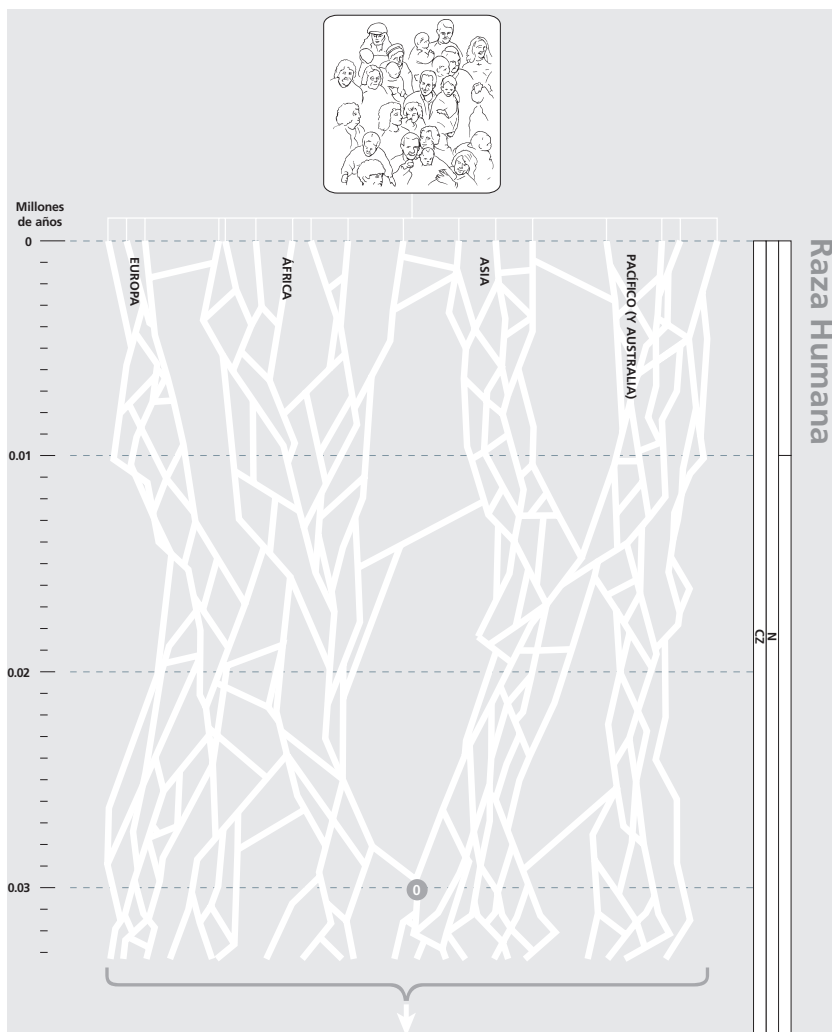


## El género humano

Cuando concluyó el Proyecto del Genoma Humano, una humanidad que bien podía sentirse orgullosa festejó el acontecimiento. Como es natural, todos nos preguntábamos de quién era ese genoma que se acababa de secuenciar. ¿Se había elegido a un ilustre dignatario para tamaño honor, se había cogido a un fulano cualquiera que pasaba por la calle, o se había sacado del laboratorio un anónimo clon de células de tejido cultivado? La cuestión es importante por la sencilla razón de que los humanos somos diferentes unos de otros. Yo tengo los ojos castaños, mientras que el lector tal vez los tenga azules. Yo no consigo doblar la lengua en forma de tubo, mientras que hay un 50 por ciento de posibilidades de que el lector sí lo consiga. ¿Qué versión del gen responsable del doblado de lengua figura en el genoma humano recién secuenciado? ¿Cuál es el color de ojos canónico?

He planteado el asunto sólo para establecer un paralelismo. Este libro va en busca de los remotos antepasados humanos, pero ¿de qué antepasados estamos hablando? ¿De los del lector o de los míos? ¿De los de un pigmeo bambuti o de los de un nativo de las Islas del Estrecho de Torres? Enseguida abordaré esta cuestión, pero no quiero dejar en el aire la pregunta análoga sobre el Proyecto del Genoma Humano: ¿de quién era el genoma escogido para el análisis? En el caso del proyecto *oficial*, la respuesta es que, por lo que respecta al escaso porcentaje de letras del ADN que varían, el genoma canónico es *el voto mayoritario* de un grupo de doscientas personas escogidas de forma que representasen una amplia diversidad racial. En el caso del proyecto



**El género humano.** Gráfico simplificado del árbol genealógico humano. No pretende ser una representación exacta: el verdadero árbol sería de una frondosidad imposible de reflejar. Ascendiendo a lo largo de la página se retrocede en el tiempo; la escala geológica (véase página 29) está indicada en la barra de la derecha. Las líneas blancas representan entrecruzamientos, la mayoría de los cuales tiene lugar dentro de los continentes, aunque también se observan esporádicas migraciones de un continente a otro. El circulito con el «0» señala al Contepasado 0, el antepasado común más reciente de todos los seres humanos vivos. Para comprobarlo basta seguir las rutas ascendentes que parten del Contepasado 0: se escoja la ruta que se escoja, se desemboca en cualquiera de las extremidades superiores, que representan a los seres humanos actuales.

rival, dirigido por el doctor Craig Venter, el genoma analizado fue en su mayor parte... el del doctor Craig Venter. El dato lo dio a conocer el propio doctor<sup>1</sup>, para ligera consternación del comité ético, que, aduciendo toda clase de motivos loables y sensatos, había recomendado que los donantes fuesen anónimos y de diversa extracción racial. Hay una serie de proyectos dedicados al estudio de la diversidad genética humana que, por increíble que parezca, son objeto de reiterados ataques políticos, como si fuese incorrecto reconocer que los seres humanos somos diferentes. Menos mal que lo somos, aunque tampoco tanto.

Pero volvamos a nuestra peregrinación. ¿De quién son los antepasados que nos encontraremos? Si retrocedemos lo bastante en el tiempo, veremos que toda la humanidad tiene antepasados comunes. Todos los antepasados del lector, sea quien sea, son míos, y todos los míos son suyos. Es una de esas verdades para las que, bien mirado, no hacen falta pruebas: se demuestra mediante la pura razón, valiéndonos del expediente matemático de la *reductio ad absurdum*. Retrocedamos con nuestra máquina del tiempo a una época remotísima, pongamos hace 100 millones de años, cuando nuestros antepasados parecían musarañas o zarigüeyas. En algún lugar del mundo, en esa fecha tan distante, al menos uno de mis antepasados personales tenía que estar vivo o, de lo contrario, yo no estaría aquí. Pongamos a este pequeño mamífero el nombre de Henry (que da la casualidad de que es uno de mis apellidos) y tratemos de demostrar que si Henry es antepasado mío, también debe serlo del lector. Imaginemos, por un momento, lo contrario: que yo desciendo de Henry y el lector no. Para que esto fuese cierto, haría falta que todos los antepasados del lector y todos los míos hubiesen marchado en paralelo sin tocarse jamás durante 100 millones de años de evolución, hasta el presente; que hubiesen avanzado sin cruzarse en ningún momento, pero alcanzando la misma meta evolutiva, una meta tan similar que sus parientes y los míos siguen siendo capaces de reproducirse entre sí. La *reductio* es, desde luego, absurda. Si Henry es antepasado mío, también tiene que serlo del lector. Y si no lo es mío, tampoco puede serlo del lector.

---

1. Cuando su equipo pasó a descifrar el genoma canino, nadie se sorprendió al enterarse de que el perro elegido era Shadow, el caniche del doctor Venter.

Sin necesidad de especificar cuál ha de ser la antigüedad de un antepasado «suficientemente lejano», acabamos de demostrar que un individuo suficientemente lejano que tenga descendientes humanos habrá de ser por fuerza antepasado de toda la raza humana. La ascendencia lejana de un grupo concreto de descendientes como los seres humanos es uno de esos problemas del tipo «todo o nada». Es más, es perfectamente posible que Henry sea mi antepasado (y también, necesariamente, del lector, habida cuenta de que es lo bastante humano como para estar leyendo este libro) y que, en cambio, su hermano Eric sea el antepasado, pongamos, de todos los cerdos hormigueros actuales. No sólo es posible, sino que es incuestionable que, en un momento dado de la historia, existieron dos animales pertenecientes a la misma especie, de los cuales uno se convirtió en el antepasado de todos los seres humanos y de ningún cerdo hormiguero, y el otro en el antepasado de todos los cerdos hormigueros y de ningún ser humano. Bien pudieron conocerse y tal vez incluso fueran hermanos. Podemos tachar cerdo hormiguero y sustituirlo por cualquier otra especie moderna: la afirmación seguirá siendo válida. Si se piensa detenidamente, se verá que es una consecuencia lógica del parentesco que guardan todas las especies. Téngase presente, al recapacitar sobre el tema, que el antepasado de todos los cerdos hormigueros también será antepasado de muchas otras criaturas además de cerdos hormigueros (en este caso, de todo un grupo llamado Afrotheria con el que nos reuniremos en el Encuentro 13 y del que forman parte elefantes, dugongos, damanes y tenrecs de Madagascar).

He construido mi razonamiento como una *reductio ad absurdum* que presupone que *Henry* vivió en un pasado lo bastante remoto como para haber generado o bien todos los seres humanos actuales o ninguno. ¿Cuánto tiempo es *bastante*? Eso ya es más difícil de responder. Cien millones de años son más que suficientes para asegurarnos la conclusión deseada. Si sólo nos remontamos cien años, no habrá ningún individuo que pueda proclamarse antepasado directo de toda la humanidad. Entre esos dos extremos tan evidentes de 100 millones de años (posible) y 100 años (imposible) hay opciones intermedias, como 10.000, 100.000 o un millón de años, que no son tan palmarias. Cuando expliqué esta *reductio* en *El río del Edén*, los cálculos exactos no estaban a mi alcance, pero, afortunadamente, un estadístico de la univer-

sidad de Yale llamado Joseph T. Chang se ha encargado de efectuarlos. Sus conclusiones, y las consecuencias que de ellas se derivan, son el fundamento de «El Cuento del Tasmano», una historia que viene particularmente al caso en este encuentro por cuanto el Contepasado 0 es el antepasado común más reciente de todos los seres humanos actuales. Para averiguar la antigüedad del Contepasado 0 hacen falta versiones más complejas de los cálculos de Chang.

El Encuentro 0 es aquél en que, dentro de nuestra peregrinación hacia el pasado, nos reunimos por primera vez con un antepasado humano común. Sin embargo, según nuestra *reductio*, hay en el pasado un punto más lejano en el que todos los individuos que encontramos con nuestra máquina del tiempo son o bien un antepasado común, o no son un antepasado en absoluto. Y aunque en ese hito más distante no se singularice ningún antepasado concreto, merece la pena echar un vistazo al escenario porque señala el punto a partir del cual podemos dejar de preguntarnos si estamos viendo un antepasado mío o del lector: de ahí en adelante todos marchamos hacia el pasado, hombro con hombro, en una misma falange de peregrinos.

## EL CUENTO DEL TASMANO

*Escrito en colaboración con Yan Wong*

Buscar antepasados es un pasatiempo fascinante. Como en el caso de la historia humana, existen dos métodos: podemos ir del presente al pasado, enumerando nuestros dos padres, cuatro abuelos, ocho bisabuelos, etcétera, o podemos escoger un antepasado lejano y avanzar hacia el presente, registrando sus hijos, nietos, bisnietos, etcétera, hasta llegar a nosotros mismos. Los genealogistas aficionados usan los dos métodos, yendo y viniendo de una generación a otra hasta completar el árbol genealógico en la medida en que lo permitan los libros de familia y los registros parroquiales. Este cuento, como el libro en conjunto, utiliza el primero de los dos métodos.

Si se escogen dos personas y se retrocede en el tiempo, tarde o temprano se encuentra su antepasado común más reciente, o ACMR. El lector y yo, el fontanero y la reina, cualquier conjunto de individuos

ha de converger forzosamente en un único contepasado (o pareja de ellos). Sin embargo, a menos que se escojan parientes cercanos, para dar con el contepasado hace falta un extenso árbol genealógico, en su mayor parte desconocido. Esto es aplicable, con mayor motivo, para el contepasado de todos los seres humanos actuales, el Contepasado 0, su antepasado común más reciente. Asignarle una fecha no es una tarea al alcance de un genealogista profesional, sino digna de un matemático.

El experto en matemática aplicada trata de entender el mundo real construyendo una versión simplificada del mismo, lo que se llama un *modelo*, que facilita el razonamiento sin perder toda la capacidad de dilucidar la realidad. A veces un modelo nos proporciona una base de referencia, un punto de partida desde el que empezar a explicar el mundo real.

A la hora de idear un modelo matemático para datar al antepasado común a todos los seres humanos actuales, una buena suposición simplificadora, una especie de mundo en miniatura, es una población fértil de tamaño fijo y constante que viva en una isla sin inmigración ni emigración. Pongamos que se trate de una población ideal de aborígenes tasmanos en la época feliz en que los colonos del siglo XIX todavía no los habían exterminado como alimañas. El último tasmano de pura raza, una mujer llamada Truganinni, murió en 1876, poco después de su amigo «King Billy», cuyo escroto terminó convertido en tabaquera (un precedente de las tulipas de las lámparas nazis). Los aborígenes tasmanos se aislaron del mundo hace 13.000 años cuando, a causa del aumento del nivel del mar, los puentes terrestres entre la isla y Australia quedaron inundados, y los primeros extranjeros que vieron después de todo ese tiempo fueron los mismos que, en el siglo XIX, los aplastaron y exterminaron. A los efectos de nuestro modelo, vamos a considerar que Tasmania permaneció completamente aislada del resto del mundo durante 13.000 años, hasta 1800. Y a los mismos efectos, fijamos nuestro presente imaginario en ese 1800 d.C.

El siguiente paso es elaborar un modelo de apareamiento. En el mundo real la gente se enamora o concerta matrimonios, pero aquí somos nosotros los que imponemos las reglas y sustituimos despiadadamente los detalles humanos por matemáticas manejables. Pueden concebirse varios modelos de apareamiento. En el modelo de difusión

aleatoria, hombres y mujeres se comportan como partículas que desde el lugar de nacimiento se difunden hacia el exterior y que tienen más probabilidades de aparearse con personas cercanas que con lejanas. Más simple y menos realista todavía es el modelo de apareamiento aleatorio, en el que se prescinde de la idea de distancia y se presupone que, única y exclusivamente dentro de la isla, el apareamiento de cualquier macho con cualquier hembra es igual de probable.

Naturalmente, ni uno ni otro modelo son remotamente verosímiles. La difusión aleatoria presupone que los individuos echan a andar en cualquier dirección desde su punto de partida, cuando lo cierto es que hay senderos o caminos que los orientan en un sentido u otro: estrechos canales genéticos a través de los bosques y praderas de la isla. El modelo de apareamiento aleatorio es aún más improbable. Pero no importa, los modelos se construyen para ver lo que sucede en condiciones hipotéticas y simplificadas. Los resultados pueden ser sorprendentes; después tendremos que reflexionar si el mundo real es más o menos sorprendente que nuestro modelo, y en qué sentido.

Fiel a una larga tradición de genetistas matemáticos, Joseph Chang ha optado por el apareamiento aleatorio. Su modelo no tiene en cuenta el tamaño de la población, pues da por hecho que se mantiene constante. Chang no se refiere a Tasmania en particular, pero vamos a suponer, una vez más con un exceso calculado de simplificación, que nuestra población-modelo se mantenga estable en la cota de los 5.000 habitantes, que es una de las cifras que se barajan para el número de aborígenes tasmanos en 1800, antes de que comenzasen las masacres. Insisto en que estas simplificaciones son esenciales para la elaboración de modelos matemáticos: y lejos de ser los puntos flacos son para según qué cosas, uno de los puntos fuertes del método. Chang, evidentemente, no cree que la gente se aparee al azar, como tampoco Euclides creía que las líneas careciesen de anchura. Adoptamos suposiciones abstractas para ver adónde nos llevan y luego decidimos si las diferencias con el mundo real son importantes o no.

¿Cuántas generaciones hay que remontarse para estar bastante seguro de encontrar un individuo que sea antepasado de todos los seres humanos actuales? Según el modelo abstracto, la respuesta es el logaritmo (en base 2) del total de la población. El logaritmo en base 2 de un número es la potencia a que hay que elevar 2 para obtener ese

determinado número. Para obtener 5.000 hay que elevar 2 a 12,3, de modo que, en nuestro ejemplo de Tasmania, hace falta remontarse 12,3 generaciones para encontrar el antepasado. Calculando cuatro generaciones por siglo, eso supone menos de cuatro siglos, y menos aún si los individuos se reproducen antes de los 25 años.

Vamos a llamar *Chang Uno* a la fecha del antepasado común más reciente de una población determinada. Si seguimos retrocediendo en el tiempo desde *Chang Uno*, no tardaremos en llegar al punto *Chang Dos*, en el cual todo individuo, o bien es un antepasado común, o no tiene ningún descendiente vivo. Tan sólo durante el breve intervalo entre *Chang Uno* y *Chang Dos* existe una categoría intermedia de individuos que tienen algunos descendientes vivos pero no son antepasados comunes de todo el mundo. Una deducción sorprendente, cuya lógica no voy a explicar en detalle, es que en *Chang Dos* un gran número de individuos son antepasados universales: cerca del 80% de individuos de cualquier generación son, en teoría, antepasados de todos los que vivan en un futuro lejano.

Por lo que respecta a la cronología, las matemáticas dicen que *Chang Dos* es 1,77 veces más antiguo que *Chang Uno*. Si se multiplica 1,77 por 12,3 se obtienen poco menos de 22 generaciones, es decir, entre cinco y seis siglos. Así pues, mientras en Tasmania viajamos hacia el pasado con nuestra máquina del tiempo, en Inglaterra, cerca de la época en que vivió Geoffrey Chaucer, entramos en el territorio del todo o nada. Desde ese punto hasta la época en que Tasmania estaba unida a Australia y no haya más porcentajes sobre los que especular, todo individuo con el que se cruce nuestra máquina del tiempo tendrá por descendientes a toda la población o no tendrá ninguno.

No sé al lector, pero a mí me sorprende que las fechas sean tan recientes. Es más, aun presuponiendo una población mayor, las conclusiones no varían gran cosa. Si se toma como modelo una población de 60 millones de habitantes, como la de la Gran Bretaña actual, basta remontarse 23 generaciones para llegar al *Chang Uno* y encontrarnos con nuestro antepasado común más reciente. Si el modelo se aplicase a Gran Bretaña, el *Chang Dos*, el punto en el que todo individuo sería o bien antepasado de todos los británicos actuales o de ninguno, se encontraría a tan sólo 40 generaciones de distancia, es decir, hacia el año 1000 d.C. Si los supuestos del modelo fuesen verdaderos



(y evidentemente no lo son), el rey Alfredo el Grande sería el antepasado de todos los británicos actuales o de ninguno.

Debo repetir las advertencias que hice al comienzo. Ya sea en Gran Bretaña, en Tasmania o en cualquier otro lugar, existen diferencias de todo tipo entre poblaciones *modelo* y poblaciones *reales*. A lo largo de la historia, la población británica ha aumentado de forma vertiginosa hasta alcanzar su tamaño actual, lo cual modifica por completo los cálculos. En las poblaciones reales, las personas no se aparean al azar, sino que muestran preferencia por los miembros de su propia tribu, grupo lingüístico o área geográfica, además, por supuesto, de las preferencias personales. El caso de Gran Bretaña presenta la dificultad añadida de que, aunque geográficamente sea una isla, su población dista mucho de estar aislada. A lo largo de los siglos han llegado a sus costas diversas oleadas migratorias procedentes de Europa, entre ellas las de los romanos, los sajones, los daneses y los normandos.

Si Tasmania y Gran Bretaña son islas, el mundo es una *isla* mayor, ya que no tiene ni inmigrantes ni emigrantes (salvo alguna que otra abducción alienígena a bordo de platillos volantes). Pero está subdividido de manera irregular en continentes e islas menores, y no sólo los mares y océanos, sino también las cordilleras, los ríos y los desiertos obstaculizan en diversa medida el desplazamiento humano. Una serie de complejas desviaciones con respecto al modelo de apareamiento aleatorio vienen a desbaratar considerablemente nuestros cálculos. En la actualidad el mundo tiene 6.000 millones de habitantes, ¡pero sería absurdo calcular el logaritmo de 6.000.000.000, multiplicarlo por 1,77 y aceptar que la fecha resultante: 500 d.C., fuese la del Encuentro 0!. La verdadera fecha es más antigua, aunque sólo sea porque hay bolsas de humanidad que han permanecido aisladas mucho más tiempo que las cifras que estamos manejando ahora. Si una isla ha estado separada del resto del mundo durante 13.000 años, como es el caso de Tasmania, es imposible que el conjunto de la raza humana tenga un antepasado universal de menos de 13.000 años de antigüedad. Incluso el aislamiento parcial de algunas subpoblaciones trastoca la teórica precisión de nuestros cálculos, y lo mismo ocurre con cualquier tipo de apareamiento que no sea aleatorio.

La fecha en que la más separada de las poblaciones insulares del mundo comenzó su aislamiento establece el límite inferior de la fecha

del Encuentro 0. Pero para dar credibilidad a este límite hace falta que el aislamiento sea total, como se sigue de cuanto hemos dicho más arriba sobre el 80% de la población en el punto Chang Dos. Un inmigrante que llegase a Tasmania, una vez estuviese lo bastante integrado en la sociedad como para reproducirse normalmente, tendría un 80% de posibilidades de terminar siendo antepasado común de todos los tasmanos. Así pues, hasta el flujo migratorio más exiguo basta para injertar el árbol genealógico de una población, por lo demás aislada, en el de la población continental. Lo más probable es que la fecha del Encuentro 0 dependa de la fecha en que la bolsa de seres humanos más retirada del conjunto se aisló completamente de la población vecina, de la fecha en que esta población vecina se aisló completamente de su población vecina, y así sucesivamente. Puede que sea necesario averiguar las fechas de aislamiento de unas cuantas islas antes de poder reunir todos los árboles genealógicos, pero a partir de ahí bastará retroceder unos pocos siglos para tropezarse con el Contepasado 0. Esto quiere decir que el Encuentro 0 habría tenido lugar hace unas cuantas decenas de milenios o, como máximo, unos pocos cientos.

Por lo que respecta al lugar donde se produjo, la conclusión es casi igual de sorprendente. El lector tal vez se incline por África, como yo mismo pensé en un primer momento. Teniendo en cuenta que África alberga las diferencias genéticas más profundas dentro del género humano, parece el lugar más lógico donde buscar al antepasado común de todos los seres humanos vivos. Se ha señalado, no sin razón, que si borrásemos del mapa el África subsahariana, se perdería la mayor parte de la diversidad genética humana, mientras que si se eliminase el resto del planeta, el panorama genético no cambiaría mucho. Sin embargo, el Contepasado 0 pudo perfectamente haber vivido fuera de África. Es el antepasado común más reciente en el que convergen la población geográficamente más aislada del mundo, como Tasmania, y el resto de la humanidad. Suponiendo que las poblaciones del resto del mundo, incluida África, se cruzasen siquiera parcialmente durante el largo periodo en que Tasmania permaneció totalmente aislada, la lógica de los cálculos de Chang podría inducirnos a sospechar que el Contepasado 0 vivió fuera de África, cerca del punto del que partieron los emigrantes cuyos hijos se convirtieron en inmigrantes tas-

manos. Sin embargo, las poblaciones africanas conservan la mayor parte de la diversidad genética humana. Esta aparente paradoja quedará resuelta en el próximo cuento, donde exploraremos árboles genealógicos de genes, no de personas.

Nuestra sorprendente conclusión es que el Contepasado 0 probablemente vivió hace tan sólo unas decenas de milenios, y, muy probablemente, ni siquiera lo hiciera en África. Otras especies también pueden tener antepasados comunes bastante recientes, pero éste no es el único aspecto de «El Cuento del Tasmano» que nos obliga a replantearnos ciertas ideas biológicas. A los biólogos darvinistas les resulta paradójico que ocho de cada diez individuos de una población terminen siendo antepasados universales. Me explico: solemos pensar que los organismos individuales están continuamente esforzándose por maximizar una variable denominada *aptitud*. No hay un acuerdo pleno sobre el significado exacto del término. Una acepción que goza de cierto consenso es «número total de hijos», otra es «número total de nietos», pero no existe ningún motivo plausible por el que detenerse en los nietos y muchos expertos prefieren decir que, en la práctica, la aptitud es «el número total de descendientes que viven en un futuro lejano». Sin embargo, se nos plantea un problema si, en esa población ideal donde no existe selección natural, ocho de cada diez individuos tienen la máxima aptitud posible, y ésta consiste en que: ¡esos ocho de cada diez individuos van a ser progenitores de toda la población! El asunto es de fundamental importancia para los darvinistas puesto que en general dan por hecho que la *aptitud* es aquello que todos los animales luchan constantemente por maximizar.

Vengo sosteniendo desde hace tiempo que la única razón por la que un organismo se comporta de un modo casi intencional –como un organismo capaz de maximizar algo– es que está compuesto de genes que han sobrevivido a lo largo de generaciones. Resulta tentador personificar y atribuir intenciones; convertir *supervivencia de genes en el pasado* en algo así como «intención de reproducirse en el futuro» o «intención individual de tener muchos descendientes en el futuro». Esta personificación también afecta a los genes: caemos en la tentación de pensar que los genes obligan a los organismos individuales a actuar de tal manera que aumente el número de copias futuras de esos mismos genes.

Los científicos que se expresan en estos términos, ya sea a nivel de individuos o de genes, saben perfectamente que sólo se trata de una figura retórica. Un gen es una simple molécula de ADN. Hace falta estar loco de remate para creer que los genes *egoístas* tienen *realmente* la intención de sobrevivir. Traduciendo el concepto a lenguaje respetable, el mundo se llena de los genes que han sobrevivido en el pasado. Dado que el mundo posee cierta estabilidad y no cambia caprichosamente, los genes que han sobrevivido en el pasado tienden a ser los que mejor sobrevivirán en el futuro, es decir, los que lograrán programar cuerpos capaces de sobrevivir y engendrar hijos, nietos, bisnietos y descendientes lejanos. Hemos llegado así a nuestra definición de aptitud basada en el individuo y proyectada hacia el futuro, pero reconozcamos ahora que los individuos sólo son vehículos de supervivencia genética. Que los individuos tengan nietos y descendientes lejanos no es más que un medio para lograr un objetivo: la supervivencia de los genes. Y esto nos lleva de vuelta a la paradoja de los ocho de cada diez individuos que tienen tal aptitud que son los antepasados de toda la población.

Para resolverla, volvamos al fundamento teórico, es decir, a los genes, y neutralicemos una paradoja fabricando otra, como si dos errores sumasen una verdad. Pensemos en la siguiente afirmación: un organismo individual puede ser antepasado universal de toda la población en un futuro lejano sin que uno sólo de sus genes haya llegado hasta ese futuro. ¿Cómo es posible?

Cada vez que un individuo tiene un hijo, le transmite *exactamente* la mitad de sus genes. Cada vez que tiene un nieto, una cuarta parte de sus genes por término medio va a parar a ese niño. A diferencia de la contribución que reciben los descendientes de primera generación, que siempre es un porcentaje exacto, en el caso de los nietos la cifra es estadística: puede ser más de una cuarta parte, o puede ser menos. La mitad de nuestros genes procede de nuestro padre, la otra mitad de nuestra madre. Cuando traemos un hijo al mundo le transmitimos la mitad de nuestros genes; pero, ¿qué mitad le transmitimos? Por término medio, procederán en igual medida de aquéllos que en su día recibimos del abuelo del niño y de la abuela del niño. Pero también puede ocurrir que le transmitamos todos los genes que recibimos de nuestra madre y ninguno de los que recibimos de nuestro

padre. En ese caso, nuestro padre no le habrá transmitido ningún gen a su nieto. Se trata, desde luego, de una posibilidad sumamente improbable, pero a medida que se avanza hacia los descendientes más lejanos, se hace cada vez más posible que ciertos genes no se transmitan. Como promedio, podemos contar con que una octava parte de nuestros genes irá a parar a cada uno de nuestros bisnietos y una dieciseisava a cada tataranieta, aunque podrían ser más, o menos. Al final, en los descendientes lejanos, la probabilidad de que nuestra contribución génica sea literalmente nula se torna muy elevada.

En nuestra hipotética población tasmana, el Chang Dos tiene lugar hace 22 generaciones. Así pues, cuando decimos que ocho de cada diez miembros de la población terminarán siendo antepasados de todos los individuos vivos, nos estamos refiriendo a sus descendientes de vigésimo segunda generación. La fracción de genoma de un antepasado que, por término medio, podemos encontrar en un descendiente de vigésimo segunda generación es un cuarto de micra, es decir, una cuatromillonésima parte. Teniendo en cuenta que el genoma humano sólo tiene unas cuantas decenas de miles de genes, no parece un porcentaje muy alto que digamos. En la práctica, naturalmente, no sería así, ya que nuestra hipotética Tasmania sólo tiene 5.000 habitantes y en ella cualquier individuo puede descender de un antepasado concreto por múltiples vías. Pero podría darse perfectamente el caso de que un antepasado universal terminase por no transmitir ninguno de sus genes a la posteridad.

Quizá no soy imparcial, pero todo esto se me antoja un motivo más para volver a considerar al gen la piedra angular de la selección natural; un motivo más para pensar hacia atrás, en los genes que han sobrevivido hasta el presente, y no hacia delante, en los individuos (o, bien mirado, en los genes) que tratan de sobrevivir en el futuro. El pensamiento *intencional hacia el futuro* puede servir si se emplea con cautela y no se malinterpreta, pero en realidad no es necesario. Cuando uno se habitúa a usarlo, el lenguaje *genético-retrospectivo* es igual de expresivo, más cercano a la verdad y menos equívoco.

En «El Cuento del Tasmano» hemos hablado de los antepasados genealógicos, individuos históricos que son progenitores de los actuales en el sentido que los genealogistas han dado tradicionalmente al término, esto es, antepasados de carne y hueso. Pero lo que sirve

para las personas también sirve para los genes. Los genes también tienen padres, abuelos, nietos. También tienen linajes, árboles genealógicos y ACMR, «antepasados comunes más recientes». También tienen su propio Encuentro 0 y, en este caso, sí podemos afirmar con toda certeza que, para la mayoría de genes, tuvo lugar en África. La finalidad de «El Cuento de Eva» será explicar esta aparente contradicción.

Antes de entrar en materia, quiero aclarar un problema relacionado con el significado de la palabra *gen*, que podría prestarse a confusión. Según quien hable, *gen* puede significar muchas cosas, pero en este caso concreto, la confusión que nos amenaza es la siguiente: algunos biólogos, sobre todo los genetistas moleculares, designan con dicho término única y exclusivamente un emplazamiento en un cromosoma (el denominado *locus*) y recurren al término «alelo» para referirse a cada una de las dos versiones alternativas del gen que pueden encontrarse en ese *locus*. Por poner un ejemplo muy simple, el gen que determina el color de los ojos se presenta en diferentes versiones o alelos, inclusive en un alelo azul y otro castaño. Otros biólogos, sobre todo los de mi rama, a los que unas veces se llama *sociobiólogos*, otras *ecólogos conductuales* y otras incluso *etólogos*, suelen usar la palabra *gen* para referirse al alelo y *locus* para designar la posición que ocupa en el cromosoma cualquiera de los alelos disponibles. La gente como yo suele decir: «Imaginemos un gen para ojos azules y un gen rival para ojos castaños». No todos los genetistas moleculares aprueban esta forma de expresarse, pero es una costumbre muy arraigada entre los biólogos de mi especialización, que seguiré en determinadas ocasiones.

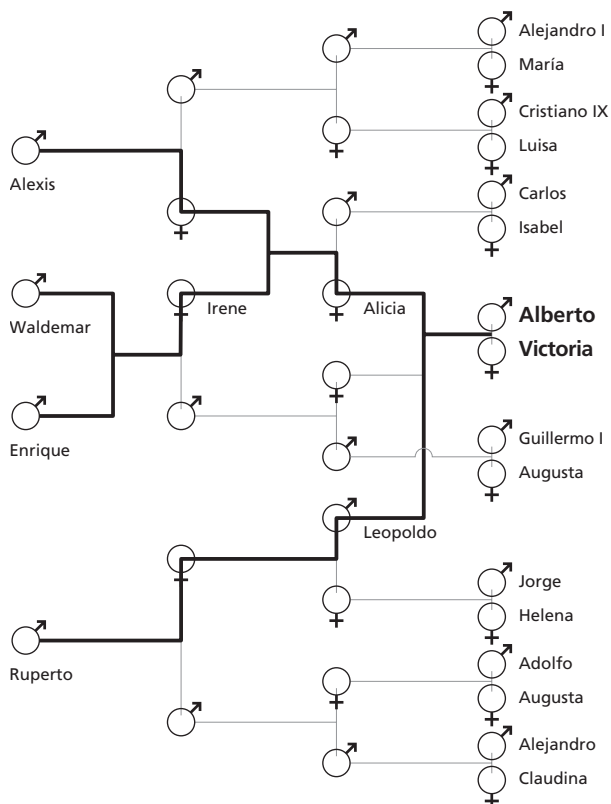
## EL CUENTO DE EVA

*Escrito en colaboración con Yan Wong*

Hay una significativa diferencia entre *árboles genealógicos de genes* y *árboles genealógicos de personas*. A diferencia de las personas, que tenemos dos padres, los genes sólo tienen uno. Cada uno de nuestros genes procede o bien de nuestro padre o de nuestra madre, de uno y solamente uno de nuestros cuatro abuelos, de uno y solamente de nues-

tros ocho bisabuelos, y así sucesivamente. En la genealogía humana convencional, sin embargo, todo individuo desciende por igual de dos padres, cuatro abuelos, ocho bisabuelos, etcétera. Esto significa que una «genealogía de personas» está mucho más mezclada que una «genealogía de genes». En cierto sentido, un gen recorre un único sendero dentro del laberinto de caminos que se entrecruzan en el árbol genealógico de una familia. Los apellidos se comportan como genes, no como personas. Escogen una ruta muy precisa que atraviesa todo el árbol y pone de manifiesto la ascendencia masculina. El ADN, salvo dos notables excepciones que abordaré más adelante, no es tan sexista como los apellidos: los genes reparten su ascendencia entre varones y hembras con la misma probabilidad.

Algunos de los linajes humanos mejor documentados son los de las familias reales europeas. En el árbol genealógico de la casa de Sajonia-Coburgo representado en la página siguiente figuran los príncipes Alexis, Waldemar, Enrique y Ruperto. El árbol genético de uno de sus genes es fácil de rastrear porque, para desgracia de los Sajonia-Coburgo y fortuna nuestra, el gen en cuestión era defectuoso y provocó que los cuatro príncipes y muchos otros miembros de su desventurada familia padeciesen hemofilia, una enfermedad de la sangre que se reconoce fácilmente y que impide una coagulación correcta. La hemofilia es hereditaria, pero se hereda de un modo peculiar ya que se porta en el cromosoma X. Los hombres sólo tienen un cromosoma X, heredado de sus madres; las mujeres tienen dos, uno que heredan del padre y otro de la madre. Las mujeres sólo padecen la enfermedad si heredan la versión defectuosa del gen tanto del padre como de la madre (dicho de otro modo, la hemofilia es *recesiva*). Los hombres la padecen si su único e indefenso cromosoma X porta el gen defectuoso. En consecuencia, hay poquísimas mujeres hemofílicas, pero muchas son portadoras de la dolencia, es decir, albergan una copia del gen defectuoso y tienen un 50% de probabilidades de transmitirlo a cada uno de sus hijos o hijas. Por eso, las portadoras sanas que se quedan embarazadas siempre esperan dar a luz una hija, aunque en este caso el riesgo de tener nietos hemofílicos también será considerable. Si un varón hemofílico vive lo suficiente como para procrear, no se lo transmitirá a un hijo (los varones nunca heredan el cromosoma X del padre) pero forzosamente se lo transmitirá a una hija



**Líneas de sangre de la desafortunada Casa de Sajonia-Coburgo**

(las mujeres siempre heredan el único cromosoma X del padre). Conociendo estas reglas y sabiendo qué miembros varones de la casa real eran hemofílicos, podemos seguir el rastro del gen defectuoso.

Parece ser que la mutante fue la mismísima reina Victoria. No fue su esposo Alberto toda vez que su hijo, el príncipe Leopoldo, era hemofílico, y los hijos no reciben el cromosoma X del padre. Ninguno de los parientes colaterales de Victoria padecía de hemofilia. Ella fue el primer miembro de la realeza en portar el gen de marras. El error de copiado debió ocurrir en un óvulo de su madre, Victoria de Sajonia-Coburgo, o bien, cosa más probable por los motivos que mi colega Steve Jones explica en su libro *The Language of the Genes*, «en los augustos testículos de su padre, Eduardo, duque de Kent».



Aunque ni el padre ni la madre de Victoria eran portadores de la hemofilia ni la padecían, uno de ellos tenía un gen (en rigor un alelo) que fue el *padre* premutado del gen responsable de la hemofilia monárquica. Aunque no podamos detectarla, sí podemos reflexionar sobre los orígenes del gen defectuoso de Victoria antes de que mutase y se convirtiese en el gen de la hemofilia. A los efectos de este análisis, de nada sirve saber, salvo por motivos diagnósticos, que la copia del gen de Victoria era defectuosa mientras que las de sus antecesores eran normales. Al elaborar el árbol genético, hacemos caso omiso de sus efectos en la medida en que no lo tornen visible. Los orígenes del gen son anteriores a Victoria, pero no es posible seguirle el rastro cuando aún no era un gen hemofílico. La moraleja es que todo gen tiene un solo «padre», por más que, a consecuencia de una mutación, no sea idéntico a éste. Análogamente, tiene un solo «abuelo», un solo «bisabuelo», etcétera. Puede parecer una forma de pensar un tanto extraña, pero hay que tener en cuenta que la nuestra es una peregrinación en busca de antepasados. Con esta reflexión pretendo ilustrar cómo sería dicha peregrinación desde el punto de vista de un gen en lugar de un individuo.

En «El Cuento del Tasmano» nos hemos tropezado con las siglas *ACMR* (antepasado común más reciente), una alternativa a contepasado. Prefiero reservar «contepasado» para designar al antepasado común más reciente dentro de una genealogía completa (tanto de personas como de cualquier otro organismo). Para hablar de genes usaré *ACMR*. Dos o más alelos de individuos diferentes (o incluso, como veremos, de un mismo individuo) comparten, desde luego, un *ACMR*, a saber: el gen ancestral del que cada uno de ellos es una copia (posiblemente mutada). El *ACMR* de los genes hemofílicos de los príncipes Waldemar y Enrique de Prusia se encontraba en uno de los dos cromosomas X de su madre, Irene von Hesse und bei Rhein. Cuando Irene no era más que un feto, dos copias del gen de la hemofilia del que era portadora se desgajaron y pasaron sucesivamente a dos de sus óvulos: los progenitores de sus desafortunados hijos. Estos genes a su vez compartían un *ACMR* con el gen de la hemofilia del zarevich Alexis de Rusia (1904-1918), es decir, un gen del que era portadora la abuela materna de los tres príncipes, la princesa Alicia de Hesse. Por último, el *ACMR* de los genes de la hemofilia de nuestros cuatro

príncipes es precisamente el que primero llamó nuestra atención: el gen mutante de la propia reina Victoria.

Los genetistas emplean un término para referirse a esta especie de rastreo regresivo de un gen: *coalescencia*. Si se mira hacia atrás, se dice que las respectivas descendencias de dos genes *coalescen* en el punto en que un padre (y de nuevo miramos hacia delante) transmite dos copias del gen en cuestión a dos hijos sucesivos. El punto de coalescencia es el ACMR. Cualquier árbol genético presenta muchos puntos de coalescencia. Los genes de la hemofilia de Waldemar y de Enrique coalescen en el ACMR portado por su madre, Irene. Esta línea a su vez coalesce con la que lleva al zarevich Alexis. Y como ya hemos visto, la gran coalescencia de todos los genes de la hemofilia real tiene lugar en la reina Victoria, cuyo genoma alberga el ACMR del gen de la hemofilia de toda la dinastía.

En nuestro ejemplo, la coalescencia de los genes de la hemofilia de los cuatro príncipes se produce precisamente en el individuo (Victoria) que también resulta ser su antepasado común más reciente en el plano *genealógico* («personal»), o sea, su contepasado. Pero es pura coincidencia. Si eligiésemos otro gen (el del color de ojos, por ejemplo), el camino que recorrería en el árbol familiar sería muy diferente y la coalescencia de los genes tendría lugar en un antepasado más lejano que Victoria. Si escogiésemos el gen de los ojos castaños del príncipe Ruperto y el de los ojos azules del príncipe Enrique, el punto de coalescencia sería como mínimo tan distante como la escisión del gen del color de ojos en las dos formas, castaña y azul, un acontecimiento que se pierde en la prehistoria. Todo fragmento de ADN posee una genealogía que se puede rastrear mediante un procedimiento análogo al que emplea un genealogista para seguir la pista de un apellido a través de los certificados de nacimiento, matrimonio y defunción.

Se puede hacer lo mismo en el caso de dos genes idénticos pertenecientes a una misma persona. El príncipe Carlos tiene los ojos azules y dado que el azul es recesivo, eso significa que tiene dos alelos de ojos azules. Esos dos alelos coalescen en algún momento del pasado, pero no podemos precisar cuándo ni dónde. Podría ser hace siglos o hace milenios, pero en el caso especial del príncipe Carlos, es posible que coalezcan en un individuo tan reciente como la reina Victoria. De hecho, da la casualidad de que el príncipe Carlos desciende de

Victoria por partida doble, a saber: por parte del rey Eduardo VII y por parte de la princesa Alicia de Hesse. Según esta hipótesis, un único gen de ojos azules de Victoria se copió dos veces en dos ocasiones diferentes y esas dos copias del mismo gen llegaron, respectivamente, a la reina actual (bisnieta de Eduardo VII) y a su esposo, el príncipe Felipe (bisnieto de la princesa Alicia). Así pues, dos copias de un mismo gen victoriano se habrían vuelto a encontrar, dentro de dos cromosomas diferentes, en la figura del príncipe Carlos. En realidad, es algo que casi seguro ha sucedido con algunos de sus genes, ya sean o no los de los ojos azules. E independientemente de si esos dos genes de ojos azules coalescen en la reina Victoria o en otro antepasado anterior, lo cierto es que en un punto concreto del pasado por fuerza tuvo que haber un ACMR de ambos genes. Tanto da que hablemos de dos genes en una sola persona (Carlos) o en dos personas distintas (Ruperto y Enrique), la lógica será la misma. Dos alelos cualesquiera, ya sea en dos personas distintas o en la misma, suscitan la siguiente pregunta: ¿en qué punto y en qué individuo del pasado coalescen? Por extensión, podemos preguntar lo mismo de tres o cualquier otro número de genes de una población situados en un mismo emplazamiento genético (*locus*).

Remontándonos mucho más en el tiempo, podemos formular la misma pregunta a propósito de genes en *loci* diferentes, pues mediante un proceso denominado *duplicación* pueden aparecer nuevos genes en *loci* diferentes. Volveremos a encontrarnos con este fenómeno en «El Cuento del Mono Aullador» y en «El Cuento de la Lamprea».

Los individuos estrechamente emparentados tienen en común un gran número de árboles genéticos. La mayoría de nuestros árboles genéticos los compartimos con nuestros parientes más cercanos. Pero algunos de estos árboles emiten un voto minoritario que nos aproxima a parientes por lo demás más lejanos. Bajo un cierto prisma, el parentesco estrecho entre personas es una especie de votación entre los genes. Algunos de nuestros genes votan, pongamos por caso, a la reina como pariente cercana; otros, en cambio, sostienen que estamos más emparentados con individuos en apariencia mucho más lejanos (incluso, como veremos, con otras especies). Cuando se le somete a interrogatorio, cada segmento de ADN da una versión diferente de la historia, porque cada uno ha seguido un camino diferente a lo largo de las generaciones. La única forma de obtener un testimonio com-

pleto es interrogando a un gran número de genes. Pero en principio debemos sospechar de los genes que se encuentren cerca unos de otros en un mismo cromosoma. Para entender el porqué, primero debemos conocer la *recombinación*, el fenómeno que se produce cada vez que se forma un óvulo o un espermatozoide.

La recombinación consiste en un intercambio aleatorio de secuencias homólogas de ADN entre cromosomas diferentes. En el ser humano se dan de media sólo uno o dos intercambios por cromosoma (durante la formación de espermatozoides, menos; durante la de óvulos, más: no se sabe por qué). Pero con el tiempo, al cabo de muchas generaciones, se habrán intercambiado muchas partes del cromosoma. Así pues, en términos generales, cuanto más cerca estén dos fragmentos de ADN en un cromosoma, menos posibilidades hay de que sean intercambiados y más de que se hereden juntos.

A la hora de recontar los votos de los genes, debemos pues tener presente que cuanto más cerca estén dos genes en un cromosoma, más probabilidades tienen de experimentar la misma historia. Esto hace que los genes más *allegados* se voten mutuamente. El caso extremo es el de los tramos de ADN que mantienen tal cohesión que viajan juntos a lo largo de la historia como una sola unidad. Estos fragmentos que se transmiten en bloque a sucesivas generaciones reciben el nombre de *haplotipos*, término al que volveremos más adelante. Entre todas estas formaciones que integran el parlamento genético hay dos que sobresalen por encima del resto, no porque su versión de la historia sea más válida, sino por lo mucho que se las ha utilizado para zanjar disputas biológicas. Las dos mantienen posturas sexistas, ya que una nos ha llegado a través de organismos exclusivamente femeninos, y la otra jamás ha salido de un organismo masculino. Son las dos excepciones principales a la imparcialidad de la herencia genética que he mencionado más arriba.

Como ocurre con el primer apellido, el cromosoma Y (su fragmento no recombinado) se transmite únicamente por vía masculina. Junto con otros pocos genes, el cromosoma Y contiene el material genético que activa el patrón de desarrollo masculino, en lugar del femenino, del desarrollo embrionario. El ADN mitocondrial, en cambio, se transmite exclusivamente por vía femenina (aunque en este caso no es el responsable de que el embrión se desarrolle como hembra: los machos

también tienen mitocondrias, sólo que no las transmiten). Como veremos en el Gran Encuentro Histórico, las mitocondrias son corpúsculos diminutos presentes en el interior de las células, vestigios de bacterias en su día libres que, hace probablemente unos 2.000 millones de años, se establecieron definitivamente en el interior de las células, donde han venido reproduciéndose asexualmente, por simple escisión, desde entonces. Han perdido muchas de sus cualidades bacterianas y la mayor parte de su ADN, pero conservan lo suficiente como para ser de utilidad a los genetistas. Las mitocondrias, de hecho, constituyen una línea independiente de reproducción genética dentro de nuestros cuerpos, sin conexión con la principal línea nuclear que solemos identificar con *nuestros* genes.

Debido a su tasa de mutación, los cromosomas Y son muy útiles a la hora de estudiar poblaciones recientes. En el curso de un ingenioso estudio se recogieron muestras de ADN de cromosomas Y a fin de comprobar de qué forma se hallaban distribuidos por la Gran Bretaña actual. Los resultados demostraron que los cromosomas Y anglosajones cruzaron la isla de este a oeste procedentes de Europa hasta detenerse bruscamente en la frontera con Gales. No es difícil imaginar las razones por las que este ADN portado exclusivamente por varones no es representativo del resto del genoma. Por poner un ejemplo más obvio, los barcos vikingos transportaban cargamentos de cromosomas Y (y de otros genes) que se esparcieron por poblaciones muy diseminadas. Hoy en día la distribución de genes de cromosomas Y de los vikingos demuestra que *viajaron* un poco más que otros genes vikingos, los cuales, estadísticamente hablando, preferían la huerta familiar a la mar funesta y gris.

¿Qué mujer es ésa que abandonas  
junto con el hogar y la hacienda  
para hacerte a la mar funesta y gris?

RUDYARD KIPLING

*Canción para arpa de las mujeres danesas*

El ADN mitocondrial también es útil para la investigación, sobre todo de modelos muy antiguos. Si comparásemos el ADN del lector con el mío, podríamos determinar cuánto hace que compartieron una mito-

condria ancestral. Y como todos recibimos nuestras mitocondrias de nuestras madres, y, por consiguiente, de nuestras abuelas, bisabuelas, tatarabuelas, etc. maternas, la comparación de nuestras mitocondrias nos diría cuándo vivió nuestro antepasado común más reciente por parte de madre. Se puede hacer lo mismo con los cromosomas Y para averiguar cuándo vivió nuestro antepasado común más reciente por parte de padre, pero, por razones técnicas, no es tan sencillo. Lo bueno de los cromosomas Y y del ADN mitocondrial es que ninguno de los dos está contaminado por la mezcla de sexos. Esto facilita la búsqueda de esos antepasados concretos.

El ACMR mitocondrial de toda la humanidad, que señala el antepasado común (no génico sino de carne y hueso) por la línea femenina, a veces recibe el nombre de *Eva Mitocondrial*, la protagonista de este cuento. Naturalmente, el equivalente en la línea masculina podría llamarse perfectamente *Adán Cromosoma Y*. Todos los varones tenemos el cromosoma Y de Adán (se ruega a los creacionistas no saquen esta frase de contexto). Si los apellidos siempre se hubiesen heredado según las reglas de la mayoría de los países occidentales, todos tendríamos también el apellido de Adán, en cuyo caso no tendría mucho sentido usar el apellido.

Eva siempre tienta al error y más vale estar prevenido. Los errores son bastante instructivos. En primer lugar, es importante entender que Adán y Eva sólo son dos de los muchos ACMRs que podríamos alcanzar si recorriésemos diferentes líneas genealógicas. Son los antepasados comunes especiales que alcanzamos si ascendemos por el árbol genealógico de madre en madre y de padre en padre, respectivamente. Pero existen muchas, muchísimas otras maneras de recorrer una genealogía: de madre en padre en padre en madre, de madre en madre en padre en padre, etcétera. Cada uno de estos recorridos posibles nos depararía un ACMR distinto.

En segundo lugar, Eva y Adán no fueron pareja. Sería una enorme coincidencia que hubiesen llegado siquiera a conocerse; es perfectamente posible que los separasen decenas de miles de años. Además, existen otros motivos para creer que Eva vivió antes que Adán. Los varones tienen una eficacia reproductora más variable que la de las hembras: mientras que algunas hembras pueden tener cinco veces más hijos que otras, los varones de mayor éxito reproductor pueden tener cientos de

veces más hijos que los de menor éxito. Un hombre con un gran harén lo tiene fácil para convertirse en antepasado universal. Las mujeres, que tienen menos probabilidades de tener una familia numerosa, requieren un número mayor de generaciones para llevar a cabo la misma proeza. De hecho, según los cálculos de reloj molecular más fiables, Eva vivió hace unos 140.000 años y Adán hace tan sólo 60.000.

En tercer lugar, Adán y Eva son títulos honoríficos de ACMR que mudan de depositario, no los nombres de dos individuos concretos. Si mañana muriese el último miembro de una tribu remota, en esta especie de carrera de relevos, el testigo de Adán, o el de Eva, podría avanzar de golpe varios milenios. Lo mismo cabe decir de todos los demás ACMR definidos por los diversos árboles genéticos. Para entender por qué, supongamos que Eva tuvo dos hijas, una de las cuales, andando el tiempo, dio origen a los aborígenes tasmanos y la otra, al resto de la humanidad. Supongamos también, pues es perfectamente verosímil, que el ACMR de la línea femenina que une al resto de la humanidad viviese 10.000 años después y que todos los otros linajes colaterales que descendían de Eva se hubiesen extinguido a excepción de los tasmanos. Al morir Truganinni, la última tasmana, el título de Eva habría avanzado instantáneamente 10.000 años.

En cuarto lugar, ni Adán ni Eva tenían nada que llamase particularmente la atención en su época. A diferencia de sus legendarios tocayos, Eva Mitocondrial y Adán Cromosoma Y no se encontraban precisamente solos. Los dos estaban muy acompañados, y bien pudieron tener un gran número de *partenaires* sexuales con los cuales engendrarían una descendencia que tal vez esté representada incluso hoy. Lo único que los distingue del resto es que, con el tiempo, ambos han terminado generando una enorme prole, Adán por la línea paterna y Eva por la materna. Pero entre sus contemporáneos también pudo haber otros individuos igual de prolíficos.

Mientras redactaba estas líneas, alguien me envió un vídeo de un documental de la BBC titulado *Motherland* (Patria), «una obra impactante y conmovedora», según proclamaba la carátula, «realmente hermosa y memorable». Los protagonistas son tres *negros*<sup>2</sup> cuyas familias

---

2. Para entender por qué pongo la palabra en cursiva, véase «El Cuento del Saltamontes».

habían emigrado a Gran Bretaña desde Jamaica. En un intento de averiguar en qué parte de África habían hecho esclavos a sus antepasados, los responsables del documental compararon el ADN de los tres individuos con una base de datos mundial y, una vez averiguada, orquestaron una serie de lacrimógenos «reencuentros» entre los protagonistas y sus familias africanas. Los genetistas utilizaron ADN Y-cromosómico y ADN mitocondrial ya que, por los motivos que hemos explicado, son más fáciles de rastrear que los genes en general. Por desgracia, sin embargo, los productores no explicaron a los tres protagonistas las limitaciones inherentes a este método de búsqueda; en vez de eso, lo que hicieron, sin duda por razones televisivas de peso, fue poco menos que engañar a estas tres personas, y a sus «parientes» africanos, para que se emocionasen con los «reencuentros» mucho más de lo que legítimamente les correspondía.

Me explico, cuando Mark, que posteriormente recibiría el nombre tribal de *Kaigama*, visitó la tribu Kanuri de Níger, creía estar regresando a la tierra de los suyos. Beaula, recibida como una hija pródiga por ocho mujeres bubis de una isla guineana cuyas mitocondrias coincidían con la suya, se expresaba en estos términos:

Fue como el reencuentro de una misma sangre... Éramos como de la familia... Se me saltaban las lágrimas y el corazón me palpitaba con fuerza. Lo único que pensaba era: «He vuelto a mi patria».

Chorradas sentimentaloides: nadie debería haberla hecho creer algo así. Con lo único que realmente se encontraron Beaula y Mark –y eso suponiendo que de verdad se obtuviesen pruebas genéticas– fue con individuos que tenían las mismas mitocondrias que ellos. En realidad, a Mark ya le habían informado de que su cromosoma Y procedía de Europa (lo cual le disgustó muchísimo, aunque luego, cuando se descubre que sus mitocondrias tienen unas respetables raíces africanas, se queda mucho más tranquilo). Beaula, naturalmente, carece de cromosoma Y, y nadie se molestó en analizar el de su padre, aunque habría sido interesante puesto que la chica es bastante clara de piel. Es más, nadie explicó ni a Beaula ni a Mark, ni tampoco a la audiencia del documental, que los genes situados fuera de sus mitocondrias procedían, casi con toda seguridad, de una enorme variedad de *patrias* muy dis-



tantes de las identificadas a los efectos del documental. Si se hubiese seguido el rastro de sus otros genes, los protagonistas podrían haber tenido *reencuentros* igual de emotivos en cientos de lugares diferentes: toda África, Europa y, muy probablemente, Asia. Claro que no se habría generado toda esa tensión dramática.

Como he señalado repetidas veces, referirse a un solo gen puede inducir a error, pero el testimonio combinado de muchos genes nos brinda una potente herramienta de análisis para indagar en la historia. Los árboles genéticos de una población y los puntos de coalescencia que los definen reflejan los acontecimientos del pasado. Gracias al reloj molecular, no sólo podemos identificar estos puntos de coalescencia, sino también calcular su antigüedad. Y ahí radica la clave, porque la pauta de ramificaciones a través del tiempo encierra una historia. El apareamiento aleatorio, que es el supuesto que adoptamos en «El Cuento del Tasmano», genera una pauta de coalescencia muy diferente de las que resultan de diversos tipos de apareamiento no aleatorio, cada uno de los cuales, a su vez, imprime un sello particular al árbol genético. Las oscilaciones demográficas también dejan su huella característica. Así pues, basándonos en las pautas actuales de distribución de genes, podemos deducir tamaños de poblaciones en el pasado y fechar migraciones. Por ejemplo, cuando una población es pequeña, las coalescencias serán más frecuentes. Una población en expansión viene representada por árboles de ramas alargadas, y en este caso los puntos de coalescencia se concentrarán cerca de la base del árbol, es decir, la época en que la población aún era reducida. Con ayuda del reloj molecular, puede aprovecharse este fenómeno para calcular cuándo se expandió la población y cuándo se contrajo en *cuellos de botella*. (Aunque por desgracia, al eliminar líneas genéticas, los cuellos de botella más acusados tienden a borrar las huellas de lo que ocurrió antes de que se produjeran.)

Los árboles genéticos coalescentes han ayudado a dirimir un largo debate sobre el origen del hombre. Según la *teoría de la salida de África*, también conocida como *Eva negra*, todos los seres humanos no africanos descienden de un solo éxodo que se produjo hace unos 100.000 años. En el polo opuesto se encuentran los defensores de la *teoría del origen separado*, también llamados *multirregionalistas*, que creen que las razas que aún viven en, pongamos, Asia, Australia y Europa

se dividieron en épocas remotas y descienden por separado de poblaciones regionales de *Homo erectus*, la especie precedente. Los nombres de las dos teorías son engañosos. El de «salida de África» porque en general todo el mundo coincide en que, si retrocedemos lo bastante en el tiempo, todos nuestros antepasados son africanos. El nombre de «origen separado» tampoco es idóneo porque, una vez más, si se retrocede lo bastante, la separación desaparece de cualquier teoría. La manzana de la discordia es la fecha en que salimos de África. Sería mejor referirse a las dos teorías como *salida antigua de África* (SAA) y *salida reciente de África* (SRA), unos nombres que tienen la ventaja añadida de que ponen de relieve la continuidad entre ambas.

Si todos los seres humanos actuales que no son africanos derivasen de una única migración que salió de ese continente en fechas recientes, la distribución génica actual debería mostrar un cuello de botella reciente y centrado en una pequeña población de África. El foco que polarizase más puntos de coalescencia indicaría la fecha del éxodo. En cambio, si descendiésemos por separado de distintas poblaciones regionales de *Homo erectus*, en cada región deberían apreciarse indicios de líneas genéticas separadas desde muy antiguo. En la época en que según los partidarios de la teoría SRA tuvo lugar el éxodo, hubiéramos visto, sin embargo, una escasez de puntos de coalescencia. ¿Qué teoría es la correcta?

Por querer responder a esta pregunta con una sola respuesta hemos caído en la misma trampa que el documental *Motherland*. Cada gen cuenta una historia diferente. Es perfectamente posible que algunos de nuestros genes hayan salido de África en épocas recientes y que otros, en cambio, nos los transmitiesen poblaciones distintas de *Homo erectus*. O dicho de otro modo, podemos ser al mismo tiempo descendientes de un éxodo africano reciente y de un *Homo erectus* regional toda vez que, en cualquier momento del pasado, el número de nuestros antepasados genealógicos es enorme. Unos podrían haber salido de África hace poco y otros haber vivido durante miles de años en Java, por poner un ejemplo. Y podríamos haber heredado genes africanos de unos y genes javaneses de otros. Un solo fragmento de ADN, como el procedente de una mitocondria o de un cromosoma Y, nos da la misma visión reducida del pasado que nos daría una sola frase extraída de un libro de historia. Bueno, pues así y todo, los partida-

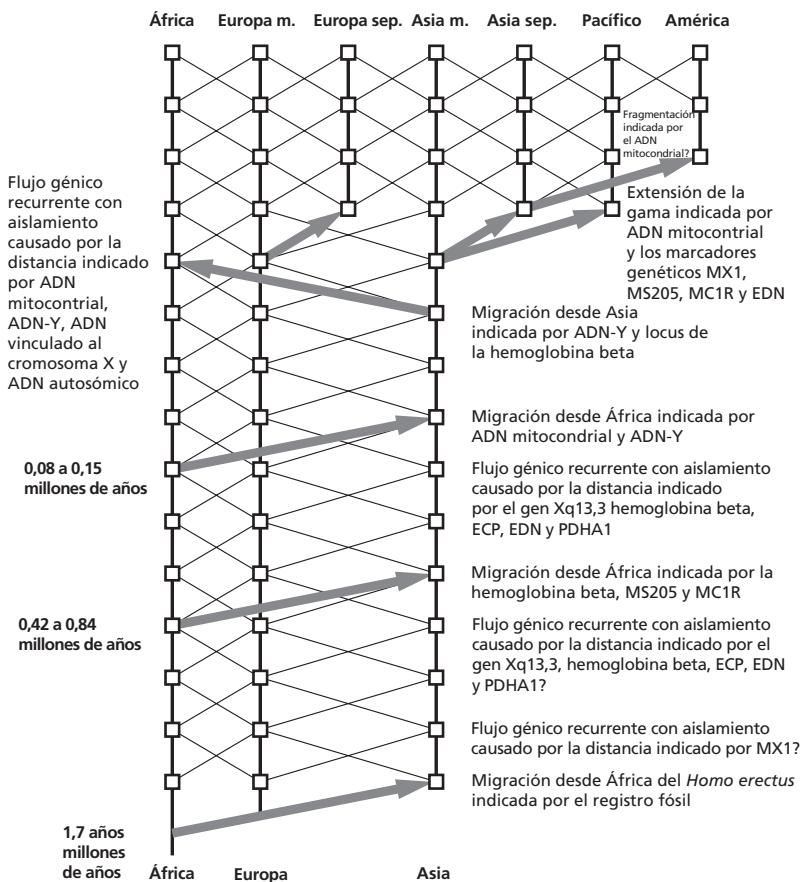
rios de la teoría SRA suelen basarse casi siempre en la ubicación de la Eva Mitocondrial. ¿Qué pasaría si interrogásemos a los demás miembros del parlamento genético?

Eso fue precisamente lo que hizo el biólogo evolutivo Alan Templeton, autor de la teoría conocida como *Salida repetida de África*. Templeton empleó una teoría de la coalescencia similar a la que hemos visto en nuestro análisis de la hemofilia, sólo que en lugar de aplicarla a un solo gen la aplicó a muchos genes diferentes. Eso le permitió reconstruir la historia y la distribución geográfica de esos genes por todo el mundo y en un marco temporal de cientos de miles de años. En este momento me inclino por esta teoría porque me parece que aprovecha toda la información disponible para generar el máximo de conclusiones, y porque, en todas las fases del proceso, se cuidó de ver pruebas donde no las había.

Lo que hizo fue repasar toda la literatura genética aplicando un criterio riguroso para separar el grano de la paja: sólo le interesaban estudios de genética humana a gran escala que empleasen muestras recogidas en diferentes partes del mundo, incluidas Europa, Asia y África. Los genes examinados pertenecían a haplotipos longevos. Como ya hemos visto, un *haplotipo* es un segmento de genoma que, o bien es difícil que se fragmente por recombinación sexual (como por ejemplo el ADN del cromosoma Y o el mitocondrial), o se puede reconocer intacto durante un número de generaciones la bastante elevado como para cubrir la escala temporal que interesa (como es el caso de ciertas partes más pequeñas del genoma). En resumidas cuentas, un haplotipo es un tramo longevo y reconocible de genoma; no es del todo equivocado considerarlo un «gen» de gran tamaño.

Templeton se concentró en 13 haplotipos. Calculó el árbol genealógico de cada uno y fechó los diversos puntos de coalescencia usando el reloj molecular calibrado con fósiles. Basándose en esas fechas y en la distribución geográfica de las muestras, fue capaz de hacer deducciones sobre la historia genética de nuestra especie durante los dos últimos millones de años. El biólogo sintetizó sus conclusiones en el práctico diagrama que reproducimos en la página siguiente.

La conclusión principal es que no hubo dos, sino tres grandes migraciones desde África. Además del éxodo SAA (*Homo erectus*) de hace unos 1,7 millones de años (que todo el mundo acepta y del que exis-



**Salida repetida de África.** Resumen de Templeton de las principales migraciones humanas, basado en el estudio de 13 haplotipos. Las líneas verticales representan descendencia genética; las horizontales, flujo genético. Las flechas muestran las principales migraciones humanas conocidas gracias a datos genéticos. Adaptado de Templeton [284] (los números entre corchetes remiten a las fuentes enumeradas en la bibliografía).

ten pruebas en su mayor parte de tipo fósil) y de la reciente migración que postula la teoría SRA, habría habido un tercer gran éxodo de África a Asia hace entre 840.000 y 420.000 años. Esta emigración intermedia, que podríamos llamar *salida intermedia de África (SIA)*, está avallada por *señales* existentes en tres de los 13 haplotipos. La emigración SRA se ve corroborada por pruebas mitocondriales y del cromosoma Y. Otras «señales» genéticas revelan una importante emigración de

regreso a África desde Asia hace unos 50.000 años. Poco después, el ADN mitocondrial y varios genes menores ponen de relieve otras migraciones: de Europa meridional a Europa septentrional, de Asia meridional a Asia septentrional, a través del Pacífico y a Australia. Por último, según indican el ADN mitocondrial y las pruebas arqueológicas, hace unos 14.000 años unas poblaciones humanas procedentes del noreste de Asia colonizaron Norteamérica a través de lo que entonces era el puente terrestre de Bering. Poco después tuvo lugar la colonización de Sudamérica a través del istmo de Panamá. Por cierto, la teoría de que Cristóbal Colón o Leif Ericsson descubrieron América es absolutamente racista. Pero igual de odioso resulta, a mi modo de ver, el respeto de los relativistas por esas historias orales de los indios norteamericanos que afirman, con crasa ignorancia, que sus antepasados jamás vivieron fuera de América.

Entre las tres grandes migraciones africanas que sostiene Templeton, otras señales genéticas revelan un ir y venir incesante de genes entre África, Europa meridional y Asia meridional. De las pruebas aducidas por el biólogo se deduce que las migraciones, tanto las de mayor como de menor calado, suelen dar pie a cruzamientos con las poblaciones indígenas y no, como bien podría haber ocurrido, a exterminaciones completas de uno u otro bando. Esto, sin lugar a dudas, ha influido considerablemente en la evolución de la especie humana.

Este cuento, y el estudio de Templeton, tienen por objeto los seres humanos y sus genes, pero, evidentemente, todas las especies tienen árboles genealógicos y heredan material genético, y todas aquellas que presentan diferencias sexuales tienen su Adán y su Eva. Los genes y los árboles genéticos son un rasgo omnipresente de la vida en la tierra. Las técnicas que aplicamos a la historia humana reciente también valen para los demás organismos. El ADN del guepardo revela que hace unos 12.000 años la población de esta especie atravesó por un cuello de botella, un dato importante para los conservacionistas. El ADN del maíz lleva impresa la huella inconfundible de su domesticación a manos de nativos mexicanos hace 9.000 años. Las pautas de coalescencia de las cepas de VIH pueden ayudar a los epidemiólogos y médicos a entender y controlar el virus. Los genes y sus árboles genealógicos revelan la historia de la flora y fauna europeas: las enormes migraciones provocadas por las glaciaciones, que obligaron a las

especies acostumbradas al clima templado a buscar refugio en el sur de Europa y, cuando terminaron, dejaron aisladas a las especies árticas en enclaves montañosos incomunicados. Estos y otros acontecimientos pueden deducirse de la distribución del ADN alrededor del mundo, un manual histórico de consulta que apenas estamos aprendiendo a leer.

Hemos visto que cada gen tiene una historia diferente que contar, y que juntando las distintas versiones es posible reconstruir en parte la historia antigua y moderna de la humanidad. ¿Cómo de antigua? Por increíble que parezca, nuestros genes ACMR pueden remontarse incluso a épocas en que todavía no éramos humanos, sobre todo cuando la selección natural propicia una gran diversidad poblacional. La cosa funciona de la siguiente manera.

Supongamos que existen dos grupos sanguíneos llamados A y B que proporcionan inmunidad contra diversas enfermedades. Cada grupo sanguíneo es propenso a la enfermedad a la cual el otro es inmune. Las enfermedades se expanden cuando el grupo al que pueden atacar es abundante, porque podrá declararse una epidemia. Así, pongamos por caso, si en una población son comunes las personas del grupo B, la enfermedad que los afecte asumirá las proporciones de una epidemia. Los individuos del grupo B irán muriendo hasta convertirse en minoritarios y los del grupo A se harán más numerosos; y viceversa. Siempre que haya dos grupos, de los cuales el más raro se vea favorecido por dicha característica, se darán las condiciones para que exista *polimorfismo*, esto es, la conservación de la diversidad por mero amor a la diversidad. El sistema de grupos sanguíneos A-B-0 es un famoso caso de polimorfismo que probablemente se haya conservado por esa razón.

Algunos polimorfismos pueden ser muy estables: tan estables que superan el cambio de una especie ancestral a su descendiente. Parece asombroso, pero el polimorfismo humano de los tres grupos sanguíneos se halla presente en los chimpancés. Podría ser que los humanos y los chimpancés hubiésemos inventado el polimorfismo por separado y por la misma razón. Pero parece más verosímil que ambas especies lo hayamos heredado de nuestro antepasado común y lo hayamos mantenido por separado durante los seis millones de años de evolución paralela, habida cuenta de que durante todo ese periodo las

enfermedades en cuestión han seguido campando a sus anchas. El fenómeno recibe el nombre de polimorfismo interespecífico y también se da entre especies vinculadas por un parentesco mucho más lejano que el que guardamos con los chimpancés.

Una conclusión pasmosa es que, en el caso de determinados genes, el lector está más emparentado con algunos chimpancés que con algunos humanos, y yo soy pariente más cercano de algunos chimpancés que del lector (o de *sus* chimpancés). Los humanos como especie, y también como individuos, somos recipientes temporales que contienen una mezcla de genes de diversa procedencia. Los individuos somos puntos de encuentro temporales en el entramado de caminos que los genes siguen a lo largo de la historia. Es una forma de expresar, con la terminología de los árboles genéticos, el mensaje central de mi primer libro, *El gen egoísta*, en el que escribí: «Una vez cumplida nuestra función, se nos elimina, mientras que los genes, en cambio, se encuadran en el tiempo geológico: los genes son eternos». En el banquete con que se cerraba una conferencia en Estados Unidos, recité el mismo mensaje en verso:

Un gen egoísta muy andarín  
dijo: «Tantísimos cuerpos ya ví.  
Se creen muy despiertos  
pero yo soy eterno.  
No son más que mis máquinas de sobrevivir».

Y para la inmediata respuesta del cuerpo al gen, parodié la mismísima *Canción para arpa de las mujeres danesas* que he citado más arriba:

¿Qué cuerpo es ese que tomas primero,  
Lo haces crecer y abandonas luego  
para huir con el viejo relojero ciego?

Hemos calculado que el Encuentro 0 probablemente tuvo lugar hace decenas o, como mucho, cientos de milenios. No hemos avanzado mucho en nuestra peregrinación hacia el pasado. La próxima cita, nuestra reunión con los peregrinos chimpancés en el Encuentro 1, está a millones de años de distancia y la mayoría de los encuentros

restantes, a cientos de millones. Si queremos completar nuestra peregrinación, más vale que apretemos el paso y nos sumerjamos en las profundidades del tiempo. Tendremos que acelerar y dejar atrás las otras 30 glaciaciones ocurridas en los últimos tres millones de años, así como acontecimientos tan drásticos como los que tuvieron lugar en el Mediterráneo hace entre 4,5 y 6 millones de años, cuando se secó y volvió a llenarse. Para hacer menos brusca esta aceleración inicial, me tomaré la libertad, por lo demás insólita, de hacer un alto en algunos hitos intermedios y dejar que los fósiles nos cuenten sus historias. Estos peregrinos fantasma en estado fósil que nos iremos encontrando, y los cuentos que nos relaten, nos ayudarán a responder las preguntas que nos hacemos sobre nuestros antepasados directos.