



Sboccia la genomica dell'età della pietra

Centocinquanta anni dopo il ritrovamento del primo esemplare di Neandertal nuove tecniche molecolari iniziano a svelare i segreti dei nostri cugini estinti

ELIZABETH PENNISI

QUANDO NEL 1856 ALCUNI OPERAI TEDESCHI, sbancando una cava di pietra calcarea, si trovarono davanti ai resti fossili di un neandertaliano, la possibilità di studiarne il DNA non era nelle previsioni di alcun ricercatore, per ottimista che fosse. A novembre dello scorso anno due lavori pubblicati su *Science* e *Nature* hanno invece annunciato di aver sequenziato con successo il DNA nucleare estratto da un osso, un obiettivo considerato irraggiungibile sino a poco tempo prima. I due gruppi sono arrivati a questo risultato utilizzando due diversi approcci, ma all'interno di un programma di collaborazione, e i dati pubblicati confermano l'ipotesi che i Neandertal sono un braccio separato nell'albero filogenetico degli ominidi che si è distaccato 450.000 anni fa, o forse più.

In considerazione del fatto che i Neandertal sono i nostri parenti più stretti, confrontare il loro DNA con il nostro potrebbe un giorno rivelare quelle mutazioni che hanno consentito a *Homo sapiens* di avere una storia a sé, così come darci preziose informazioni su alcuni momenti chiave nella nostra evoluzione. Ovviamente questi risultati sono un primissimo passo in questa direzione, ma aprono uno squarcio sulle enormi potenzialità della genomica neandertaliana. Una simile novità ha ovviamente rinfocolato il dibattito su quanto i neandertaliani fossero diversi dagli uomini anatomicamente moderni e se i due gruppi abbiano avuto modo di incrociarsi fra loro nelle migliaia di anni in cui sono coesistiti in Eurasia. «È una grande opportunità – dice il biologo evoluzionista Alan Cooper dell'Università di Adelaide in Australia – perché apre la strada a ulteriori ricerche per identificare l'unicità dei cambiamenti genetici della nostra specie». Arrivati sulla scia di eclatanti successi nell'analisi del DNA di mammoth e di orsi delle caverne, i due lavori in questione preannunciano una sorta di rinascita del settore disciplinare che in passato ha dovuto fare i conti con la bassa qualità dei campioni da esaminare e con l'annoso problema delle contaminazioni. I nuovi studi su Neandertal utilizzano

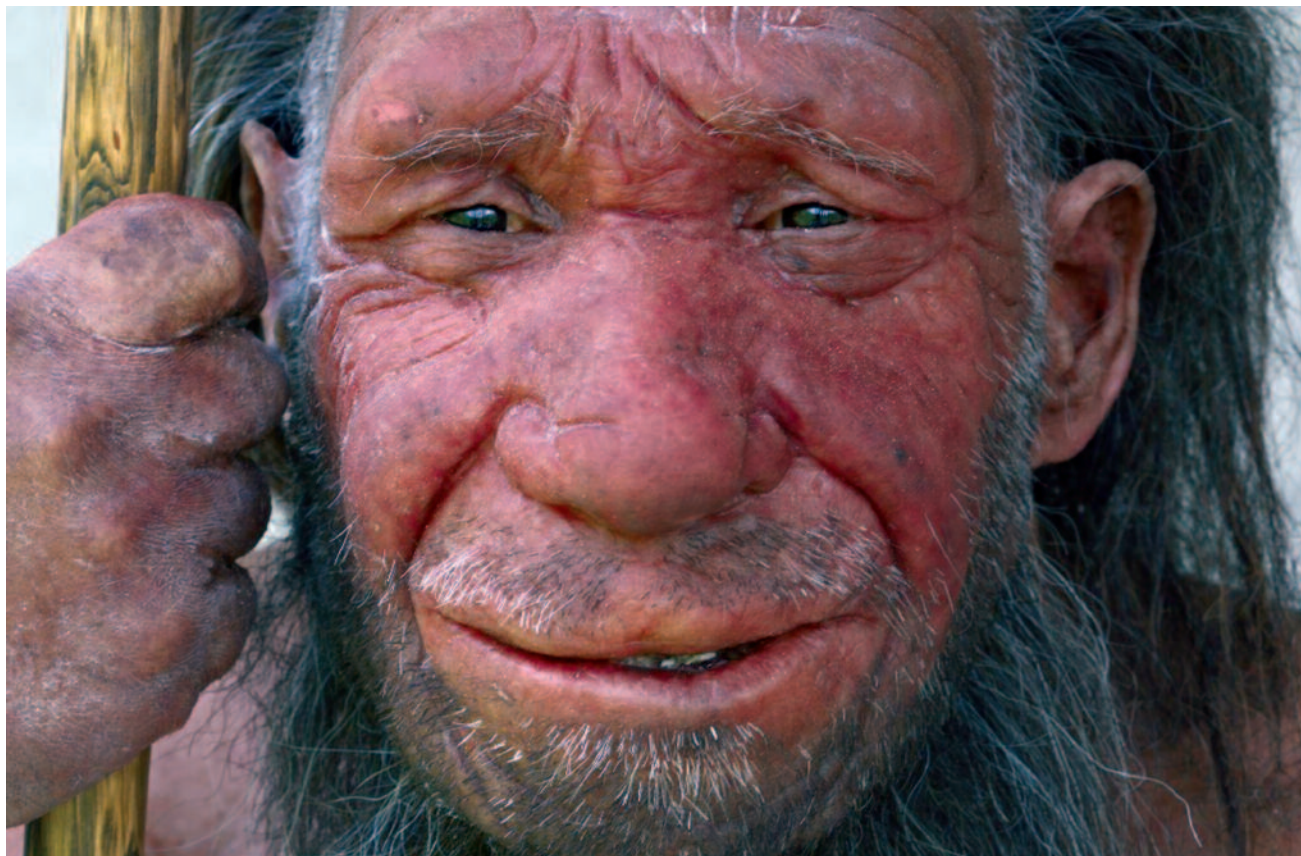
la metagenomica e non richiedono l'oneroso impegno di purificare il DNA antico. Inoltre utilizzano metodi di sequenziamento più rapidi ed economici, e i loro risultati dimostrano che decifrare materiale genetico antico è concretamente possibile. «Quello di cui si discute oggi sono nuove idee, nuove tecniche di estrazione, nuovi modi di preparare i campioni, in sintesi nuovi approcci al DNA antico» dice Beth Shapiro, una specialista dell'Università di Oxford in Gran Bretagna.

Entrambi i gruppi che hanno pubblicato questi risultati stanno lavorando a nuovi progetti: a luglio dello scorso anno Svante Pääbo, un paleogenetista del Max Planck Institut di Lipsia in Germania, ha annunciato che in due anni sarà in grado di produrre una sequenza grezza del genoma dei Neandertal. Con questi dati forse il suo e altri gruppi riusciranno a stabilire quali delle 35 milioni di basi che differenziano lo scimpanzé dall'uomo sono mutazioni che si sono presentate negli ultimi 500.000 anni e quindi possono essere un segno distintivo della nostra specie. «Forse saremo in grado di trovare quelle sottili differenze che ci hanno reso così speciali» dice Pääbo.

Un nuovo mondo

L'altro gruppo, che fa capo a Edward Rubin dell'Istituto di genomica di Walnut Creek in California, ha ottenuto finanziamenti dai National Institutes of Health (NIH) statunitensi per estrarre DNA da alcuni fossili neandertaliani e studiare le specifiche regioni che potrebbero dare una chiave per comprendere i processi dell'evoluzione umana. Almeno un altro gruppo, quello di Alan Cooper, ha un ennesimo progetto su Neandertal che prevede l'estrazione di materiale biologico da resti fossili. «Ci si è aperto un nuovo mondo rispetto a quanto si può fare con il DNA antico» dice Thomas Gilbert, un paleogenetista dell'Università di Copenaghen in Danimarca.

Ma nonostante le seducenti possibilità aperte dalle nuove tecniche, i ricercatori puntualizzano che il



CORTESIA GIORGIO MANZI

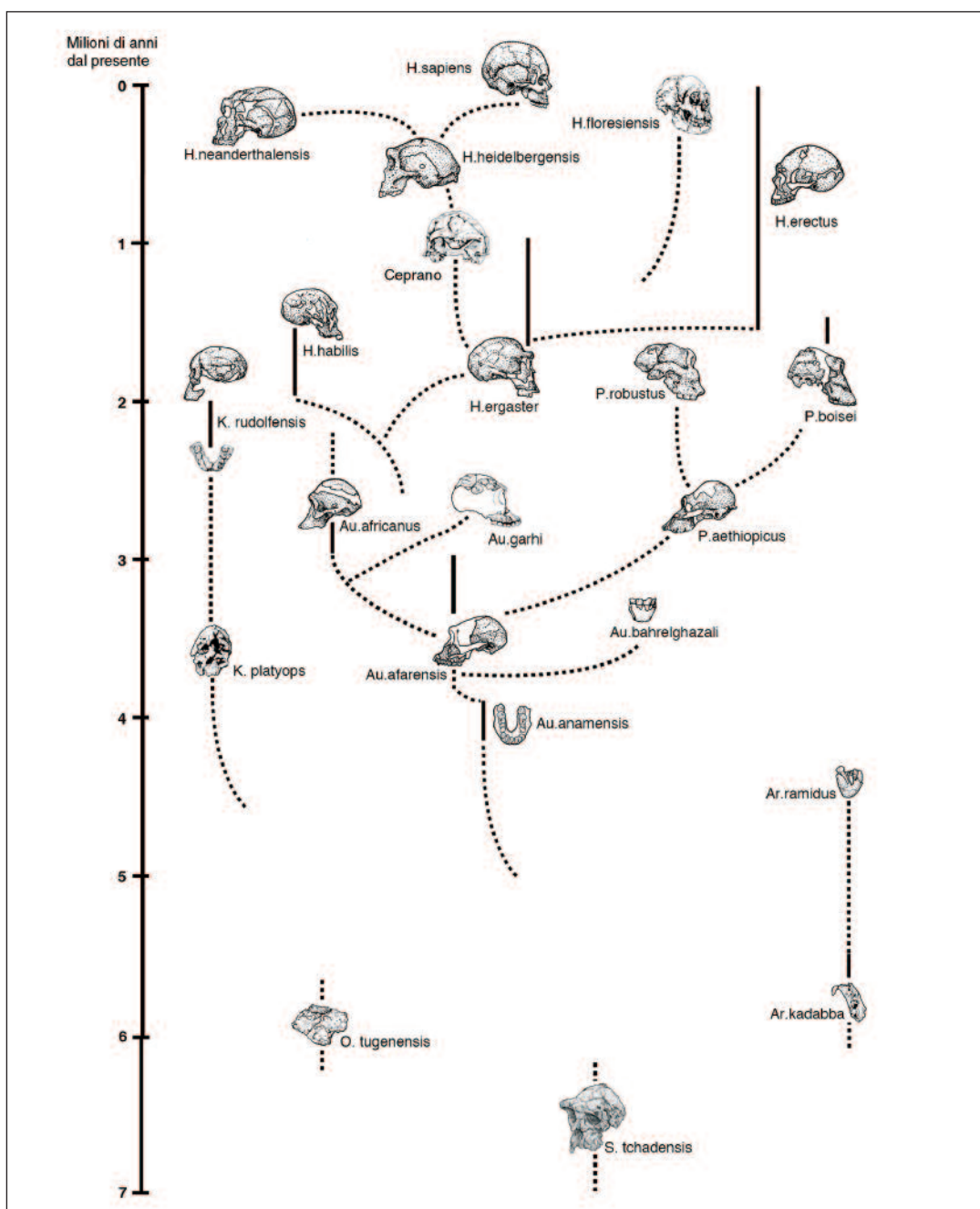
Dettaglio di una ricostruzione dell'uomo di Neandertal realizzata da Alfons & Adrie Kennis in occasione del 150° anniversario dalla scoperta ed esposta al pubblico per il convegno di Bonn del luglio scorso.

DNA antico è da sempre un soggetto piuttosto bizzoso: negli ultimi venti anni ci sono stati alcuni successi ma anche molte frustrazioni. Non solo è difficile estrarre campioni biologici da esaminare, ma una volta che si ha in mano del DNA antico bisogna ricorrere a una lunga serie di astuzie per scongiurare il pericolo di contaminazioni e per ridurre al minimo gli errori. Questi problemi non scompariranno anche facendo ricorso ai metodi utilizzati da Pääbo e da Rubin, dice lo specialista in genomica Stephan Schuster della Pennsylvania State University: «la divergenza tra la specie umana e Neandertal è talmente minima in confronto alla degradazione del DNA e agli errori di sequenziamento» che è difficile fidarsi di qualsiasi risultato. «Se abbiamo imparato qualcosa – ammette Cooper – è che non abbiamo pienamente capito la generalità dei problemi e la complessità del DNA antico. Siamo ancora agli inizi di una curva di apprendimento».

Il DNA antico ha fatto il suo debutto nel 1984, quando Allan Wilson dell'Università della California di Berkeley è stato in grado di estrarre 100 basi da un quagga, una specie estinta che appariva simile a un incrocio tra i cavalli e le zebre. Un anno dopo Pääbo è riuscito a estrarre materiale genetico da una mummia egiziana di 2.400 anni. Il mondo è stato scosso da questi successi «ma non sembrava ci fosse un grande futuro per questo approccio» ricorda Pääbo. Il DNA si degrada dopo la morte, quando viene attaccato dal-

l'acqua, dall'ossigeno e dai microbi, e i metodi di sequenziamento del periodo richiedevano più materiale biologico di quanto fosse disponibile nei fossili. La reazione a catena della polimerasi, o PCR, che utilizza un enzima che produce milioni di copie da un frammento di DNA, sembrava ciò che serviva a questa disciplina, dando la possibilità di amplificare e studiare brevi sequenze. Negli anni '90 la tecnica ha consentito di esaminare campioni di quagga, volpi della Tasmania, moa e altri animali estinti, ma sembrava assai difficile misurarsi con reperti più antichi perché la PCR amplifica anche i danni del tempo e le contaminazioni da DNA estraneo.

Poi alcuni spettacolari rovesci hanno messo in cattiva luce l'intero ambito disciplinare, quando si è scoperto che il DNA estratto da api intrappolate in gocce d'ambra 25 milioni di anni fa e quello ricavato da dinosauri ancora più antichi appartenevano in realtà a uomini dei nostri tempi. I resti umani antichi sono particolarmente problematici proprio per la presenza di materiale contaminato: qualsiasi ricercatore che abbia avuto fra le mani resti fossili lascia tracce del suo DNA e appariva impossibile distinguere sequenze antiche e moderne. Poi nel 1997 Svante Pääbo e il suo studente Matthias Krings, allora entrambi all'Università di Monaco, hanno restituito smalto a questo ambito disciplinare, decodificando 379 coppie di basi di DNA mitocondriale estratto da un fossile neandertaliano. La



Una ricostruzione filogenetica dell'evoluzione umana elaborata da Ian Tattersall, dell'American Museum of Natural History (modificata da Giorgio Manzi con il consenso dell'autore).

sequenza si è rivelata piuttosto diversa da quella degli uomini moderni, suggerendo che i Neandertal fossero una specie distinta che si è separata circa mezzo milione di anni fa da un comune progenitore, e che non si fossero incrociati con la nostra specie.

Questi dati, associati a studi anatomici sui fossili e altre indagini sul DNA mitocondriale, hanno rafforzato il modello più accreditato, secondo cui *H. sapiens*

si è originato in Africa e si è diffuso nel resto del mondo, soppiantando le altre specie di ominidi. Ma siccome gli uomini anatomicamente moderni e i neandertaliani hanno convissuto per diverse migliaia di anni in Europa e in Asia occidentale, alcuni ricercatori hanno continuato a sostenere che le due specie si fossero incrociate fra loro. Per dare forza alla loro tesi sostenevano che 379 coppie di basi erano troppo poche per

dare risultati inequivocabili e siccome il DNA del mitocondrio viene ereditato solo per via materna era necessario analizzare anche il DNA nucleare per escludere la possibilità dell'incrocio. Ma estrarre DNA nucleare da fossili antichi presentava difficoltà ancora maggiori. «Nel 1997 – dice Pääbo – era solo un sogno». Poiché la quantità di DNA nucleare in una cellula è solo lo 0,05% di quella del DNA mitocondriale, è ancora più difficile avere a disposizione abbastanza materiale genetico da sequenziare, a maggior ragione considerando che il DNA subisce le intemperie del tempo e che i curatori dei musei sono sempre riluttanti a fornire campioni dei fossili. Quello che il gruppo di Pääbo ha ideato per risolvere l'impasse è una gerarchia di test che in partenza richiedono minime quantità di materiale.

Due progetti paralleli

Come primo passo i ricercatori hanno testato un campione di soli 10 milligrammi per valutare la presenza di proteine intatte, che sono un indicatore delle condizioni di conservazione del DNA. Come secondo passo hanno analizzato 150 milligrammi per determinare il rapporto fra le sequenze neandertaliane e quelle umane moderne utilizzando il DNA del mitocondrio come guida. Due dei 70 campioni esaminati hanno superato brillantemente entrambi i test. Quindi Pääbo ha prelevato un frammento osseo maggiore da uno dei due fossili – un osso di 38.000 anni proveniente dalla Croazia – e da questo ha estratto il DNA, evitando così il rischio di effettuare interventi inutili. Nel frattempo Rubin aveva iniziato a riflettere sul fatto che l'approccio metagenomico – che per primo aveva sperimentato per studiare la diversità microbica – avrebbe potuto funzionare anche con il DNA fossile e ha suggerito a Pääbo questo approccio. Dopo che James Noonan, un postdoc di Rubin, è riuscito a sequenziare con successo 26.861 basi di un orso delle caverne, Pääbo gli ha dato un campione di DNA neandertaliano su cui lavorare.

È così che i due gruppi hanno iniziato a lavorare su due progetti paralleli ma indipendenti, usando procedure diverse. Dapprima Noonan ha creato una libreria di DNA neandertaliano facendolo incorporare in batteri vivi: tutte le volte che i batteri si replicavano producevano una copia di un particolare segmento di DNA. Questo gruppo ha poi utilizzato una nuova e potentissima tecnica chiamata pirosequenziamento, che utilizza brevi impulsi di luce per leggere migliaia di basi alla volta. Un sofisticato software, quindi, ha comparato questi segmenti con i database di DNA disponibili e ha identificato quelli potenzialmente neandertaliani sulla base del grado di somiglianza con le moderne sequenze umane. Il team ha utilizzato diversi test per escludere forme di contaminazione con il DNA moderno, per esempio controllando che le sequenze fossero correttamente affiancate e avessero un tasso di danneggiamento del DNA compatibile con

le loro dimensioni. Nel complesso il gruppo di Rubin è stato in grado di estrarre 65.000 basi di DNA neandertaliano. Anche Pääbo ha lavorato con il pirosequenziamento, ma utilizzando un diverso metodo per preparare il DNA. Schuster e Hendrik Poinar della McMaster University in Canada hanno utilizzato questa tecnica per leggere addirittura 13 milioni di basi in un mammoth di 27.000 anni. Questa tecnica non richiede l'amplificazione batterica, che per ragioni sconosciute qualche volta non riesce a incorporare alcuni brevi tratti di DNA e quindi rischia di non produrre la sequenza completa. Invece il team di Pääbo ha rivestito piccolissime sferette con un frammento di DNA neandertaliano per ciascuna, poi il DNA di ogni sferetta è stato amplificato in modo indipendente con la PCR e letto con il pirosequenziamento.

Ed Green e i suoi colleghi del gruppo di Lipsia hanno sequenziato 225.000 segmenti di DNA, per un totale di diversi milioni di basi, ma quando queste sequenze sono state confrontate con quelle dei database esistenti si è scoperto che «la stragrande maggioranza di questo DNA, pari al 94%, non aveva niente a che vedere con quello umano» e proveniva da altre fonti, per esempio da batteri del terreno. In ogni caso la tecnica ha consentito di identificare ben un milione di basi di DNA neandertaliano. Green ha tenuto conto della contaminazione confrontando i segmenti di DNA mitocondriale rivelati dal sequenziamento con il DNA mitocondriale già sequenziato a partire da esemplari di uomini moderni e neandertaliani. Ha trovato poche sequenze umane moderne e si dice fiducioso che il DNA neandertaliano sia genuino.

Entrambi i gruppi hanno messo a confronto le nuove sequenze con il genoma umano moderno e con quello dello scimpanzé e hanno contato le differenze tra ogni coppia di specie. I punti in cui i due genomi umani corrispondono tra loro, mentre si differenziano da quello dello scimpanzé, probabilmente indicano mutazioni che hanno causato cambiamenti esclusivi degli umani, come il nostro scheletro eretto, le maggiori dimensioni del cervello, la scarsità di peli e così via. Le differenze fra i due tipi umani, invece, segnalano i cambiamenti chiave per la loro rispettiva evoluzione. In definitiva questi cambiamenti potrebbe far comprendere ai ricercatori la base genetica della speciazione di *H. sapiens*.

In linea con le aspettative, i genomi neandertaliano e moderno si sono dimostrati identici al 99,5%. L'analisi di 65.000 basi effettuata dal gruppo di Rubin ha rivelato che i due gruppi umani condividono 502 mutazioni che non compaiono nello scimpanzé, mentre 27 basi variano tra uomini moderni e Neandertal, indicando i punti in cui l'evoluzione è avvenuta dopo che le due specie si sono separate. Assumendo che uomini e scimpanzé si siano separati 6,5 milioni di anni fa, Noonan e colleghi concludono che l'antenato comune più

recente delle due specie umane è vissuto tra 468.000 e un milione di anni fa, più probabilmente intorno a 700.000 anni fa.

Dall'analisi ben più ampia di Green e Pääbo emerge che 10.167 basi sono condivise solo da uomini moderni e neandertaliani mentre quelle distintive dei primi sono 434. Con un approccio leggermente diverso da quello di Rubin, il gruppo di Lipsia ha trovato un tempo di divergenza più recente, tra 465.000 e 569.000 anni fa. Questo corrisponde anche alle analisi mitocondriali, ma non chiude la partita. Non tutti, infatti, sono d'accordo sul fatto che la divergenza tra uomo e scimpanzé risalga a 6,5 milioni di anni fa e una data diversa sposterebbe anche la separazione tra uomini moderni e neandertaliani.

Per ciò che riguarda la questione degli incroci, il gruppo di Rubin non ha trovato riscontri. Non ci sono punti in corrispondenza dei quali i Neandertal possiedono un singolo polimorfismo nucleotidico raro (SNP) presente solo negli europei, come ci si aspetterebbe se i due gruppi umani si fossero incrociati. Tuttavia Rubin spiega che, considerata la dimensione dello studio, esiste ancora la possibilità che questo polimorfismo esista e non sia stato trovato. Perciò i suoi dati confutano la nozione che gli uomini di Neandertal abbiano contribuito in modo massiccio al genoma umano moderno, ma non possono escludere che si sia verificato un flusso genico modesto.

Invece il gruppo di Lipsia ha trovato qualche evidenza di accoppiamento tra i due gruppi umani, anche se sono dati tutt'altro che conclusivi. I ricercatori hanno utilizzato HapMap e un altro ampio catalogo della variazione umana moderna, sviluppato da una compagnia privata, per cercare dei potenziali siti SNP nell'uomo di Neandertal. Hanno trovato che in corrispondenza del 30% di questi siti i neandertaliani presentano le stesse basi delle popolazioni viventi, mentre lo scimpanzé ha una base diversa. Questa somiglianza è eccessiva, considerato il tempo che è trascorso da quando i due gruppi si sono separati. «All'apparenza i nostri dati possono essere spiegati con il flusso genico dagli uomini moderni verso i neandertaliani» dice Pääbo. Il paleogenetista pensa che potrebbe esserci stato un accoppiamento asimmetrico: gli uomini moderni di sesso maschile avrebbero invaso il pool genico dei Neandertal facendo dei figli con le femmine neandertaliane, ma non necessariamente viceversa. Per coloro che sostengono da tempo l'ipotesi dell'incrocio – e sono una minoranza – si tratta di una rivincita. «Queste sono alcune delle prove genetiche più solide che abbiamo mai visto a favore dell'accoppiamento con i Neandertal» dichiara Milford Wolpoff, un antropologo fisico dell'Università del Michigan ad Ann Arbor. Ma il paleoantropologo di Stanford Richard Klein non è d'accordo. «Non credo che questo lavoro dica granché sulla questione dell'incrocio» afferma.

Schuster è ancora più prudente: «Entrambi i lavori sovrainterpretano i dati».

Rubin spera che altri ricercatori analizzino questi dati che sono pubblicamente disponibili e aiutino a chiarire i risultati. Ma Montgomery Slatkin, un genetista teorico delle popolazioni di Berkeley, ritiene che anche disponendo di ulteriori studi e ulteriori sequenze «sarà molto difficile distinguere tra un basso livello di mescolamento e l'assenza di incroci».

Come una spugna

D'altra parte il timore che le sequenze non siano corrette alimenta il pessimismo. I ricercatori devono essere sicuri che ciò che attribuiscono a Neandertal non sia il DNA di qualche tecnico e la contaminazione è difficile da evitare. «Le ossa si comportano come una spugna; una goccia di sudore che cade sulla superficie penetra in profondità» spiega Schuster. Quando si lavora con DNA antico non-umano, è possibile individuare e scartare le sequenze umane moderne con facilità, ma questo non vale per il DNA neandertaliano che è quasi identico al nostro, nota il paleogenetista Carles Lalueza-Fox dell'Università di Barcellona. Lo studioso spagnolo non è convinto che i test per la contaminazione siano infallibili. «Potremmo non riuscire mai a determinare se la sequenza amplificata è reale oppure deriva da una delle molte potenziali fonti di contaminazione» concorda Shapiro. Ciononostante i ricercatori stanno facendo qualche progresso. Lalueza-Fox ha sequenziato il DNA mitocondriale di tutti coloro che hanno toccato un esemplare di Neandertal e lo ha confrontato con il DNA estratto dal fossile stesso. Ha scoperto che la maggior parte della contaminazione veniva dal campo, non dal laboratorio, perciò ha proposto di trattare i siti di scavo come le scene di un crimine. Gli archeologi del suo gruppo ora indossano delle mascherine sul viso, tute da lavoro e guanti sterili; usano attrezzi sterili e congelano rapidamente le ossa destinate al campionamento del DNA. Questi accorgimenti hanno ridotto la contaminazione umana dal 95% al 5%, dice Lalueza-Fox.

Seppure la contaminazione possa essere limitata, gli studi di DNA antico devono combattere comunque con gli errori. Il sequenziamento stesso introduce degli errori e qui vengono in aiuto le librerie batteriche di Rubin. Con una fonte di DNA in continua replicazione, il suo gruppo può sequenziare lo stesso frammento più volte e quindi leggere bene le basi sbagliate, mentre con il metodo di Pääbo il campione si consuma. Gli errori che nascono per l'assalto del tempo sono più problematici. «Una parte rilevante, e forse la maggioranza delle differenze osservate tra il genoma di Neandertal e la sequenza di riferimento umana è causata dai danni chimici subiti in tempi antichi dal campione neandertaliano» dice Webb Miller, che si occupa di computer science alla Pennsylvania State University. Un modo per scoprire questi errori consi-

ste nel sequenziare e confrontare diversi esemplari, perché ogni fossile dovrebbe mostrare danni diversi dagli altri, ragiona Miller. Anche in questo caso i metodi di Rubin possono essere utili. Egli immagina di servirsi di svariate librerie, ognuna per un diverso Neandertal. I ricercatori in questo modo potrebbero estrarre lo stesso frammento da ogni libreria per confrontarli tra loro e con quelli degli uomini viventi. Un progetto pilota ha già utilizzato delle sonde per individuare delle sequenze bersaglio specifiche, sollevando il gruppo dal compito di analizzare i miliardi di basi condivisi da neandertaliani e uomini viventi, o tra diversi Neandertal. «Saremo in grado di identificare e confermare i cambiamenti di sequenza in più di un fossile senza dover sequenziare completamente i rispettivi genomi» dice Rubin. «Se vedremo lo stesso cambiamento in alcuni Neandertal potremo essere fiduciosi che la sequenza è giusta».

Ma questi discorsi sui sequenziamenti multipli

mettono in ansia alcuni conservatori di fossili. «Se tutti quelli che vogliono un frammento di Neandertal lo ottenessero, l'intero repertorio fossile neandertaliano sarebbe a rischio», avverte il paleoantropologo di Berkeley Tim White.

A questo punto, tuttavia, persino i paleontologi sembrano ansiosi di vedere ciò che gli studi di genetica possono rivelare. Laluela-Fox sta per affidare a Pääbo una delle sue ossa portate alla luce in «ambiente sterile» per vedere se il suo DNA è in condizioni adatte per il sequenziamento ed è eccitato dagli sviluppi della ricerca. «Per il centocinquantenario anniversario di Neandertal ci stiamo muovendo dalla paleogenetica alla paleogenomica» spiega Laluela-Fox. E aggiunge: «È incredibile, se si considera che fino a pochi anni fa un traguardo del genere appariva del tutto fuori portata».

Elizabeth Pennisi è news writer di Science

©Science, Vol. 314, 1068-1071

FLIRT TRA SPECIE

L'eredità di Neandertal

La domanda classica sui rapporti tra uomini moderni e neandertaliani è: si sono accoppiati fra loro? La mancanza di una firma neandertaliana evidente nel genoma umano moderno significa che questi flirt interspecifici sono stati probabilmente rari, ma il DNA nucleare neandertaliano sequenziato sinora lascia aperta la possibilità che l'incrocio sia avvenuto. Se è così potrebbero esserci dei geni neandertaliani nelle popolazioni umane viventi, soprattutto se le varianti neandertaliane sono state favorite dalla selezione naturale. Ora un piccolo numero di altri studi sta individuando dei geni che potrebbero avere queste caratteristiche. «C'è una lista relativamente lunga di candidati» per queste varianti genetiche adattative, afferma l'antropologo John Hawks dell'Università del Wisconsin a Madison. Non tutti i ricercatori, però, sono d'accordo. Il genetista delle popolazioni Laurent Excoffier dell'Università di Berna in Svizzera ribatte che è «altamente improbabile» che ci sia stata una frequenza di accoppiamenti tra uomini moderni e neandertaliani sufficiente a lasciare tracce significative nel genoma moderno. La candidatura più recente è stata avanzata sui *Proceedings of the National Academy of Sciences* da un gruppo guidato dal genetista Bruce Lahn dell'Università di Chicago nell'Illinois. Il team di Lahn in precedenza aveva affermato che una variante di un gene legato al cervello, detto *microcephalin*, fosse apparsa per la prima volta negli uomini moderni circa 37.000 anni fa, per poi diffondersi rapidamente in tutto il mondo essendo favorita dalla selezione. Nel nuovo lavoro, però, Lahn ha stimato che questa variante sarebbe apparsa negli ominidi oltre un milione di anni fa, ben prima di comparire nella nostra specie. Il ricercatore indica una possibile spiegazione di questi dati nell'incrocio, probabilmente con

i neandertaliani. «Sembra la prova più convincente mai trovata finora di un contributo genetico neandertaliano verso gli uomini moderni» dice Svante Pääbo dell'Istituto di antropologia evolutiva del Max Planck Institut di Lipsia.

La lista dei candidati include un gene che si ritiene abbia conferito un vantaggio riproduttivo agli islandesi, una variante di un gene chiamato *Mapt* implicato in malattie neurologiche. Come con *microcephalin*, la variante *Mapt* è apparsa negli uomini moderni circa 30.000 anni fa, ma all'apparenza era presente negli ominidi assai prima e quindi potrebbe essere stato introdotto da Neandertal, secondo un recente lavoro firmato da John Hardy dell'Istituto nazionale sull'invecchiamento di Bethesda nel Maryland.

Esistono inoltre alcune varianti genetiche le cui radici risalgono fino a 2 milioni di anni fa ma la cui comparsa negli uomini moderni è più recente, afferma il genetista Michael Hammer dell'Università dell'Arizona a Tucson. Questo fenomeno, a suo avviso, può trovare una spiegazione negli accoppiamenti occasionali tra diversi gruppi di ominidi in Africa così come tra emigranti africani e ominidi europei, compreso forse *Homo erectus*. Persino Chris Stringer del Museo nazionale di storia naturale di Londra, che ha sempre sostenuto che gli uomini moderni provenienti dall'Africa hanno sostituito i neandertaliani con pochi e forse nessun incrocio, ora dice che qualche accoppiamento interspecifico è possibile. Perché dei geni neandertaliani o di altri antichi ominidi possano essere stati vantaggiosi per gli uomini moderni resta un mistero. Ma se i genetisti hanno ragione, potrebbe significare che, prima di estinguersi circa 30.000 anni fa, gli uomini di Neandertal hanno lasciato all'umanità dei doni di lunga durata.

(Michael Balter)