

Un estudio confirma la importancia de los linajes de la cornisa cantábrica en el mapa genético de Europa

Una tesis doctoral de la UPV/EHU ha realizado el estudio detallado de los linajes maternos (ADN mitocondrial) de tres poblaciones autóctonas de la cornisa cantábrica, a fin de esclarecer el papel de dichas poblaciones en la recolonización postglacial de Europa. El estudio realizado por el doctor Sergio Cardoso Martín confirma la importancia de los linajes H1 y V, y propone además tener en consideración los linajes J1c, U5b y T2b como marcadores genéticos de tan importante hito demográfico en la historia evolutiva de las poblaciones humanas europeas.



El autor de la tesis, Sergio Cardoso Martín.

Uno de los aspectos que más interés ha suscitado en los últimos años en el campo de la genética de poblaciones es el repoblamiento postglacial de Europa ocurrido hace aproximadamente 15.000 años. Gran parte de las investigaciones en este campo se han centrado en el análisis del ADN mitocondrial o linajes maternos, utilizándolo como herramienta para

dilucidar el impacto de las grandes migraciones humanas en la conformación del patrimonio genético de las poblaciones europeas actuales.

Mediante la tesis titulada "Diversidad del genoma mitocondrial en poblaciones autóctonas de la Cornisa Cantábrica: huellas de la recolonización postglacial en Europa", el doctor Sergio Cardoso Martín explora, mediante el análisis de la variabilidad del ADN mitocondrial, la implicación de las poblaciones del *refugio franco-cantábrico* en la recolonización postglacial de Europa. El *refugio franco-cantábrico* abarcaría desde el suroeste de Francia hasta la parte oriental de la cornisa cantábrica y ha sido considerado como el principal asentamiento de los grupos de humanos que llegaron desde el norte de Europa durante la última glaciación, escapando de unas condiciones climáticas extremadamente adversas.

Sergio Cardoso Martín es licenciado en Bioquímica, y actualmente trabaja como investigador postdoctoral. Su tesis doctoral ha sido dirigida por la Prof.^a Dra. Marian Martínez De Pancorbo, del Departamento de Zoología y Biología Celular Animal de la Facultad de Farmacia de la UPV/EHU y del Servicio General de Investigación Genómica: Banco de ADN, y por el Dr. Miguel Ángel Alfonso Sánchez, del Servicio General de Investigación Genómica: Banco de ADN.

Buscando los marcadores genéticos

Para esta investigación, se analizó una muestra compuesta por 194 individuos pertenecientes a tres poblaciones autóctonas de la cornisa cantábrica: de los valles de Arratia y Goierri en el País Vasco, del valle del Baztán en Navarra y del valle de Pas en Cantabria. Se secuenciaron los segmentos HVI y HVII de la región de control del ADN mitocondrial de los 194 individuos participantes en el estudio. Además, se secuenció el ADN mitocondrial completo de 43 de los individuos con un doble propósito: reconstruir el desarrollo de los linajes maternos del área del *refugio franco-cantábrico* y confirmar los resultados del análisis de los segmentos secuenciados.

Los resultados de este análisis permiten clasificar a los individuos del estudio en familias genéticas llamadas haplogrupos. También se analizó la frecuencia de los haplogrupos y su distribución espacial en Europa y se

estimó la antigüedad del ancestro común más reciente entre los distintos linajes.

Reducida diversidad genética

La mayoría de los 194 individuos analizados presentó haplogrupos mitocondriales característicos de las poblaciones europeas. Adicionalmente, se encontraron haplogrupos muy poco frecuentes y, excepcionalmente, se identificaron individuos portadores de un haplogrupo de origen africano, en la población del Valle de Pas.

El haplogrupo más frecuente en las muestras del País Vasco y Navarra resultó ser el H, y más concretamente el subhaplogrupo H1. En estas dos poblaciones destacó igualmente la alta frecuencia del linaje J1c, y particularmente, en el caso del norte de Navarra, los linajes U5b y T2b también mostraron frecuencias notables. En el valle de Pas, en cambio, la mayor frecuencia correspondió al haplogrupo V.

Las condiciones climáticas adversas y la orografía del terreno habrían propiciado un marcado aislamiento de las poblaciones y, en consecuencia, una microdiferenciación genética local, que actualmente se refleja en el predominio de unos u otros linajes maternos en cada una de las poblaciones analizadas.

Además de presentar haplogrupos característicos, se pudo comprobar que, en cuanto a la diversidad genética, las tres poblaciones autóctonas estudiadas se caracterizan por valores reducidos con respecto a otras poblaciones europeas, incluso del entorno de la península Ibérica. Las poblaciones del País Vasco y del Valle de Pas, junto con la población de Galicia, mostraron la diversidad de linajes más baja dentro del contexto europeo.

La población del norte de Navarra, por su parte, presentó valores dentro del rango de las poblaciones europeas tomadas como referencia. El autor de este estudio opina que estas diferencias con respecto a la diversidad del genoma mitocondrial están relacionadas con el menor aislamiento de la zona norte de Navarra, por las posibles influencias de la presencia romana, árabe o judía en la región, así como por su ubicación en plena ruta jacobea.

A su vez, la comparación realizada con otras poblaciones europeas mostró que ciertos haplogrupos mitocondriales presentaban su máxima frecuencia en el área del *refugio franco-cantábrico*. De estos hallazgos se deduce que las mutaciones definitorias de esos haplogrupos podrían haberse originado en la zona del refugio, o bien podrían haber sido transportadas por los grupos humanos que se replegaron desde el norte de Europa, aumentando sustancialmente su frecuencia con posterioridad como consecuencia de la deriva genética, fenómeno conocido como “efecto fundador”.

Marcadores genéticos de la recolonización europea

El estudio ha permitido confirmar la importancia de los linajes H1 y V –los más abundantes en la muestra de individuos analizados– como marcadores genéticos de la recolonización postglacial desde los refugios del suroeste de Europa. Asimismo, los datos del estudio demuestran que los subhaplogrupos T2b, J1c y U5b constituyen ‘linajes maternos paleolíticos’ bien conservados hasta el presente y con frecuencias relevantes en la zona del *refugio franco-cantábrico*, por lo cual se sugiere su inclusión en futuros estudios dedicados a la búsqueda de huellas genéticas del repoblamiento postglacial de Europa y a la evaluación del impacto de este hecho demográfico en el modelado del patrimonio genético de las poblaciones europeas contemporáneas.

Derechos: **Copyright**

TAGS

DNAMT | DNA MITOCONDRIAL | CORNISA CANTÁBRICA |
RECOLONIZACIÓN POSTGLACIAL |

Creative Commons 4.0

Puedes copiar, difundir y transformar los contenidos de SINC. [Lee las condiciones de nuestra licencia](#)

