeres. Concluyeron que el mtDNA de todos los humanos actuales deriva de una mujer que vivió hace doscientos mil años. ¿Sería esta mujer la Eva bíblica de quien todos descendemos?

La respuesta es «no» en ambos casos. Efectivamente, el gen ZFY de todos los humanos desciende de aquel Adán y el mtDNA nos viene de aquella Eva. Pero el ZFY y el mtDNA representan menos de una cienmilésima de la herencia biológica que recibimos de nuestros padres. El resto, la inmensa mayoría de los genes, nos vienen de otros Adanes y Evas, muchos miles de ellos.

El error deriva de confundir las genealogías de genes y las genealogías de individuos. La genealogía de un gen tiene cada vez menos antepasados hasta llegar a uno solo de quien todos hemos heredado ese gen (como pasa con el apellido). La genealogía de un individuo, por el contrario, se multiplica por dos cada generación: dos padres, cuatro abuelos y así sucesivamente.

El Adán ZFY es nuestro antepasado *en la línea paterna* y la Eva mitocondrial lo es *en la línea materna*. Pero no son ni el único hombre ni la única mujer que vivían en su tiempo, ni los únicos antepasados de quienes los humanos descendemos (de la misma manera que el antepasado de quien los Ayalas hemos heredado el apellido no es el único de nuestros antepasados varones). Además, la Eva mitocondrial y el Adán ZFY no eran esposos ni se conocían, sino que vivían en épocas diferentes y lugares alejados.

En el presente artículo, analizo los genes del sistema HLA (que sirven para desenmascarar y destruir las bacterias y otros agentes infecciosos), para determinar el número de antepasados de quienes descendemos los humanos. Fueron cien mil individuos o más por generación, a través de toda la existencia de nuestra especie, *Homo sapiens*, de la de nuestra especie ancestral, *Homo erectus* (que apareció hace 1,7 millones de años), y de sus especies ancestrales a lo largo de muchos millones de años. De todos esos individuos hemos heredado nuestra herencia biológica, de la cual el gen ZFY y el mtDNA representan una fracción pequeñísima.

El ADN, código de la herencia y registro de la evolución

El idioma genético es el ADN. Las letras del alfabeto genético son cuatro, llamados nucleótidos y representados con las letras A, C, G y T. La sucesión lineal de los nucleótidos contiene la información genética,

de la misma manera que la sucesión de letras en este párrafo contiene la información semántica que quiero comunicar al lector.

El ADN contiene la información que determina el desarrollo del individuo y sus características; por ejemplo, si tendrá ojos castaños o azules, o si su grupo sanguíneo será A o B. Además, el ADN contiene información sobre la historia evolutiva del organismo. Esto se debe a que los genes cambian por mutaciones, que son sustituciones de un nucleótido por otro en el ADN, que ocurren de manera gradual. La evolución ocurre paso a paso, de manera que el número de sustituciones en el ADN refleja la duración del tiempo pasado. Es decir, el ADN de un organismo es más semejante al de un antepasado de hace un millón de años que al de hace dos millones de años.

Si comparamos dos organismos como el hombre y el chimpancé, y observamos que el número de diferencias en su ADN es menor entre ellos dos que entre cualquiera de ellos y el orangután, podemos concluir que la divergencia de los linajes humano y chimpancé es más reciente que su divergencia del linaje que lleva al orangután. En general, el número de diferencias en las cadenas de ADN corresponde a la distancia evolutiva entre las especies correspondientes.

La biología molecular ha descubierto los métodos para descifrar las cadenas de ADN, es decir, para leer la secuencia de las letras (nucleótidos). Con ello se ha abierto el camino más cierto y eficaz para reconstruir la historia evolutiva de los organismos. El proceso fundamentalmente consiste en estimar el número de letras que son diferentes entre dos moléculas de ADN, puesto que el número de diferencias es proporcional al tiempo transcurrido desde que las especies a que pertenecen esas moléculas divergieron una de otra.

Una característica del ADN es que posee información virtualmente ilimitada sobre la evolución de las especies. El ADN de una persona consta de seis mil millones de nucleótidos; tres mil millones heredados de cada uno de los progenitores. Para poder representar por escrito todos esos nucleótidos (representando cada uno con la letra apropiada A, C, G, o T), se necesitan mil volúmenes, cada uno de mil páginas y con seis mil letras por página. Los monos y otros mamíferos contienen la misma cantidad de ADN que los humanos, y otros vertebrados como pájaros, anfibios, reptiles y peces, más o menos la misma. La biología molecular nos ha dado acceso a esta información inmensa y ha hecho así posible reconstruir la historia de la evolución con tanta precisión y detalle como se quiera. Los únicos límites son los recursos humanos y económicos.

Reconstrucción de la evolución

El método utilizado para reconstruir la evolución del ADN se puede ilustrar con un simple ejemplo. La figura 1 muestra una comparación esquemática entre cuatro secuencias del gen DRB1, dos de humanos y dos de chimpancé, cada una de 270 nucleótidos; el número de diferencias entre cada par de genes se presenta en la Tabla 1. Los más similares son el gen humano Hs*1103 y el gen del chimpancé Pt*0309, que se

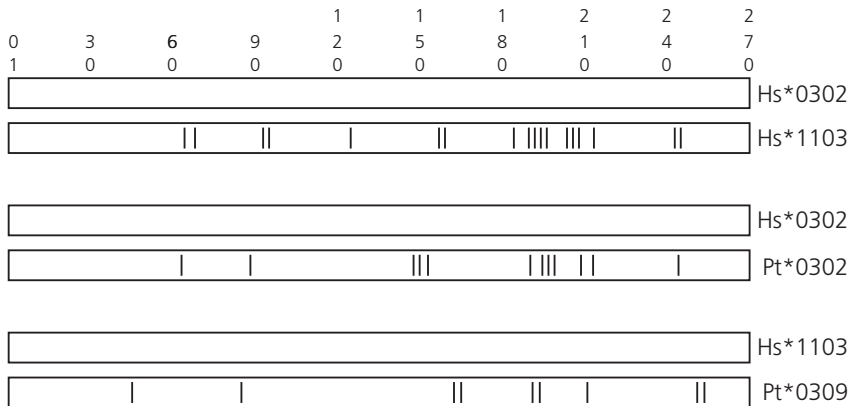


Figura 1. Comparación esquemática, por pares, entre dos genes humanos (Hs) y dos genes de chimpancé (Pt). Las diferencias entre los dos genes de cada par están indicadas por rayitas verticales, cada una de las cuales corresponde a una letra (nucleótido) de ADN. Lo notable de este ejemplo es que cada uno de los dos genes humanos (arriba) difiere más del otro que de un gen de chimpancé.

Tabla 1
Diferencias entre cuatro genes DRB1,
dos de humanos (Hs) y dos de chimpancé (Pt).

	Hs*1103	Pt*0309	Pt*0302
Hs*0302	18	18	12
Hs*1103		9	20
Pt*0309			20

han arreglado en la fig. 2 para indicar que comparten un ancestro común reciente. Los otros dos genes, Hs*0302 y Pt*0302, son también más similares entre sí que con Hs*1103 o Pt*0309; se puede ver su relación en la fig. 2. Los dos pares han sido conectados a la izquierda de la figura para indicar que los cuatro genes se han derivado de un gen ancestral común. La longitud de las ramas puede hacerse proporcional al número de cambios de nucleótidos que han ocurrido en cada rama (que se calculan a partir de la Tabla 1).

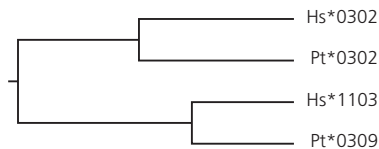


Figura 2. Árbol genealógico de los cuatro genes representados en la figura 1. Las ramas que unen los genes Hs*0302 y Pt*0302 son más cortas que las ramas que unen los dos genes humanos Hs*0302 y Hs*1103. Esto implica que estos dos genes humanos ya existían cuando se separaron humanos y chimpancés, hace seis millones de años.

Una propiedad notable de estos cuatro genes es que cada uno de los dos genes humanos es más diferente del otro gene humano que lo es con respecto a un gen de chimpancé. Se sigue de ello que los linajes de los dos genes humanos divergieron uno del otro hace más de 6 millones de años (Ma), que fue cuando divergen humanos y chimpancés. El origen antiguo de los genes DRB1 los hace particularmente adecuados para investigar la historia de poblaciones humanas antiguas.

Genealogía de los genes DRB1

El gen DRB1 es uno de los 100 genes que constituyen el complejo HLA, que se extiende sobre un segmento de DNA de 4 millones de nucleótidos (localizado en el llamado cromosoma 6). Los genes HLA especifican la síntesis de moléculas con un papel crítico en la defensa contra patógenos y parásitos. Estos genes están arreglados en dos grupos distintos, clase I y clase II (Figura 3).

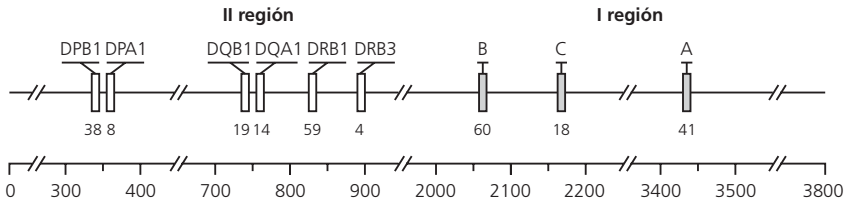


Figura 3. Representación esquemática de parte del cromosoma humano 6, en la que se indica la posición de varios genes del complejo HLA, implicados en la defensa inmune contra bacterias y otros patógenos. Debajo de cada gen está señalado el número de variantes (alelos) conocidos; en el caso de DRB1 el número es 59. La escala se refiere al número de nucleótidos (las letras del alfabeto del ADN) y está en miles; la longitud total del segmento de ADN representado en esta figura es de 3.800.000 nucleótidos.

El complejo de genes HLA es homólogo a un complejo de genes que existe en otros animales y que se representa como MHC («complejo mayor de histocompatibilidad»). Las moléculas MHC presentes en la superficie de ciertas células enlazan fragmentos de proteínas (antígenos) y los presentan a los linfocitos llamados células T. Cuando las células que presentan antígenos contactan a las células T que portan los receptores correspondientes, se combinan el fragmento de proteína y la molécula MHC, lo cual estimula la proliferación de las células T, iniciándose así la respuesta inmunológica, incluyendo la secreción de anticuerpos específicos, que nos defienden contra las invasiones de bacterias y otros patógenos.

El reconocimiento de fragmentos de proteína es realizado por una cavidad especial en la superficie de la molécula MHC, que consiste en unos 50 aminoácidos (las unidades de que se componen las proteínas). La composición de estos aminoácidos varía de una molécula MHC a otra. Es esta variación la que es responsable de la tremenda diversidad característica de las moléculas MHC y los genes que las codifican; y esta diversidad a su vez es la que hace posible la defensa contra los más diversos invasores patógenos.

En humanos, así como en otros mamíferos, existe gran número de variantes genéticas (alelos) en cualquiera de los diferentes genes de MHC. El número de variantes conocidos está anotado en la figura 3 debajo de su gen correspondiente. Estos variantes son, además, muy diferentes entre sí, lo que indica que son muy antiguos.

La figura 4 representa el árbol genealógico de 119 genes DRB1, de los cuales 59 provienen de humanos (representados con las letras Hs,

DRB1

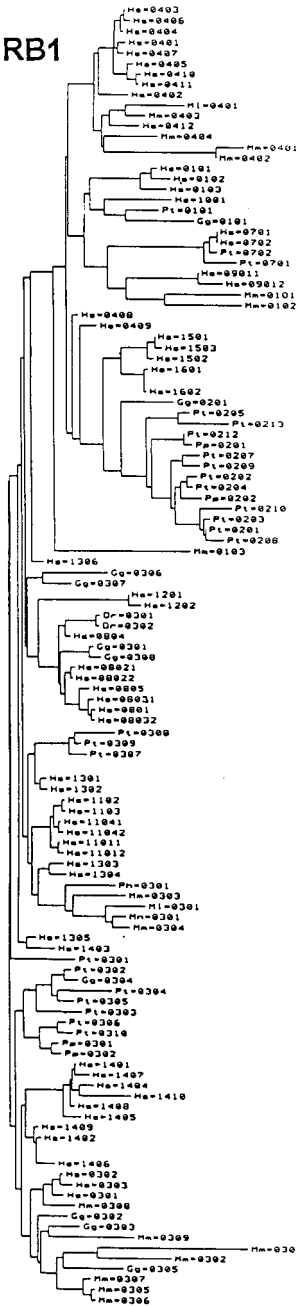


Figura 4.

Arbol genealógico de 119 genes DRB1, 59 de los cuales son humanos (Hs), mientras que los otros son de varios primates (las especies y sus símbolos se dan en la Tabla 2). La interpretación de esta figura es análoga a la de un árbol común (excepto que la figura crece de izquierda a derecha por razones de conveniencia representativa): a la extrema izquierda está el tronco, del que salen ramas que se van subdividiendo de dos en dos hasta llegar a los genes actuales. La longitud de las ramas es proporcional a la cantidad de cambios evolutivos que han ocurrido en el gen correspondiente. Conexiones cercanas representan genes estrechamente relacionados; es decir, que han tenido un antepasado común reciente.

por *Homo sapiens*), 40 son de simios y 20 son de monos (véase la Tabla 2, donde se da el número de genes y las dos letras con que se representa cada especie). En este árbol genealógico, la longitud de cada rama es proporcional al número de nucleótidos que han cambiado en cada linaje. Podemos ver, por ejemplo, en la parte inferior de la figura, que el gen de macaco Mm*0301 ha evolucionado más rápidamente (su rama es más larga) que el gen Mm*0302, también de macaco.

Tabla 2
Número de genes DRB1 de cada especie.

Símbolo	Nombre Científico (y común)	Genes
Primates:		
Hs	<i>Homo sapiens</i> (Humano)	59
Pp	<i>Pan paniscus</i> (Bonobo o chimpancé pigmeo)	4
Pt	<i>Pan troglodytes</i> (Chimpancé)	24
Gg	<i>Gorilla gorilla</i> (Gorila)	10
Or	<i>Pongo pygmaeus</i> (Orangután)	2
Mm	<i>Macaca mulatta</i> (Macaco)	16
Mn	<i>Macaca nemestrina</i> (Macaco)	1
MI	<i>Mandrillus leucophaeus</i> (Dril)	2
Ph	<i>Papio hamadryas</i> (Papión)	1

Antigüedad de los linajes DRB1 humanos

Los linajes de los genes humanos DRB1 son muy antiguos, como es evidente notando que es más remota la asociación de algunos genes humanos entre sí que con los de otras especies. Por ejemplo, el gen número 12, empezando a contar desde arriba en el árbol, es el gen humano Hs*0412, que está estrechamente relacionado con el gen de mandril MI*0401. Se puede ver también en el árbol genealógico que la relación del gen Hs*0412 con otros genes humanos es, por el contrario, mucho más remota; como, por ejemplo, con el relativamente cercano Hs*0402 (tres genes más arriba de Hs*0412) o el mucho más remoto Hs*0301 (en la parte inferior de la figura). La separación entre

los hominoides (humanos y simios) y los monos del Viejo Mundo (macaco, mandril, papión) ocurrió hace 35 Ma (entre los períodos geológicos Eoceno y Oligoceno). Quiere ello decir que el linaje del gen Hs*0412 había divergido del Hs*0402 hace más de 35 Ma y del Hs*0301 hace mucho más de 35 Ma. Es decir, muchos de los genes humanos DRB1 han existido en nuestros antepasados desde hace muchos millones de años (mucho antes de que nuestra especie *Homo sapiens* llegara a existir, que fue hace sólo 500.000 años).

La edad de los linajes DRB1 humanos puede ser calculada calibrando la tasa de evolución de los genes DRB1 (es decir, calculando el ritmo del reloj molecular del DRB1), como he hecho y publicado en otra ocasión (en la revista *Molecular Phylogenetics and Evolution*, volumen 5, pp. 188-201, 1996). La tasa de sustitución es de 0,3 nucleótidos por gen por millón de años. La figura 5 representa el árbol genealógico de los 59 genes humanos DRB1, basado en la tasa promedio de evolución.

La escala en la figura 5 destaca tres puntos en la evolución del linaje humano: la divergencia del linaje orangután hace 15 Ma, la divergencia de humanos y simios africanos (chimpancés y gorilas) hace 6 Ma, y el origen del *Homo erectus* hace 1,7 Ma, la especie inmediatamente anterior a la nuestra. Estos puntos de referencia son útiles para determinar el número de linajes genéticos existentes en esos momentos particulares, lo cual se hace contando el número de linajes intersecados por una línea vertical trazada desde el punto de tiempo. Por ejemplo, ya existían 32 DRB1 humanos hace 6 Ma, lo que implica, correspondientemente, que los otros 27 (de los 59 actuales) aparecieron después de que el linaje humano se separara de los simios africanos. La genealogía de todos los genes humanos coalesce hace 60 Ma, lo que significa que los genes humanos DRB1 empezaron a existir y multiplicarse ya desde entonces.

Número de individuos en poblaciones ancestrales

Si 32 linajes humanos del gen DRB1 han persistido desde hace 6 Ma, es evidente que en cualquier momento de ese período no pudieron haber vivido menos de 16 individuos (cada individuo posee dos genes, uno heredado del padre y otro de la madre). El número mínimo de individuos tiene que haber sido mucho más grande, pues la probabilidad de que esos 16 individuos fueran todos portadores de genes distintos unos de otros es nula. La teoría genética de la coalescencia,

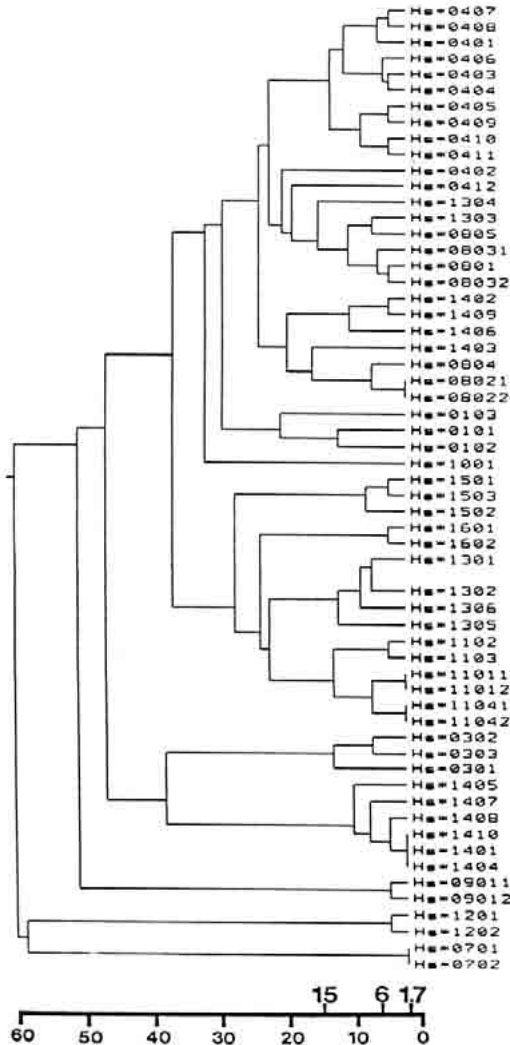


Figura 5. Árbol genealógico de 59 genes DRB1 humanos. Este árbol debe interpretarse como el de la figura 4, excepto que la longitud de las ramas se ha promediado para que reflejen el tiempo transcurrido. La escala inferior está dada en millones de años. Tres sucesos importantes están indicados encima de la escala: la separación del linaje del orangután, hace 15 millones de años; la separación del linaje del chimpancé, hace 6 millones de años; y el origen del *Homo erectus*, hace 1,7 millones de años. La especie *Homo erectus* es la ancestral de la nuestra, llamada *Homo sapiens*.

formulada en la última década, hace posible determinar el número de individuos de una especie la persistencia de un número dado de genes.

La teoría de la coalescencia examina la relación genealógica entre genes. De acuerdo con esa teoría, todos los genes (alelos) presentes en una población descienden de un solo gen, hacia el cual coalescen. La teoría se aplica primero a genes neutros (es decir, que no modifican la adecuación del individuo). En una población en equilibrio con apareamiento al azar, el tiempo medio de coalescencia para genes neutros está dado por $T = 4N[1 - (1/i)]$ generaciones, donde T es el número de generaciones hasta llegar a la coalescencia, N es el tamaño efectivo de la población, y la letra i representa el número de genes. Si el número de genes es relativamente grande (como lo es 59, el número de genes DRB1 humanos), la fórmula se reduce aproximadamente a $T = 4N$. Por lo tanto, en una población con $N = 1$ millón de individuos, los genes convergen en su ancestro común hace 4 millones de generaciones.

La ecuación de la coalescencia puede ser utilizada en la dirección inversa, de manera que podemos calcular el tamaño de la población si conocemos cuando ocurrió la coalescencia, como pasa en este caso. Los genes humanos para DRB1 coalescen en un ancestro único hace 60 Ma (Fig. 5), en el Paleoceno medio, unos 25 millones de años antes de la divergencia de monos y simios. Si asumimos que el tiempo promedio de generación es de 15 años, la coalescencia ocurrió hace 4 millones de generaciones; y, por lo tanto, N es un millón de individuos.

Si los genes DRB1 fueran neutrales, el cálculo que acabo de hacer lleva a la conclusión de que el número de nuestros antepasados que vivieron en cualquier momento durante los últimos 60 millones de años no fue nunca menos de un millón. Sabemos, sin embargo, que los genes DRB1 están sujetos a la selección natural. Esto requiere modificar el cálculo, que, sin entrar en los detalles, lleva a la conclusión de que el número de nuestros antepasados en cualquier momento dado no fue nunca menos de cien mil individuos. Cuando publiqué esta conclusión por primera vez en 1995, resultó muy sorprendente para muchos científicos, que pensaban que en la historia de nuestros antepasados habían ocurrido «cuellos de botella», momentos en que el número de antepasados había sido sólo una o pocas parejas. En el momento actual, la conclusión de que tales cuellos de botella no han existido es generalmente aceptada por los científicos.

Experimentos con computador

Cuando los científicos llegamos a una conclusión inesperada o contraria a lo que es generalmente aceptado, queremos comprobar la conclusión examinándola de maneras diferentes. La conclusión anterior, que el número de nuestros antepasados no fue en ningún momento menor de cien mil, puede examinarse estudiando poblaciones consistentes en números variables de individuos. Podríamos examinar cuantos genes pueden subsistir a través de miles de generaciones. Naturalmente, tales estudios no pueden hacerse con poblaciones reales, pero es posible hacer los experimentos en un computador electrónico, en el que se simulan las características de poblaciones animales, incluyendo el modo de reproducirse y demás. La figura 6 representa los resultados de tres grupos de experimentos, con poblaciones que constan de mil, diez mil y cien mil individuos, en las que se supone que hay 60 genes diferentes. El estudio dura 100.000 generaciones, un tiempo equivalente a 1,7 Ma, que corresponde al origen del *Homo erectus*. Los valores de s se refieren a la selección natural, que va de cero a 0,2, pero los valores apropiados para los genes DRB1 son 0,01 y 0,02.

En el caso de poblaciones de $N=1.000$ individuos (Fig. 6, gráfica superior) o aun 10.000 individuos (gráfica intermedia), la mayoría de los genes son rápidamente eliminados (para los dichos valores de s entre 0 y 0,02). Pero con poblaciones de $N=100.000$ individuos (gráfica inferior), sobreviven entre 30 y 50 genes, que es un número apropiado, cuando tenemos en cuenta el proceso de mutación por el que se originan de tarde en tarde nuevos genes. En conclusión, estas poblaciones simuladas en computador dan resultados coherentes con los cálculos teóricos de que, para mantener 60 genes DRB1, las poblaciones humanas ancestrales deben haber constado de 100.000 individuos o más en su larga historia.

La Eva mitocondrial

La mayor parte de la información genética está en el núcleo de la célula. Las mitocondrias son organelos celulares que se encuentran fuera del núcleo, pero poseen el llamado ADN mitocondrial (mtDNA), que consta de unos 15 mil nucleótidos, o una cuatrocientosmilésima del ADN del núcleo. La herencia del ADN mitocondrial es peculiar: sigue un patrón de herencia matrilineal. Hijos e hijas heredan de su madre el mtDNA, pero sólo las hijas lo transmiten a su proge.

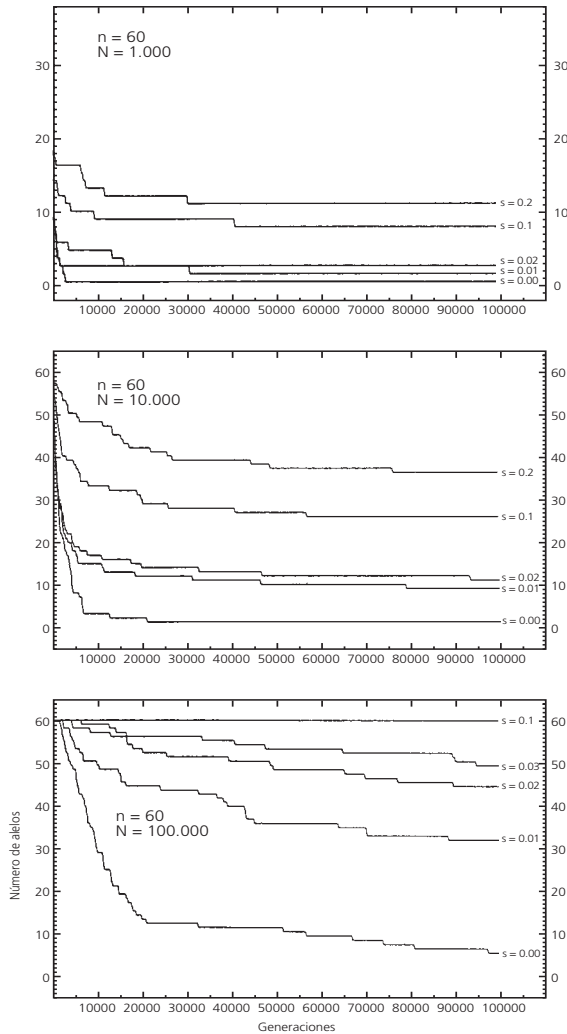


Figura 6. Experimentos con computador electrónico que simulan la evolución de los genes DRB1 durante 100.000 generaciones. El número inicial de genes (n) es 60 en los tres casos. El número de individuos (N) en cada generación es 1.000, 10.000 o 100.000, en la gráfica superior, intermedia o inferior, respectivamente. Los valores de s se refieren a la intensidad de selección natural. Los valores apropiados para los genes DRB1 son 0,01 y 0,02. La gran mayoría de los genes desaparece rápidamente cuando el número de individuos es 10.000 o menos. Pero, como se ve en la gráfica inferior, cuando el número de individuos es 100.000, la mayoría de los genes persiste hasta el final del experimento.

Análisis del mtDNA de 100 individuos étnicamente diferentes han manifestado que las secuencias de mtDNA de humanos modernos coalescen en una secuencia ancestral, la «Eva mitocondrial» que existió en África hace 200.000 años. Esta Eva, sin embargo, no es una única mujer de la que descienden todos los humanos actuales, sino una molécula de mtDNA de la que descienden todas las moléculas de mtDNA modernas. La inferencia (hecha por algunos divulgadores científicos) de que todas las mujeres descienden de una sola o de unas pocas mujeres, se basa en una confusión entre genealogía de genes y genealogía de organismos. Las genealogías de genes coalescen gradualmente hacia un gen (como en las figs. 4 y 5), mientras las genealogías de individuos se incrementan por un factor de dos por cada generación anterior: cada individuo tiene dos progenitores, cuatro abuelos, y así sucesivamente. (El número teórico de ancestros es enorme cuando el número de generaciones es de varias decenas, pero ocurre «endogamia», de manera que los ancestros aparecen cada uno más de una vez en la genealogía.)

La coalescencia en un gen ancestral (o en el mtDNA), no implica que un individuo sea nuestro único ancestro en esa generación. La situación es parecida a la que pasa con el apellido. Todos los Ayala hemos heredado este nombre de Lope Sánchez de Ayala, nieto de Don Vela, vasallo del rey Alfonso VI, quien estableció en el año 1085 el Señorío de Ayala, situado en lo que hoy es la provincia de Alava. Pero eso no implica ni mucho menos que Lope Sánchez de Ayala fuera el único antepasado de quien todos descendemos (por parte de nuestra madre y sus antepasados, y de nuestra abuela paterna y sus antepasados, etc., descendemos de muchos miles de antepasados, distintos para unos y otros).

La conclusión legítima del análisis del mtDNA es que la Eva mitocondrial es el ancestro de los humanos modernos en la línea materna. Cualquier persona tiene un ancestro único en la línea materna en cualquier generación. Así pues, una persona hereda el ADN mitocondrial de la bisabuela en la línea materna, pero también hereda otros genes de las otras tres bisabuelas y de los cuatro bisabuelos. El mtDNA que heredamos de la Eva mitocondrial representa 1/400.000 del ADN presente en cualquier humano moderno. El resto del ADN lo hemos heredado de otros contemporáneos de la Eva mitocondrial.

La teoría de la coalescencia genética hace posible calcular el número de ancestros que fueron contemporáneos de la Eva mitocondrial. El mtDNA es heredado de un solo progenitor (la madre) y es en gran medida neutral. De acuerdo con la teoría, la coalescencia ocurrirá en $T = 2N$ ge-

neraciones anteriores, donde N es el número de madres. Si asumimos 20 años por generación, los 200.000 años de la coalescencia del mtDNA implican 10.000 generaciones; por lo tanto, hubiéramos tenido en aquella generación $N = 5.000$ mujeres ancestrales, o unos 10.000 individuos, entre hombres y mujeres. Este es un valor más bajo del que calculé más arriba; pero otros estudios implican que la coalescencia del mtDNA ocurrió hace entre 600.000 y 900.000 años, lo cual implica un número mínimo de ancestros entre 30.000 y 45.000, que es mucho más cercano al resultado obtenido con los genes DRB1.

El Adán ZFY

Parte del ADN de los varones está contenido en el cromosoma Y, que es como la contrapartida del mtDNA, pues se transmite sólo de padre a hijos varones. Estudios sobre un fragmento del gen ZFY del cromosoma Y en 38 hombres, de diversos orígenes geográficos, llevan a calcular que la coalescencia del gen ZFY puede haber ocurrido hace 800.000 años. El portador del gen ancestral ZFY que predicen estos cálculos es el ancestro de todos los humanos modernos por línea paterna.

Como en el caso de la Eva mitocondrial, el «Adán ZFY» es el individuo del que todos los hombres actuales hemos heredado el gen ZFY, pero no es nuestro único ancestro. Heredamos los otros miles de genes de muchos otros contemporáneos de este Adán, entre 40.000 y 80.000 individuos, un número algo más bajo que el de 100.000 individuos, calculado con los genes DRB1.

La humanidad moderna

El linaje homínido divergió del linaje de los chimpancés hace 6 Ma, y evolucionó en el continente africano hasta el origen del *Homo erectus* hace un poco más de 1,7 Ma. El primer homínido conocido, *Ardipithecus ramidus*, vivió hace 4,4 Ma, pero no sabemos si caminaba erecto ni si pertenece a la línea de descendencia de los humanos modernos. El recientemente descrito *Australopithecus anamensis*, que vivió de hace 3,9 a hace 4,2 Ma, era bípedo y está situado en la línea de descendencia que lleva al *H. erectus* y *H. sapiens*.

Poco tiempo después de su origen en África, el *Homo erectus* se dispersó a otros continentes. Se han encontrado restos fósiles de *H. erectus* en África, Indonesia (Java), China, el Medio Oriente y Europa. Los

fósiles de *Homo erectus* de Java han sido ubicados entre hace 1,81 y 1,66 Ma, y los de Georgia entre 1,6 y 1,8 Ma. Se han encontrado restos de *H. erectus* también en España, en depósitos fosilíferos de hace 780.000 años.

La transición de *H. erectus* a *H. sapiens* ocurrió alrededor de hace 500.000 años, pero no hay seguridad sobre si algunos fósiles son de *H. erectus* o de formas arcaicas de *H. sapiens*. Por otra parte, el *H. erectus* persistió en Asia hasta hace 250.000 años en China y posiblemente hasta hace 100.000 años en Java. La subespecie *H. sapiens neanderthalensis* (a la que pertenecen los llamados hombres de Neanderthal) apareció en Europa hace unos 200.000 años y persistió hasta hace 30.000 años. Los neandertales habían sido considerados como los ancestros de los humanos modernos, pero existe ambigüedad, pues sabemos que los humanos modernos aparecieron hace al menos 100.000 años, mucho antes de la desaparición de los neandertales.

Algunos antropólogos proponen que la transición del *H. erectus* al *H. sapiens* arcaico, y después a los humanos modernos, ocurrió simultáneamente en varias partes del Viejo Mundo. Quienes proponen este origen «multirregional» destacan la continuidad observada en distintas regiones del mundo en la transición de *H. erectus* al *sapiens* arcaico y después al moderno. Estos científicos dicen que, durante ese período, se daba de cuando en cuando intercambio genético entre las diferentes poblaciones humanas, lo cual fue suficiente para la evolución consonante en todas las regiones, aunque haciendo posible la persistencia de diferencias geográficas, que perduran en las razas o grupos étnicos humanos actuales. Esta explicación es criticada por otros evolucionistas, pues depende de la existencia de migraciones persistentes entre las poblaciones de diferentes continentes, de lo cual no hay evidencia directa.

Por ello, otros científicos argumentan que los primeros humanos modernos aparecieron en África o en el Medio Oriente, poco antes de hace 100.000 años, y dispersándose hacia el resto del mundo, reemplazaron las poblaciones preexistentes de *H. erectus* o del *H. sapiens* arcaico. La dificultad más seria contra este modelo de reemplazamiento es que no explica la evidente continuidad morfológica que se observa en algunas regiones, notablemente en Australasia.

La reconstrucción del árbol genealógico del mtDNA sitúa sus raíces en África, coherentemente con el origen africano favorecido por proponentes del modelo de reemplazamiento. Existen, además, otros estudios que favorecen la ascendencia africana; principalmente los que se

derivan del análisis de 30 segmentos de ADN, muestreados cada uno en 14 poblaciones de diferentes partes del mundo. El árbol genealógico resultante muestra una división inicial entre poblaciones africanas ancestrales y poblaciones no africanas. La separación más profunda en la genealogía se ha ubicado hace 156.000 años, que por lo tanto indica el tiempo en que los humanos modernos se dispersaron de África hacia el resto del mundo.

En conclusión, los estudios de ADN favorecen un origen africano reciente para los humanos modernos. La diferenciación étnica entre las poblaciones modernas sería evolutivamente reciente, un resultado de evolución divergente entre poblaciones separadas geográficamente durante los últimos 50.000 a 100.000 años. Sin embargo, quedan muchas cuestiones sin resolver definitivamente. El progreso de los últimos años, basado en los estudios de biología molecular, ha sido enorme. Es indudable que estos estudios, que se continúan con intensidad creciente, nos ayudarán a resolver cuestiones importantes sobre el origen de nuestra especie. Cuestiones que fueron planteadas hace muchos siglos, pero que sólo ahora se pueden contestar.

