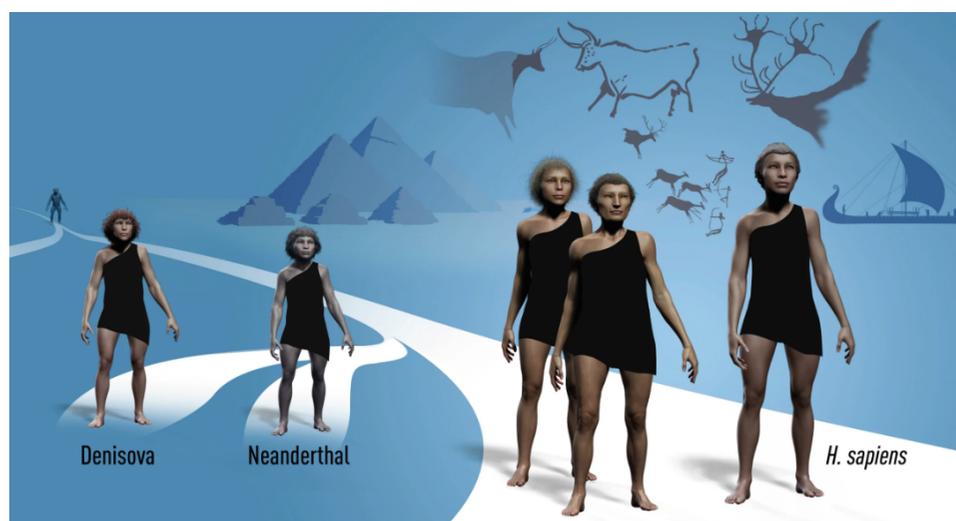


Ensayo

**Premio Nobel de fisiología o medicina en 2022:
una revalidación de la evidencia molecular de los parentescos
más recientes del *Homo sapiens* en el árbol de la vida**

**Nobel Prize in Physiology or Medicine in 2022:
a revalidation of molecular evidence for the most recent
kinship of *Homo sapiens* in the tree of life**



Citación: Gómez-Gutiérrez A. Premio Nobel de fisiología o medicina en 2022: una revalidación de la evidencia molecular de los parentescos más recientes del *Homo sapiens* en el árbol de la vida. Revista de la Academia Colombiana de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales. 46(181):863-865, octubre-diciembre de 2022. doi: <https://doi.org/10.18257/raccefyn.1783>

Editor: Elizabeth Castañeda

Correspondencia:

Alberto Gómez Gutiérrez;
alberto.gomez.gutierrez@gmail.com

Recibido: 3 de octubre de 2022

Aceptado: 4 de octubre de 2022

Publicado en línea: 5 de octubre de 2022

Figura 1. Linajes divergentes de los homínidos más recientes en el árbol de la vida
Tomado de: <https://www.nobelprize.org/prizes/medicine/2022/press-release>

El comité del Premio Nobel anunció el pasado lunes 3 de octubre que el científico ganador de este galardón en el presente año de 2022 fue Svante Pääbo (n. 1955), biólogo y genetista sueco hijo del bioquímico Sune Bergström —Premio Nobel de Fisiología o Medicina en 1982 por su trabajo con Prostaglandinas— y de Karin Pääbo, química estonia. Las investigaciones moleculares del galardonado han permitido postular desde un gen asociado a la capacidad de hablar en los humanos, el gen FoxP2 (Enard *et al*, 2002), hasta el grado de parentesco de ramas divergentes en los homínidos al comparar genomas considerados “completos” de neandertales (Green *et al*, 2010) y denisovanos (Meyer *et al*, 2012) con el genoma del *Homo sapiens* que representa hoy, de manera preliminar, a toda la humanidad (Figura 1).

En palabras de los académicos suecos, el premio se otorga a quien “logró algo aparentemente imposible: secuenciar el genoma del neandertal, un pariente extinto de los humanos actuales. También hizo el sensacional descubrimiento de un homínido denisovano, hasta entonces desconocido. Y lo que es más importante, Pääbo también descubrió que se había producido una transferencia de genes de estos homínidos ya extinguidos al *Homo sapiens* tras la migración fuera de África hace unos 70.000 años” (NobelPrize.org, 2022).



Este artículo está bajo una licencia de Creative Commons Reconocimiento-NoComercial-Compartir Igual 4.0 Internacional

Para muchos, la relevancia médica o fisiológica de este trabajo no será, a priori, evidente. Sin embargo, se precisó en el comunicado oficial que el flujo de los genes antiguos de neandertales y denisovanos “hacia los humanos actuales, tiene relevancia fisiológica hoy en día, por ejemplo, afectando a la forma en que nuestro sistema inmunológico reacciona a las infecciones”, y en general, que sus hallazgos han dado lugar “a una disciplina científica totalmente nueva: la paleogenómica [a través de la cual se revelan] las diferencias genéticas que distinguen a todos los seres humanos vivos de los homínidos extintos [sentando] las bases para explorar lo que nos hace singularmente humanos” (NobelPrize.org, 2022).

El Nobel que aún hoy se sigue llamando “de fisiología o medicina”, con una significativa incertidumbre, reconoce la importancia de las bases genómicas de esta dimensión del conocimiento: además de fisiología (i. e. cómo funciona el organismo) y medicina (i. e. cómo se tratan las enfermedades), introduce la necesidad de entender el fundamento genético de la fisiología y la enfermedad.

Por otra parte, el comité sueco resalta el hecho de que “la cuestión de nuestro origen y de lo que nos hace únicos ha ocupado a la humanidad desde la antigüedad”. La paleontología y la arqueología han permitido determinar que el *Homo sapiens* apareció por primera vez en África hace cerca de 300.000 años, mientras que nuestros parientes más cercanos conocidos, los neandertales, se desarrollaban fuera de África y poblaban Europa y Asia occidental desde hace unos 400.000 años. Al coexistir en estos territorios con los *Homo sapiens*, y de acuerdo con las evidencias genéticas que ha aportado el grupo liderado por Pääbo, los neandertales llegaron a mezclarse con estos “recién llegados” hace unos 40.000 años en Eurasia. La prueba molecular confirma que en diferentes individuos modernos analizados se puede hallar entre 1 y 6% de contenido neandertal o denisovano (Figura 2).

Debe tenerse en cuenta, en todo caso, que estos porcentajes se calculan a partir de las homologías de los genomas de referencia de muy pocos individuos, y es probable que en diferentes poblaciones —en comunidades americanas, por ejemplo—, y en medio de ellas en diferentes individuos, se puedan encontrar porcentajes mayores o menores de identidad de los humanos actuales con los homínidos, en función de los procesos genéticos involucrados en la miscegenación global a través de la historia, tanto como de la eventual mayor o menor importancia fisiológica de los genes que se utilicen como patrones de comparación.

Alberto Gómez Gutiérrez, PhD FLS

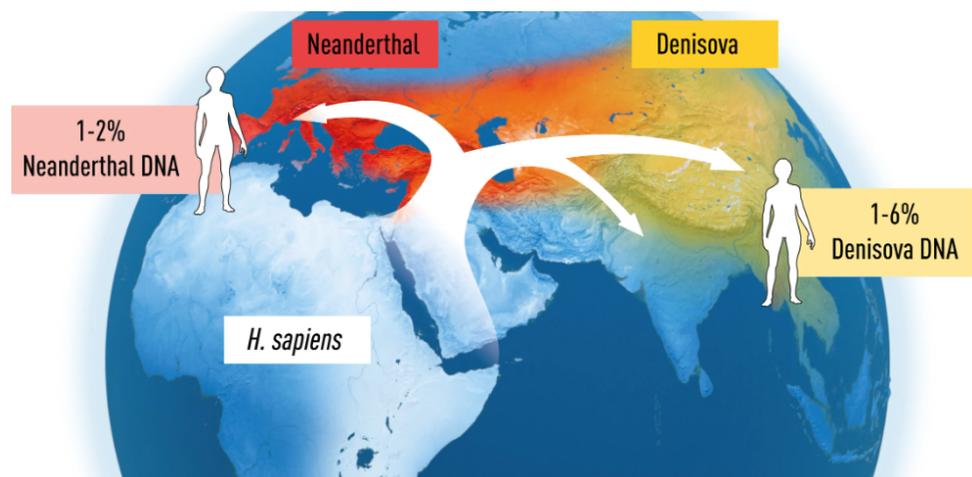


Figura 2. Porcentaje aproximado de nuestro parentesco con los homínidos más recientes
Tomado de: <https://www.nobelprize.org/prizes/medicine/2022/press-release>

Referencias

- Enard, W., Przeworski, M., Fisher, S. E., Lai, C. S., Wiebe, V., Kitano, T., Monaco, A. P., Pääbo S.** (2002). Molecular evolution of FOXP2, a gene involved in speech and language. *Nature* 418, 869-872.
- Green, R. E., Krause, J., Briggs, A. W., Maricic, T., Stenzel, U., Kircher, M., Petterson, N., Li, H., Zhai, W., Hsi-Yang Fritz, M., Hansen, N.F., Durand, E.Y., Malaspinas, A.S., Jensen, J.D., Marques-Bonet, T., Alkan, C., Prüfer, K., Meyer, M., Burbano, H.A., Good, J.M., Schultz, R., Aximu-Petri, A., Butthof, A., Höber, B., Höffner, B., ... Pääbo, S.** (2010). A Draft Sequence of the Neandertal Genome. *Science* 328, 710-722.
- Meyer M, Kircher M, Gansauge MT, Li H, Racimo F, Mallick S, Schraiber JG, Jay F, Prüfer K, de Filippo C, Sudmant PH, Alkan C, Fu Q, Do R, Rohland N, Tandon A, Siebauer M, Green RE, Bryc K, Briggs AW, Stenzel U, Dabney J, Shendure J, Kitzman J, Hammer MF, Shunkov MV, Derevianko AP, Patterson N, Andrés AM, Eichler EE, Slatkin M, Reich D, Kelso J, Pääbo S.** (2012). A high-coverage genome sequence from an archaic Denisovan individual. *Science* 338, 222-226.
- NobelPrize.org** (2022). <https://www.nobelprize.org/prizes/medicine/2022/press-release>.