HISTORIA DAS LIÑAXES FEMININAS NO NOROESTE PENINSULAR. UNHA PERSPECTIVA XENÉTICA

Antonio Salas, Beatriz Quintáns, Vanesa Álvarez-Iglesias
Unidade de Xenética. Instituto de Medicina Legal (USC)

1 POBOACIÓN, HISTORIA E XENÉTICA

A xenética de poboacións é unha disciplina con aproximadamente un século de historia e dedícase fundamentalmente ao estudo da variación hereditaria e á súa modulación no tempo e no espazo. O concepto de poboación, razón de ser desta disciplina, é un deses para os que non existe unha definición a gusto de todos. Entre os xenéticos pódese definir como un "grupo de individuos con reprodución sexual real ou potencial entre eles". Esta definición non é especialmente práctica no contexto que nos ocupa, polo que é máis construtivo comezar falando de qué non entendemos por poboación. Un bo punto de partida é asumir que unha poboación non é o produto dunha historia única, senón o froito dunha historia de anos de hibridación cultural e/ou xenética con outras moitas poboacións coas que estivo en contacto desde o momento da súa orixe. Polo tanto, a xenética non escapa a esta definición: o perfil xenético dunha poboación debe considerarse como consecuencia do seu substrato xenético inicial e da contribución xenética (maior ou menor, dependendo do caso) doutras moitas poboacións que estiveron interaccionando con ela ao longo de séculos de evolución.

É necesario facer unha segunda aclaración. A información xenética pouco (ou nada) pode contarnos sobre a herdanza cultural dunha poboación xa que os saberes e aprendizaxes non quedan rexistrados no código xenético (e polo tanto non se herdan), pero, evidentemente, é de indubidable valor en canto a rexistro biolóxico. Non obstante, en ocasións existe algún grao de correlación, e é esta correlación a que a través do estudo dos xenes nos informa da

historia xenética dunha poboación. Tampouco podemos esperar, da xenética, datacións temporais de eventos históricos concretos que non escapen a unhas marxes de erro o suficientemente amplas.

Asumindo tamén que a historia dunha poboación non é a historia dos seus xenes, debemos ver a xenética como unha desas moitas disciplinas que, interaccionando coas demais (antropoloxía cultural, lingüística, historia, arqueoloxía, etc.), pódenos axudar a comprender algúns aspectos da historia.

Sería absurdo desprezar a posibilidade de estudar e pescudar de onde proceden os nosos xenes, xa que eles son parte da nosa historia.

2 O ADN, A MOLÉCULA DA HERDANZA

O ADN é o material xenético que se transmite dunha xeración a outra (material hereditario). É unha molécula (máis ben un conxunto de moléculas) relativamente sinxela composta por catro compoñentes denominados A (adenina), C (citosina), G (guanina) e T (timina). Estes catro compoñentes pódense entender como "as letras do abecedario" que se combinan en palabras para escribir o que se coñece como código xenético. Neste código xenético (enténdase entón como unha sucesión de letras "...ATTGCAT...", iso si, tremendamente longa) "escribese" non só a información biolóxica que caracteriza a un ser vivo senón tamén parte do seu pasado.

A "historia" xenética queda rexistrada neste código desde o primeiro momento, de maneira que podemos recoller esa información desde os albores da humanidade deica a historia recente.

O primeiro é explicar moi brevemente a forma en que se escribe esta historia xenética. Existe un mecanismo que se coñece como *mutación*, que consiste nun proceso mediante o cal unha parte da información xenética, digamos, por exemplo, unha letra dese código muda por outra letra (enténdase isto como erros que —de vez en cando— se producen no proceso de transmisión da información xenética dunha xeración a outra. Así, unha mensaxe (1)-"...ATTGCAT...", podería mudar a (2)-"...ATAGCAT...". Outro proceso mutacional distinto podería mudar a mensaxe ini-

cial ou ancestral (1)-"...ATTGCAT..." por (3)-"...AATGCAT...". Co tempo a mensaxe (3)-"AATGCAT" podería evolucionar a (4)-"...AATGCAG ..."; e así podería seguir indefinidamente. O primeiro exemplo (1) sería o que comunmente denominamos "o fundador dunha liñaxe mitocondrial", mentres que o resto [(2)-(3)-(4)] serían as súas "liñaxes derivadas". Imaxinemos que observamos estas liñaxes na poboación; realmente non sería demasiado difícil reconstruílas á inversa de como as describimos. Na práctica isto é un pouco máis complexo, pero esa é a idea fundamental.

O máis importante é que estes cambios (mutacións) son dependentes do tempo (canto máis tempo, máis cambios) e tamén que se transmiten de xeración en xeración. Este proceso equivale ao latexo do corazón ou, mellor, tal e como se coñece no mundo da bioloxía, ao *tic-tac* dun reloxo, o "reloxo molecular". A reconstrución histórica destes cambios moleculares nos individuos dunha poboación permítenos establecer similitudes entre as poboacións, datacións máis ou menos imprecisas, procesos migracionais, etc. Polo tanto, é importante saber que a xenética pode ser unha ferramenta para datar, igual que os arqueólogos utilizan os seus métodos estratigráficos, ou o coñecido método do radiocarbono. Dito doutro modo, en xenética, en lugar de medir a velocidade de desintegración do elemento radioactivo C^{14} , mídese a velocidade a que se acumulan as diferenzas xenéticas (mutacións) na poboación.

É necesario aclarar que, malia que as mutacións son a fonte de variación, o proceso da mutación non conduce por si mesmo á evolución da poboación. As taxas de mutación son tan baixas que esta, por si soa, non explica a evolución tan rápida das poboacións e das especies. Existen outras forzas –evolutivas– que actuando conxuntamente modulan a composición xenética das poboacións, para provocar tanto a variación dunha poboación local como as diferenzas entre poboacións. Explicar estas forzas evolutivas está fóra do alcance deste documento; non obstante, farase algunha aclaración onde proceda para facilitar o seguimento adecuado do texto.

Por suposto, a disciplina que estuda a variación molecular entre as poboacións non está exenta de problemática, polo que é necesario aclarar que, igual ca calquera outra materia, a xenética

das poboacións humanas (algúns prefiren chamala "antropoloxía molecular") presenta un grao de complexidade que orixina fortes debates científicos.

Sen entrar en máis detalles, asumamos entón que é relativamente sinxelo analizar no laboratorio os individuos dunha poboación e obter a súa información xenética (digamos frases soltas deste gran código xenético). O estudo desa información xenética e o estudo poboacional comparativo será o que nos permitirá obter determinadas inferencias históricas.

3 HERDANZA XENÉTICA

Definamos marcador xenético polimórfico dunha forma un tanto laxa e informal: "lugar concreto no xenoma que posúe certo grao de variabilidade entre os individuos dunha poboación" e que, polo tanto, nos permite estudos comparativos interpoboacionais. Seguindo a analoxía que establecíamos no apartado anterior, un marcador xenético equivale a unha determinada mensaxe xenética ou "frase" dese código xenético. Así mesmo, dunha forma intuitiva, enténdese que canto máis diferentes son as poboacións (ou máis arredados están no tempo) maior serán as diferenzas entre os individuos das poboacións para ese marcador xenético concreto.

Se temos en conta os criterios de herdanza, o xenoma humano poderíase dividir en tres grandes grupos: a) marcadores xenéticos que se herdan dos dous pais, b) marcadores xenéticos que se herdan de pai a fillo (home) e c) marcadores xenéticos que se herdan de nai a fillos (xa sexa este home ou muller).

Os primeiros, coñecidos como marcadores autosómicos, foron os que se descubriron inicialmente e viñéronse utilizando ao longo de toda a historia da xenética con fins antropolóxicos. Non obstante presentan serios problemas (e/ou limitacións) para elucidar a historia das poboacións, problemas que escapan ao contido deste capítulo.

Os marcadores xenéticos que se herdan de pai a fillo varón encontráanse embebidos no que se coñece como cromosoma Y (este cromosoma é o único que diferencia xeneticamente un home

dunha muller). Estes marcadores amosan vantaxes evidentes con relación aos chamados autosómicos, xa que a historia do cromosoma Y é a historia xenética das liñaxes masculinas dunha poboación.

Existe un terceiro tipo de marcadores localizados no que se coñece como ADN mitocondrial (ADNmt), que se caracteriza entre outras cousas polo seu modo particular de herdanza: o ADNmt transmítese de nai a fillos, pero soamente as fillas transmiten ese xenoma á súa proxección (Figura 1). De forma análoga ao cromosoma Y, a historia do ADNmt é a historia xenética das liñaxes femininas dunha poboación.

Figura 1

Herdanza materna do ADNmt. Todos os individuos emparentados por vía materna comparten o mesmo ADNmt (cor negra). Tan só as mulleres (círculos) transmitirán este ADNmt.

4 UN POUCO DE BIOLOXÍA DO ADNmt

O ADN mitocondrial é un "anaco" do xenoma que se atopa dentro duns orgánulos celulares coñecidos como mitocondrias (debemos lembrar que os individuos están formados por células tales como: neuronas do cerebro, osteócitos do óso, epiteliares da pel, etc.; todas elas conteñen a mesma información xenética).

Simplemente polo feito de estar situado nun lugar diferente ao resto do xenoma (que se encontra no núcleo da célula), o ADNmt compórtase de maneira diferente (Figura 2). Unha das súas características principais é o seu modo de herdanza matrilineal. Todos os parentes por vía materna comparten o mesmo ADNmt, coa única excepción dos cambios que por mutación (ver

Figura 2

Case todo o xenoma humano se organiza nunha serie de corpusculos denominados cromosomas, que están situados dentro do núcleo da célula. Non obstante, o ADNmt sitúase dentro duns orgánulos, denominados mitocondrias, fóra do núcleo, e é isto –en parte– o que lle confire características propias.

apartado 2) se poden producir a un ritmo máis ou menos constante de xeración en xeración (é o que denominamos ADNmt como reloxo molecular).

Se sabemos que se produce un cambio cada “x” xeracións, é doado calcular cantas xeracións tiveron que transcorrer para acumular estes cambios no ADNmt, dunha poboación determinada; esta é unha maneira de inferir a idade das liñaxes mitocondriais na poboación. É importante resaltar que esta idade non ten por que ser a idade da poboación, pero xunto co estudo doutros marcadores xenéticos (cromosoma Y, etc.) pódese chegar a obter estimacións adecuadas. O uso de métodos máis complexos coñecidos como filoxeográficos e análise de secuencias fundadoras permitiría afinar máis nas estimacións.

É necesario engadir que, tal e como se explicou anteriormente, a poboación pode estar composta por distintas liñaxes mitocondriais procedentes das distintas poboacións que contribuíron xeneticamente a esa poboación ao longo da súa historia; polo tanto, sería máis correcto falar de idades de liñaxes concretas e non de idade dunha única poboación.

5 GALICIA E A HISTORIA XENÉTICA DAS LIÑAXES FEMININAS

A análise da variación do ADNmt converteuse nestes últimos anos nunha ferramenta de grande utilidade para o estudo das poboacións humanas. Ata o momento fixéronse poucos estudos

xenéticos na Península Ibérica e, así, hai zonas da Península completamente sen caracterizar xeneticamente. A poboación vasca é a que máis atención –nacional e internacional– recibiu debido ás súas particularidades lingüísticas. Tamén a poboación galega foi analizada recentemente, pero nun contexto europeo e sen prestar atención a procesos de microestruturación poboacional. O resto da Península apenas foi estudado con profundidade, polo menos desde o punto de vista das súas liñaxes maternas.

Polo tanto, malia que ata o momento non se fixeron estudos exhaustivos da poboación galega, si estamos en condicións de destacar algunhas das súas características.

Diversidade no ADNmt na poboación galega

Os valores de diversidade xenética mitocondrial na poboación galega son moi baixos en relación ao resto das poboacións europeas e de Oriente Medio. Estes valores amosan un gradiente clinal desde Asia Oriental deica o oeste de Europa, onde a poboación vasca (norte de España) e a galega son as que presentan os valores de diversidade máis baixos. Nun contexto europeo e atendendo a un substrato Paleolítico Superior, Galicia sería das poboacións máis novas.

Estes valores de diversidade normalmente asóciáanse con poboacións relativamente modernas; é dicir, nun tempo relativamente curto non houbo “ocasión” de acumular suficiente variabilidade xenética.

Distribucións de “mismatch”

Existe un procedemento matemático mediante o que se xeran unhas distribucións que dalgunha maneira reflicten algún aspecto demográfico das poboacións. O algoritmo matemático e as súas limitacións (e os seus detractores, porque nada na ciencia escapa das críticas) están fóra do alcance deste texto, pero pódese facer un resumo da súa interpretación inmediata: os procesos de “expansión poboacional” xeran distribucións de *mismatch* con

forma acampanada, mentres que as "poboacións estables" (ou estacionarias) producen distribucións multimodais e irregulares.

A distribución de diferenzas de *pairwise* (como tamén se chaman estas distribucións) computada na poboación galega presenta claramente forma de campá, tal e como sería de agardar en poboacións que sufriron un proceso de expansión repentina. Se calculamos as distribucións para outras poboacións europeas e as situamos nunha mesma gráfica, pódese observar como todas elas presentan forma acampanada e se desprazan de dereita a esquerda na gráfica, de forma correlacionada coa súa situación xeográfica leste-oeste. As do leste son máis antigas e as do oeste (Galicia e País Vasco) son máis novas (Salas e cols. 1998, 2000).

A partir destas distribucións pódese calcular o tempo en que acontece a expansión poboacional. Estes tempos correspóndense con aproximadamente 17 000 anos atrás, o que nos remonta ao Paleolítico Superior. A continuación suxírese unha –posible e non pouco arriscada– interpretación deste resultado no seguinte contexto prehistórico (Cunliffe B. 2001).

De acordo cos datos arqueolóxicos (e en termos moi xerais), a expansión centroeuropea do fenómeno auriñaciano ("caracterizado non só por un abano de formas líticas sumamente características senón tamén por unha gama igualmente característica de útiles de óso e marfil") para áreas do cantábrico foi relativamente rápida e crese que é un tanto improbable que esta expansión cultural levase asociada unha expansión demográfica e unha substitución poboacional. A resituación demográfica da zona debeu ser posterior á resituación cultural nos comezos do Paleolítico Superior e máis ou menos homoxénea na costa cantábrica. Esta nova localización poderíase datar nos tempos do Último Máximo Glaciar (UMG) do período Solutreano, hai 18 000 anos atrás, cando as condicións ambientais contribuíron ao illamento dos grupos. Suxeriuse que este illamento foi particularmente forte entre a poboación vasca e as áreas limítrofes, pero non existen motivos para pensar que lle afectou a toda a franxa litoral do cantábrico. A dispoñibilidade dos recursos mariños no cantábrico e as relativamente boas condicións ambientais durante o

MGL permitiron unha densidade de poboación alta nesta área, incluída Galicia. Estas conxecturas parecen estar de acordo coas datacións radiocarbónicas, segundo as cales en Galicia non houbo habitantes ata o Paleolítico Superior (aínda que a tipoloxía dos utensilios [material acheuliano] se corresponda co Paleolítico Inferior; o que suscita a polémica relacionada coas datacións de radiocarbono e o probable carácter arcaizante dos materiais encontrados nos depósitos galegos) (Salas e cols. 1998).

Lamentablemente, nestes estudos preliminares foi imposible analizar detalles finos da poboación galega, como por exemplo o estudo das distintas –posibles– achegas xenéticas doutras poboacións ao longo dos seus séculos de evolución. Polo tanto, estes valores deben de verse desde unha perspectiva global e entendéndooos como referidos a un substrato inicial.

Microestruturación xeográfica

Os primeiros estudos xenéticos sobre a teoría de migración a nivel microrrexional (así como sobre as consecuencias demográficas da unión dun home cunha muller nados en lugares distintos) foron realizados por Sutter e Ntran Ngoc Toan, do Instituto Nacional de Estudos Demográficos francés e, independentemente, polo prestixioso antropólogo Luigi Luca Cavalli-Sforza (en colaboración con Moroni e Gianna Zei, das universidades de Parma e de Pavia). En xeral permitiron verificar que a maior parte dos matrimonios teñen lugar entre persoas da mesma vila e que a distancia xenética (como unha medida que cuantifica as “diferenzas” xenéticas entre poboacións) medra regularmente co aumento da distancia xeográfica entre vilas (illamento debido á distancia). Os cónxuxes a miúdo proceden de lugares moi próximos entre si, segundo unha lei estatística que se pode xeneralizar a vilas de todo o mundo. A muller ou o home proceden da mesma vila e, con menor probabilidade, dunha próxima; o número de persoas da mesma xeración que sae dunha vila acostuma ser o mesmo para todas as vilas. Non obstante, desde un punto de vista xenético, habería que agardar ao nacemento dos polimorfismos do

ADNmt e do cromosoma Y para poder abordar as características concretas dos micromovements migracionais.

Aparentemente as variantes do cromosoma Y (herdanza paterna) están máis agrupadas xeograficamente que as mitocondriais (herdanza materna) (Brion e cols. 2004). Isto significa que para poboacións europeas apenas existe variación mitocondrial mentres que o cromosoma Y amosa gradientes máis acentuados. Isto explicárase dunha forma sinxela se consideramos que a migración do home foi máis limitada que a da muller ao longo da historia.

Esta observación podería parecer contraditoria ao que comunmente se coñece; como di Mark Stoneking, da Universidade de Pensilvania, "a visión que se ten das migracións ao longo da historia é fundamentalmente masculina-dominante; non hai máis ca pensar en Marco Polo, Alexandre Magno, Xenxis Khan ou Atila (o rei dos hunos). Non obstante, baseándonos en observacións antropoloxicas, sábese que aínda hoxe existen moitas culturas onde a muller se move máis ca o home xa que esta é a que se muda de sitio cando contrae matrimonio e as terras son herdadas polo fillo varón (patrilocalidade: tendencia a que a esposa se mude ao lugar natal do home)".

Moi recentemente propuxémonos estudar a poboación galega cun maior nivel de resolución a como o fixeramos anteriormente. Para iso realizamos mostraxes en distintas rexións de Galicia (52 vilas) con dous obxectivos fundamentais: a) a análise da poboación galega no contexto das poboacións ibéricas e b) o estudo intrínseco da poboación galega e a súa estrutura microxeográfica.

Desafortunadamente, este estudo é demasiado recente como para mostrar resultados e conclusións finais, pero si é interesante amosar unha idea xeral. Para esta análise non só se analizou o ADNmt senón tamén marcadores do cromosoma Y (os cales falan da evolución das liñaxes masculinas; véxanse apartados previos). Polo tanto, estamos en condicións de ver o comportamento xenético poboacional destes dous integrantes da poboación: as mulleres e os homes. Non deben os historiadores ter falsas esperanzas; lembrando o que dicíamos ao principio deste capítulo: o

ADN é unha ferramenta limitada e debe de considerarse como unha "axuda" ao coñecemento da historia.

De forma resumida poderíanse propor dous modelos poboacionais (cando se fala a esta escala xeográfica) para explicar a microdifusión poboacional:

a) Os movementos poboacionais a pequena escala (estamos a falar de poucos quilómetros) son o suficientemente importantes como para que nun tempo razoablemente curto se produza unha "homoxeneización" xenética da poboación.

b) As poboacións permanecen relativamente estáticas, de forma que os individuos tenden a nacer, medrar, procrear e morrer nos seus lugares de orixe.

Estes dous modelos amosan dúas posibilidades demasia-do extremas pero que serven para centrar o problema. De acordo co que comentabamos anteriormente, tamén hai que considerar a poboación como composta por dúas subpoboacións: a das mulleres e a dos homes, non só porque temos posibilidade de analizarlas xeneticamente por separado, senón tamén porque ao longo dos séculos (e isto é internacional) a socioloxía da muller e do home foi (e segue sendo en moitos grupos poboacionais) claramente diferente.

Os resultados preliminares obtidos ata o momento revelan que a poboación galega amosa signos de estruturación poboacional a nivel mitocondrial (poboación feminina). Estas diferenzas entre comarcas galegas non se perciben no cromosoma Y, polo que se pode concluir de maneira moi xeral que o modelo "a" pode ser certo para a poboación de homes, mentres que o modelo "b" se axustaría máis á poboación feminina.

Sería interesante correlacionar estes achados con algún tipo de comportamento matriarcal ou de matrilocidade na sociedade galega.

Aínda é cedo para medir o alcance destes resultados pero a aproximación xenética a esta problemática pode ser de grande interese para entender un determinado comportamento social (Salas e cols. 1998, 2000; Brión e cols. 2003, 2004).

As liñaxes mitocondriais galegas son tipicamente europeas. O pobo árabe apenas deixa herdanza materna en Galicia

As poboacións europeas son homoxéneas dabondo en canto á súa composición mitocondrial, como querendo reflectir a orixe común de todas elas a partir dun substrato común proveniente de Oriente Medio e do Oeste Asiático. En Galicia, as liñaxes mitocondriais non escapan a este patrón xeral polo que é pouco probable que se poida chegar a un nivel de resolución alto en canto á definición das súas distintas liñaxes e á súa localización xeográfica nalgún lugar de Europa. Existen, non obstante, ADN mitocondriais non europeos que si son doadamente detectables (en caso de existir). Tal é o caso dalgunha liñaxe que caracteriza ás poboacións norteafricanas. Isto énos útil para cuantificar o impacto da poboación árabe que sobre o 710 chegou por primeira vez a Galicia.

Como resultado dos nosos estudos, apenas detectamos estas liñaxes na poboación galega, o que reflicte que a marca mitocondrial deste pobo norteafricano en Galicia foi practicamente nula. O mesmo se pode dicir de poboacións subsaharianas: tan só algunha liñaxe illada foi detectada na poboación galega.

Estas achegas africanas poden situarse nun contexto histórico recente. Non obstante, non se pode descartar unha orixe máis ancestral. Os datos que existen aínda son escasos.

Por outro lado, estes resultados contrastan lixeiramente cos obtidos cos marcadores de cromosoma Y, segundo os cales a contribución masculina árabe puido ser máis importante (Salas e cols. 2000; Brión e cols. 2003, 2004).

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Brion, M., Salas, A., González-Neira, A., Lareu, M.V., Carracedo, A. (2003): "Insights into Iberian population origins through the construction of highly informative Y-Chromosome haplotypes using biallelic markers, STRs and the MSY1 minisatellite". *Am J Phys Anthr* 122: 147-161.
- Brion, M., Quintáns, B., Zarrabeitia, M., González-Neira, A., Salas, A., Lareu, M.V., Carracedo, A. (2004): "Micro-geographical differentiation in Northern Iberia revealed by Y-chromosome DNA analysis". *Gene* 329: 17-25.
- Cunliffe, B. (2001): *Facing the Ocean. The Atlantic and its peoples 800 BC-AD 1500*. Oxford University Press, UK.
- Salas, A., Comas, D., Lareu, M.V., Bertranpetit, J., Carracedo, A. (1998): "mtDNA analysis of the Galician population: a genetic edge of European variation". *Eur J Hum Genet* 6: 365-375.
- Salas, A., Lareu, M.V., Calafell, F., Bertranpetit, J., Carracedo, A. (2000): "mtDNA hypervariable region II (HVII) sequences in human evolution studies". *Eur J Hum Genet* 8: 964-974.