



Investigadores reconstruyen por primera vez el epigenoma de un Neandertal

- El trabajo, publicado por la revista *Science*, describe patrones de modificación química de los genes que marcan los cambios evolutivos que nos hacen humanos
- La Unidad de Epigenética del Cáncer del IUOPA ha participado en la investigación internacional liderada desde la Universidad de Jerusalén y el Instituto Max Planck

Oviedo, 17 de abril de 2014. La revista *Science* publica hoy jueves un estudio que describe, por primera vez, la reconstrucción de los epigenomas de un Neandertal y de un Denisovan. Un equipo internacional en el que participa el Instituto de Oncología de la Universidad de Oviedo ha aplicado un método novedoso que ha permitido desentrañar el patrón de metilación del ADN de esas dos especies extinguidas. Al comparar sus patrones epigenéticos con los de los humanos modernos, han podido identificar los genes cuya actividad difiere entre esas especies, y que marcan los cambios evolutivos que han configurado nuestra especie, es decir, que nos han hecho ser como somos actualmente.

Al desentrañar cómo se regulaban los genes en los Neandertales y los Denisovares, este estudio aporta por primera vez datos acerca de la evolución de la regulación de los genes en los humanos y abre una ventana a la exploración genética en especies que se extinguieron hace decenas de miles de años.

En el trabajo, coordinado por Liran Carmel de la Universidad de Jerusalén, ha participado la Unidad de Epigenética del Cáncer del Instituto Universitario de Oncología del Principado de Asturias Obra Social Cajastur (Universidad de Oviedo), dirigida por el doctor Mario Fernández Fraga, investigador del CSIC-CNB. El profesor de la Universidad de Cantabria y del Instituto de Investigación Valdecilla (IDIVAL), José A. Riancho, ha participado también en los trabajos desarrollados por el equipo internacional.

"Algunas de las diferencias en los patrones epigenéticos afectan a genes relacionados con el desarrollo de los huesos y podrían explicar las diferencias entre el esqueleto de



esas especies antiguas y los humanos actuales", comenta Fernández Fraga. Otras afectan a genes relacionados con el sistema cardiovascular o el sistema nervioso, los cuales se han asociado con enfermedades como el Alzheimer o la esquizofrenia. Aunque se desconocen los factores que han dado lugar a esas diferencias, dado que los patrones epigenéticos están influidos tanto por las propias características genéticas como por las condiciones ambientales, como dice Riancho, "surge el interrogante de si esos trastornos, tan frecuentes en la sociedad actual, reflejan una predisposición inherente a nuestra especie o son, por el contrario, consecuencia de la forma de vida y el entorno en el que discurre nuestra existencia".

La especie elegida

En el mundo actual convivimos una sola especie de seres humanos. Pero eso no fue así en el pasado. Hasta hace algunas decenas de miles de años, nuestra especie, el Homo sapiens, compartió el territorio y probablemente ideas y parejas con otras especies, como los Neandertales.

Sabemos poco acerca de cuáles fueron las características genéticas específicas que nos permitieron a los Homo sapiens sobrevivir en condiciones adversas, mientras las otras especies se extinguieron. Aún sabemos menos de las características epigenéticas que hicieron de nosotros *la especie elegida*. La genética tiene que ver con los cambios en la secuencia de ADN que representa la estructura básica de los genes. La epigenética, sin embargo, representa las variaciones sutiles de los genes que, sin afectar al núcleo de su estructura, modulan su actividad y pueden transmitirse a través de las generaciones. Entre ellas se encuentran algunas modificaciones químicas, como la metilación del ADN, que controla cuándo y cómo son activados y desactivados los genes que controlan el desarrollo de nuestro organismo.

La determinación de los genomas y los epigenomas de nuestros antecesores es fundamental para entender los mecanismos moleculares responsables de que seamos como somos. Para abordar este reto, Svante Pääbo, científico del Instituto Max Planck de Antropología Evolutiva, lleva coordinando desde varios años el proyecto de la secuenciación del genoma del Neandertal. Como resultado de ello, el pasado mes de febrero la revista *Nature* publicó el primer genoma completo de un Neandertal. El ADN se obtuvo de un hueso del dedo del pie de un individuo adulto que vivió en las Cuevas de Altai (Sur de Siberia) hace unos 50.000 años. Unos meses antes, el mismo grupo había publicado otro artículo en el que describía el genoma del Denisovan, un grupo de humanos arcaicos descubierto recientemente.