

Recolonizações do oeste europeu desde o norte da Península Ibérica: Gênes e migrações

Paula Sánchez Diz
Grupo de Medicina Xenómica
Instituto de Medicina Legal
Universidade de Santiago de Compostela



explicación histórica para aqueles feitos xenéticos descubertos



Xenética
xenética de poboacións

Historia
xenética dos pobos



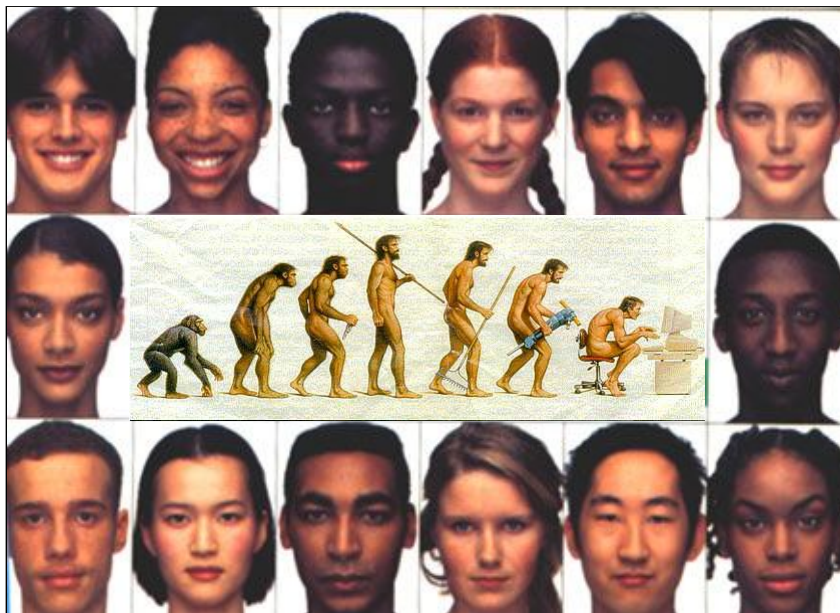


“se en Allariz se asentou unha familia de norteafricanos no s.XVIII e tiveron descendencia, detectarémolos sen nengunha dúbida”

***mmm... reconstruir a historia xenética
da poboación de Allariz dende os
seus comezos, e a de toda Galiza...***



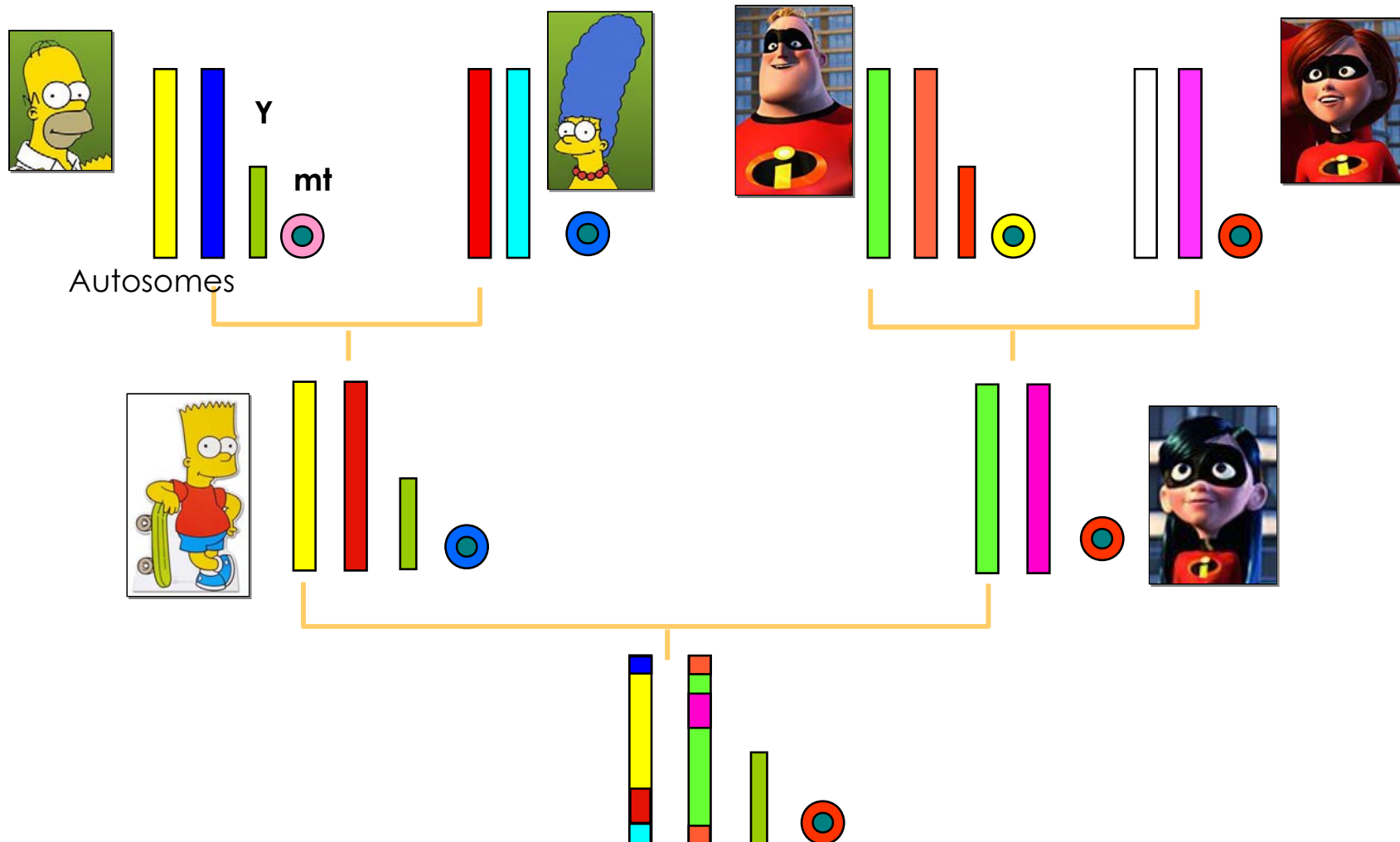
**Buscar unha explicación histórica para as
diferencias xenéticas que atopan**



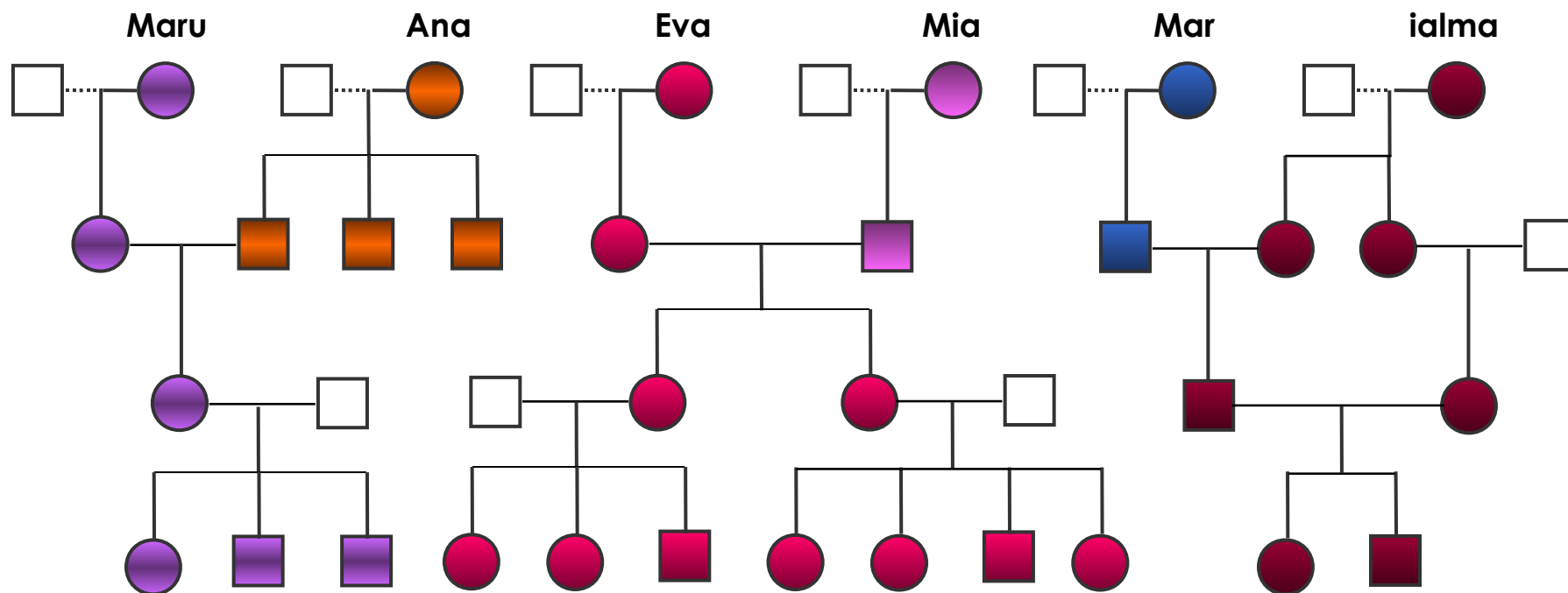
As diferencias entre as poboacións explican como máximo o 15% das diferencias totais
10% diferencias entre grupos continentais
5% diferencias entre poboacións dentro de continentes.

reconstruir a súa historia demográfica

non todas as características xenéticas humanas teñen o mesmo modo de transmisión xenética



ADNmt



O mantemento dunha liñaxe feminina de xeración en xeración non depende do número de fillos senón da existencia dunha liña de descendencia feminina non interrompida

Cromosoma Y

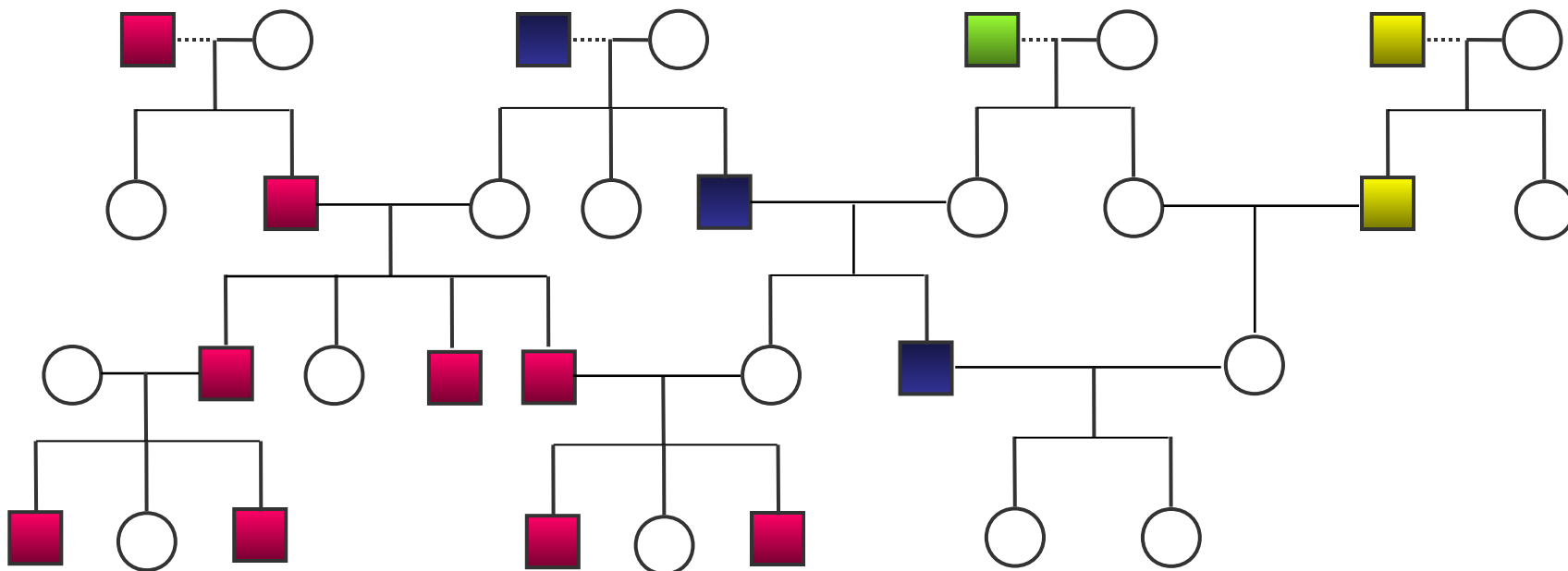


Manuel

André

Xosé

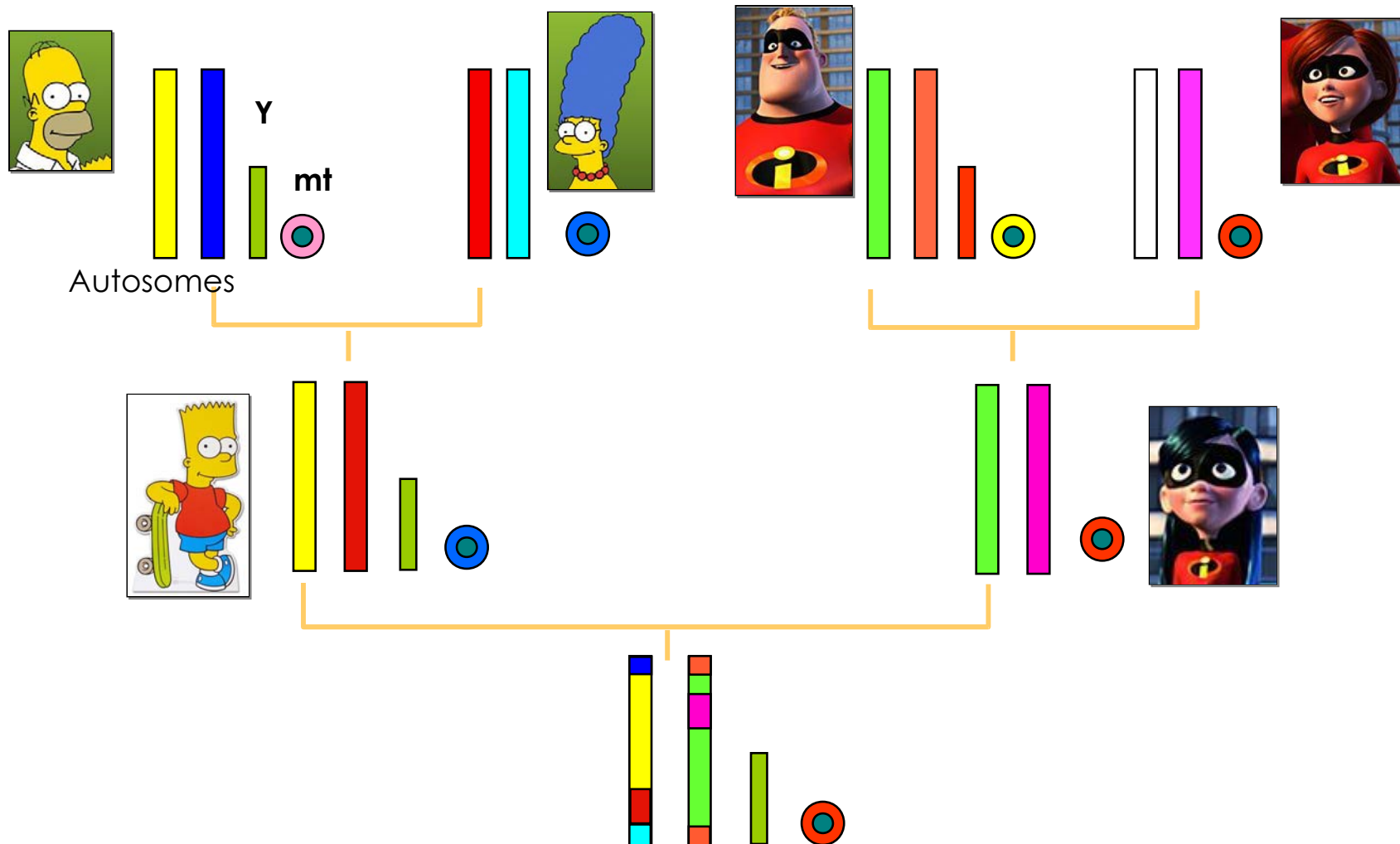
Xabi



*na poboación actual só está representada a liñaxe de Manuel
Toda a xeración presente o mesmo cromosoma Y*

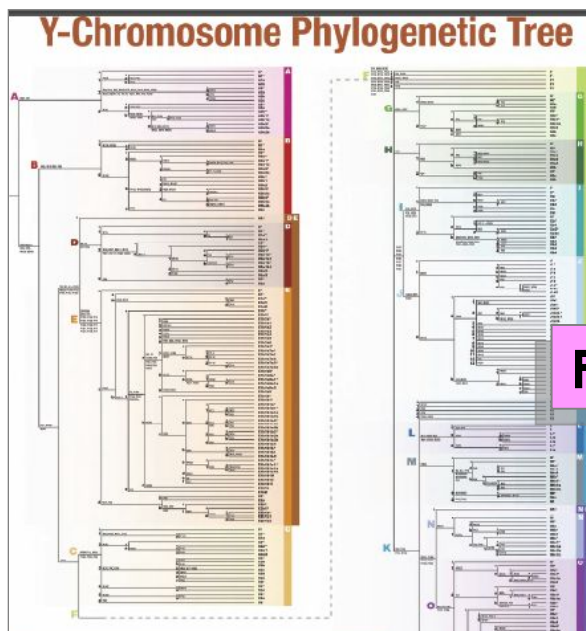
Marcadores biparentais

a súa democraticidade de transmisión os fai moito menos propensos a perdas de variación xenética

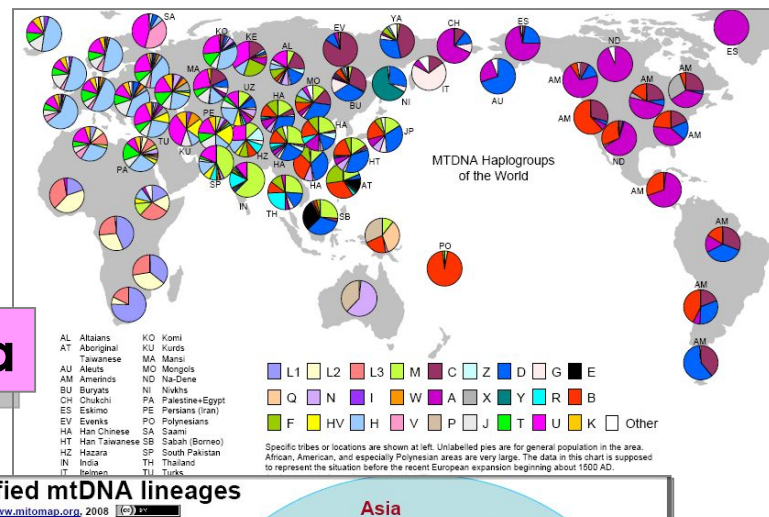
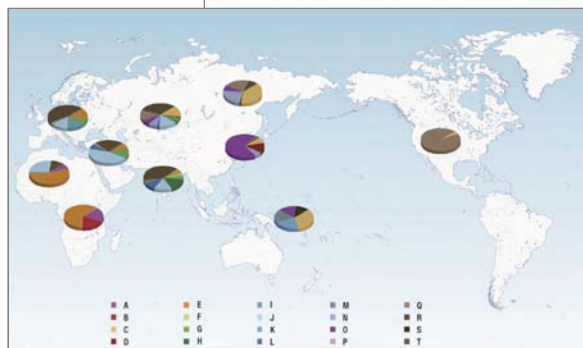
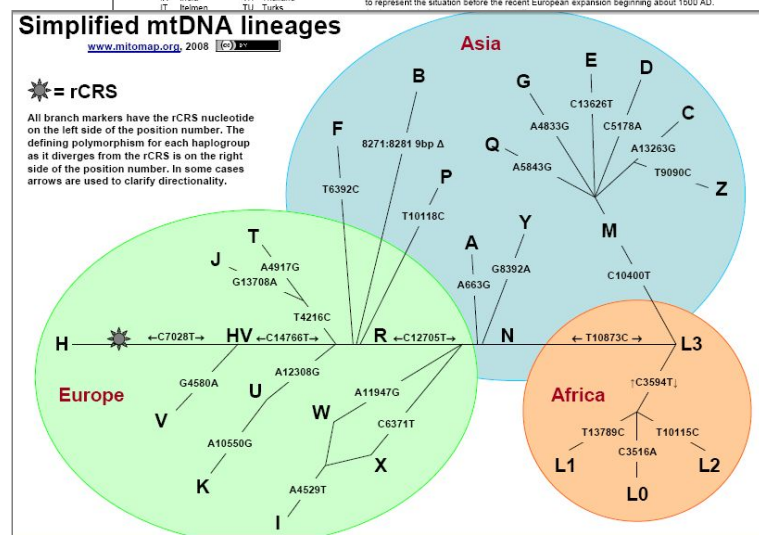


Marcadores uniparentais ADNmt e cromosoma Y

estudio de diferencias xenéticas interpoboacionais baseadas na xeografía



Filoxeografía



Deriva xenética

variación ao acaso que se da cando unha xeración lle transmite os seus xenes á seguinte

O efecto da deriva xenética será tanto maior canto máis pequena sexa a poboación porque o azar inflúe en maior grao

Fluxo xénico-migración

Cando dúas poboacións diferentes se poñen en contacto por medio da migración, a poboación resultante compartirá características de ambas as dúas, que serán maiores canto máis grande fose a interacción e máis igualados estean os números de individuos.

Europa

Where do the genes of the Europeans come from? A good, but trivial, answer is: From Africa, like everybody else's genes. Barbujani & Bertorelle, 2001, PNAS (98): 22-25.



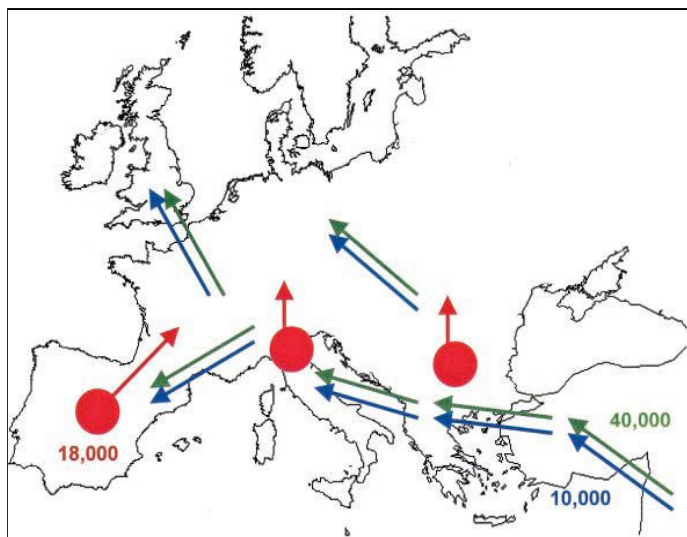
40,000 aap

Segundo datos arqueolóxicos a agricultura xurdiu en Oriente Próximo ~10,000 aap

Difusión démica

(Ammerman e Cavalli-Sforza, 1984)

movemento de xente → cambio sustancial da composición xenética das poboacións europeas



clinas con focos en Oriente Próximo

A scheme of the main demographic processes documented in the archeological record of Europe. Numbers are approximate dates, in years before the present. Green arrows, Paleolithic colonization; red arrows, Mesolithic reexpansions (glacial refugia are represented by red circles); blue arrows, Neolithic demic diffusion (Barbujani & Bertorelle, 2001, PNAS (98): 22-25).

Difusión cultural

(Dennell, Zvelebil)

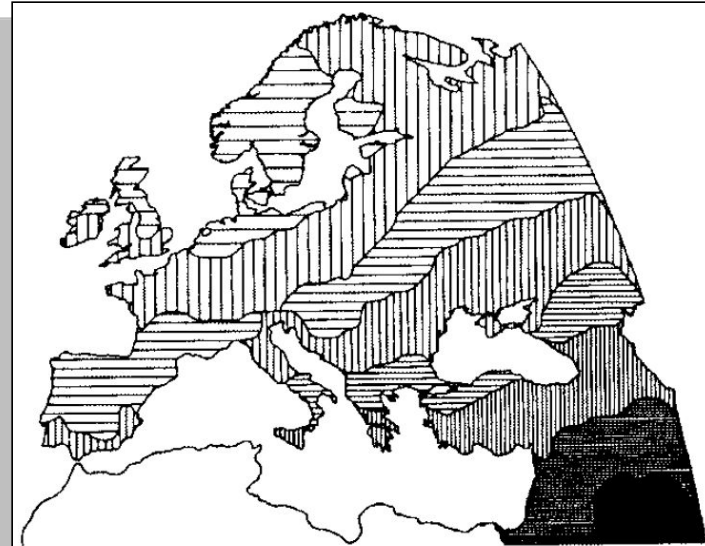
as ideas e tecnoloxías foron transferidas sen movementos de poboación sustanciais, o que supón que o patrón de diversidade xenética debería ter as súas raíces no Paleolítico



Cavalli-Sforza, L. L., et al., 1994

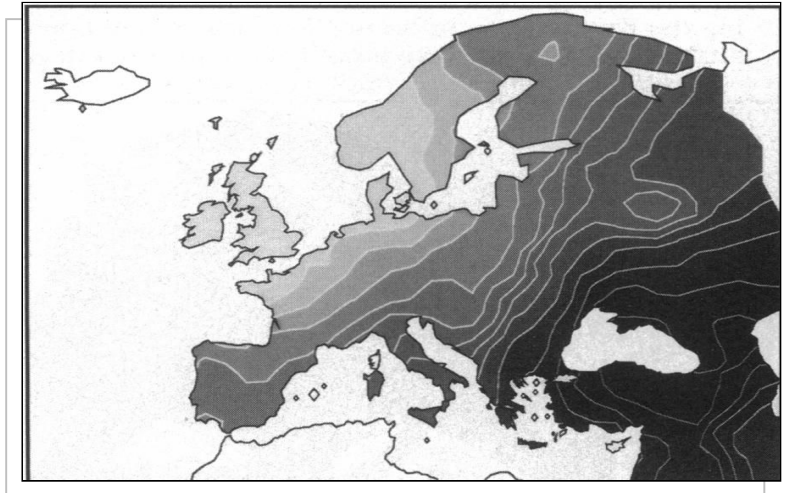
Análise de Componentes Principais

(permite a representación gráfica en poucas dimensións da máxima cantidade de variación para datos multivariantes, cunha perda de información mínima)

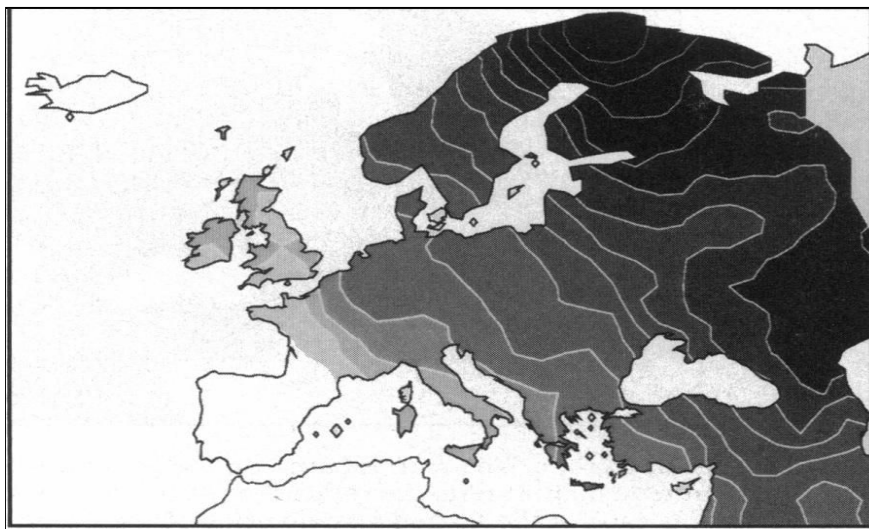


A summary of genetic variation in Europe: first principal component. Different shades of gray represent different values of a synthetic variable summarizing allele frequencies at 120 protein loci. (Cavalli-Sforza, L. L., et al., *The History and Geography of Human Genes*. Copyright © 1994)

O **primeiro PC (PC1)** tiña un foco en Oriente Próximo e se expandía cara ao noroeste, o que apoiaba o modelo de difusión démica



Piazza A et al., 1995



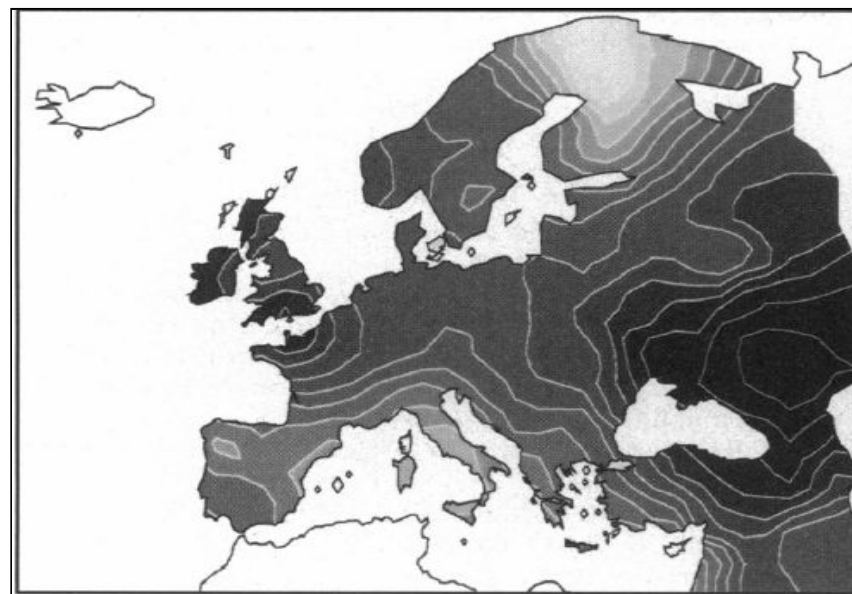
Piazza A et al., 1995

PC2

forte gradiente concéntrico
(máxima en Escandinavia e mínimo
na Península Ibérica).
Influencia climática

PC3

expansión dende Europa Centro
Occidental de xente indoeuropea
pertencente a cultura Kurgan,
(apoando a Gimbutas).



Piazza A et al., 1995

Semino et al., 2000

Underhill et al., 2001

Rosser et al., 2000

Am. J. Hum. Genet. 67:1526–1543, 2000

Y-Chromosomal Diversity in Europe Is Clinal and Influenced Primarily by Geography, Rather than by Language

Zoë H. Rosser,¹ Tatiana Zerjal,² Matthew E. Hurles,^{1,*} Maarja Adojaan,⁵ Dragan Alavantic,⁶ António Amorim,⁷ William Amos,⁸ Manuel Armenteros,⁹ Eduardo Arroyo,¹⁰ Guido Barbujani,¹¹ Gunhild Beckman,¹² Lars Beckman,¹² Jaume Bertranpetit,¹³ Elena Bosch,^{13,*} Daniel G. Bradley,¹⁴ Gaute Brede,¹⁵ Gillian Cooper,⁸ Helena B. S. M. Côrte-Real,¹⁶ Peter de Knijff,¹⁷ Ronny Decorte,¹⁸ Yuri E. Dubrova,¹ Oleg Evgrafov,¹⁹ Anja Gilissen,¹⁸ Sanja Glisic,⁶ Mukaddes Gölge,²⁰ Emmeline W. Hill,¹⁴ Anna Jeziorowska,²¹ Luba Kalaydjieva,²² Manfred Kayser,^{23,*} Toomas Kivisild,³ Sergey A. Kravchenko,²⁴ Astrida Krumina,²⁵ Vaidutis Kučinskas,²⁶ João Lavinha,¹⁶ Ludmila A. Livshits,²⁴ Patrizia Malaspina,²⁷ Syrrou Maria,²⁸ Ken McElreavey,²⁹ Thomas A. Meitinger,³⁰ Aavo-Valdur Mikelsaar,⁴ R. John Mitchell,³¹ Khedoudja Nafa,²² Jayne Nicholson,³ Søren Norby,³³ Arpita Pandya,² Jüri Parik,⁵ Philippos C. Patsalis,²⁸ Luísa Pereira,⁷ Borut Peterlin,³⁴ Gerli Pielberg,⁵ Maria João Prata,⁷ Carlo Previderé,³⁵ Lutz Roewer,²³ Siiri Roots,⁵ D. C. Rubinsztein,³⁶ Juliette Saillard,²³ Fabricio R. Santos,^{2,8} Gheorghe Stefanescu,³⁷ Bryan C. Sykes,³² Aslıhan Tolun,³⁸ Richard Villems,² Chris Tyler-Smith,² and Mark A. Jobling¹

Clinal patterns of autosomal genetic diversity within Europe have been interpreted in previous studies in terms of a Neolithic demic diffusion model for the spread of agriculture; in contrast, studies using mtDNA have traced many founding lineages to the Paleolithic and have not shown strongly clinal variation. We have used 11 human Y-chromosomal biallelic polymorphisms, defining 10 haplogroups, to analyze a sample of 3,616 Y chromosomes belonging to 47 European and circum-European populations. Patterns of geographic differentiation are highly nonrandom, and, when they are assessed using spatial autocorrelation analysis, they show significant clines for five of six haplogroups analyzed. Clines for two haplogroups, representing 45% of the chromosomes, are continentwide and consistent with the demic diffusion hypothesis. Clines for three other haplogroups each have different foci and are more regionally restricted and are likely to reflect distinct population movements, including one from north of the Black Sea. Principal-components analysis suggests that populations are related primarily on the basis of geography, rather than on the basis of linguistic affinity. This is confirmed in Mantel tests, which show a strong and highly significant partial correlation between genetics and geography but a low, nonsignificant partial correlation between genetics and language. Genetic-barrier analysis also indicates the primacy of geography in the shaping of patterns of variation. These patterns retain a strong signal of expansion from the Near East but also suggest that the demographic history of Europe has been complex and influenced by other major population movements, as well as by linguistic and geographic heterogeneities and the effects of drift.

3616 individuos
47 poboacións europeas

clinas para dous hgs que ocupaban todo o continente e eran consistentes coa hipótese de difusión démica.

Os patróns de variación observados manteñan unha **forte sinal de expansión dende Oriente Próximo** pero tamén suxerían que a historia demográfica de Europa foi complexa e influenciada por outros movementos de poboación importantes, así coma por heteroxeneidades lingüísticas e xeográficas e efectos de deriva

clinas opostas a escala continental, dende o
sudeste de Europa ao noroeste: **PC1-Difusión
démica**

unha forte clina nun eixo noreste-sudoeste, acadando as súas maiores frecuencias ao leste-centro de Europa: **PC3**
movementos de poboación posteriores ao dos Kurgans

clima sul-norte: **PC2**
Influencia climática

Figure 3a. Stage 5: 130,000 to 70,000 years ago

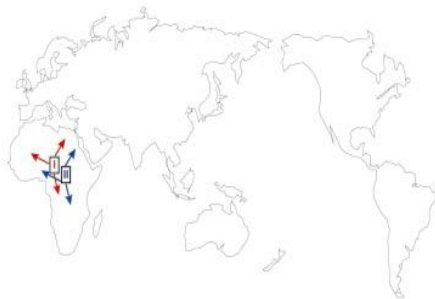


Figure 3b. Late Stage 5

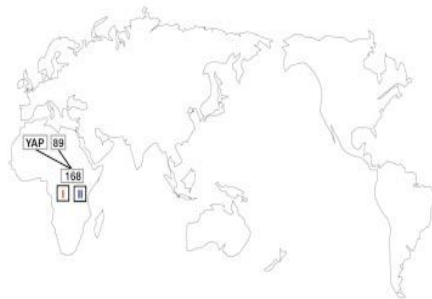


Figure 3c. Early Glacial? 50 - 45 Kyr

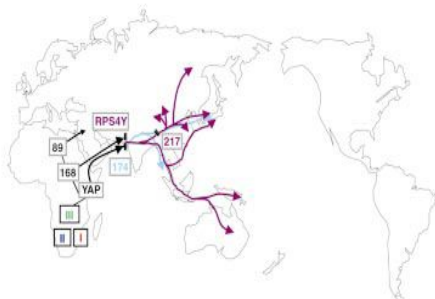


Figure 3d. 45 - 30 Kyr

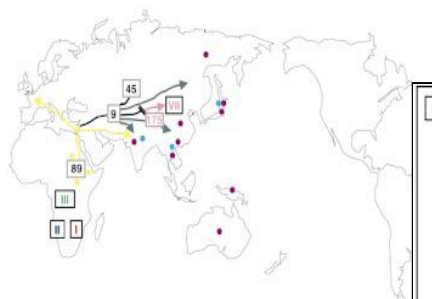


Figure 3e. 30 - 20 Kyr

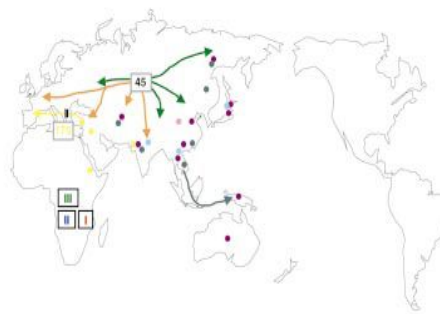


Figure 3f. LGM - 18,000 years ago

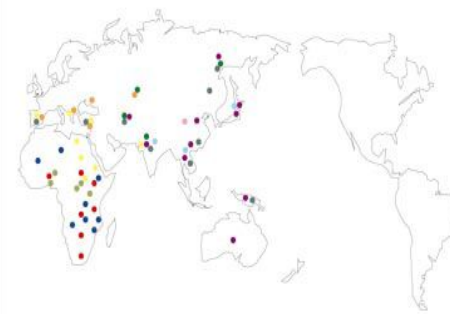


Figure 3g. Late Glacial Warming and Early Holocene

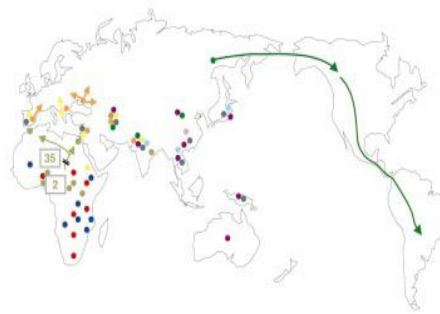
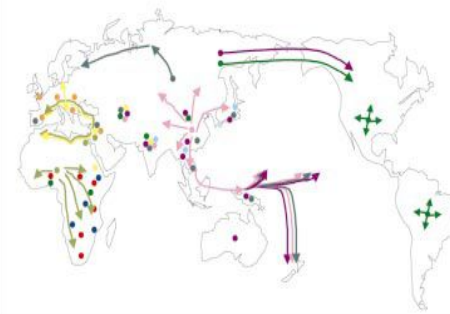


Figure 3h. Holocene



Underhill et al., 2001

Galicia, Valencia, País Vasco e Magreb (Brión et al., 2003)

AMERICAN JOURNAL OF PHYSICAL ANTHROPOLOGY 122:147-161 (2003)

Insights Into Iberian Population Origins Through the Construction of Highly Informative Y-Chromosome Haplotypes Using Biallelic Markers, STRs, and the MSY1 Minisatellite

M. Brion, A. Salas, A. González-Neira, M.V. Lareu, and A. Carracedo*

Unit of Genetics, Institute of Legal Medicine, University of Santiago de Compostela, E-15782 Santiago de Compostela, Galicia, Spain

KEY WORDS Y chromosome; biallelic polymorphisms; STRs; MSY1; Iberian Peninsula

ABSTRACT To investigate the diversity of Y chromosomes in the Iberian Peninsula and the North African population of Maghreb, we constructed superhaplotypes on the basis of 10 biallelic markers, 7 microsatellites, and 1 minisatellite located in the nonrecombining portion of the human Y chromosome. The analysis of extremely high MSY1 variability was performed by reducing the MVR-codes to modular structures. Y-STRs and MSY1 data provide information about the relationship between closely related populations such as those of Iberia. Analysis of biallelic markers allowed us to identify 7 of 12 haplo-

groups defined by those polymorphisms. The haplogroup background showed clear differences between Iberian populations and the North African one. The use of differently mutating Y-chromosome markers allowed us to infer different population events at different time scales: the Paleolithic background of the Iberian Peninsula, the Neolithic fingerprint on Y-chromosome lineages, and the Iron Age influence in the populations of Iberia. Implications of our results for the highly debated origin of Basques are also discussed. *Am J Phys Anthropol* 122:147-161, 2003. © 2003 Wiley-Liss, Inc.



Celtas (Idade de Ferro)
Invasiões romanas e de Alanos, Suevos, Vândalos e Godos na área mediterrânea.
Berberes e árabes (desde 711 ap ata o 1492)

Iberia presenta unha clara diferenca con Magreb na composición de hgs



homoxeneidade xenética cantábrica

rastros de un proceso de aillamento da poboación antiga entre poboacións do norte de Iberia

Poboacións cantábricas: composición xenética de hgs bastante uniforme. O aillamento durante o Neolítico podería ter afectado tanto ao país Vasco coma a outras poboacións da área cantábrica.

debido á importante influencia árabe do sul da pen. debería haber algunha pegada xenética do norte de África nos cr. Y das poboacións do norte da pen. Ibérica.

Liñaxe de cr. Y típicamente norteafricana en Galiza

A escasa poboación berber da Galiza do s.VIII era masculina, e aínda que demográficamente baixos en número comparados co resto da poboación autóctona, a acción estocástica da deriva xenética puido ter incrementado a frecuencia desta liñaxe

Un fluxo xénico recente pode ser descartado



Cromosoma Y na Galiza (Brión et al., 2004)



Available online at www.sciencedirect.com

SCIENCE @ DIRECT®

Gene 329 (2004) 17–25

GENE

Micro-geographical differentiation in Northern Iberia revealed by Y-chromosomal DNA analysis

María Brion^a, Bea Quintans^a, Maite Zarrabeitia^b, Anna Gonzalez-Neira^a, Antonio Salas^a, Victoria Lareu^a, Chris Tyler-Smith^c, Angel Carracedo^{a,*}

^aInstitute of Legal Medicine, University of Santiago de Compostela, San Francisco s/n., 15782 Santiago de Compostela, Spain

^bUnit of Legal Medicine, University of Cantabria, 39011 Santander, Spain

^cThe Wellcome Trust Sanger Institute, Wellcome Trust Genome Campus, Hinxton, Cambs CB10 1SA, UK

Received 29 July 2003; received in revised form 18 November 2003; accepted 23 December 2003

Received by M. D'Uso

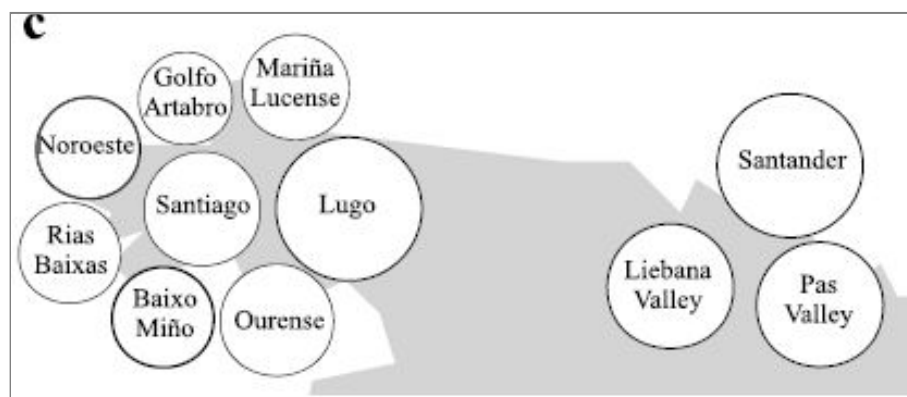
Abstract

Y-chromosome diversity has been analyzed at a micro-geographical level, examining 10 binary polymorphisms and 7 short tandem repeats (STRs) in 443 samples belonging to 11 populations from two regions of Northern Spain, Galicia and Cantabria. Both regions, as a whole, cluster with other Iberian populations. However, some individual populations, particularly that from the Pas Valley in Cantabria, depart markedly from this general pattern, with higher genetic distances and reduced diversity. This unusual population is even more distinct than the Basques from their Iberian neighbors. Genetic drift in a small isolated population could explain this special behavior, and in addition to its anthropological interest, this finding has important forensic implications.

© 2004 Elsevier B.V. All rights reserved.

Keywords: Binary polymorphisms; Microsatellites; Human diversity; Population substructure; Differentiation

292 individuos pertencentes a 8 comarcas diferentes que inclúen un total de 75 localidades dispersas por toda a superficie de Galiza



Homoxeneidade ao longo da comunidade
Maior mobilidade dos homes con respecto ás mulleres
Estructura típicamente matriarcal



Cantabria

150 individuos de Santander, val do Pas e val de Liébana

Val do Pas: distancias xenéticas elevadas e diversidade reducida (*parecía incluso máis distinta que os vascos das súas poboacións veciñas*)

→ Efeito da deriva xenética nunha poboación pequena e aillada.

uniformidade galega/diferenzas en Cantabria??

Poboación galega aillada por Meseta Central do resto de España e por factores políticos de Portugal
Non subestructuración

→ Tamaño efectivo de poboación grande

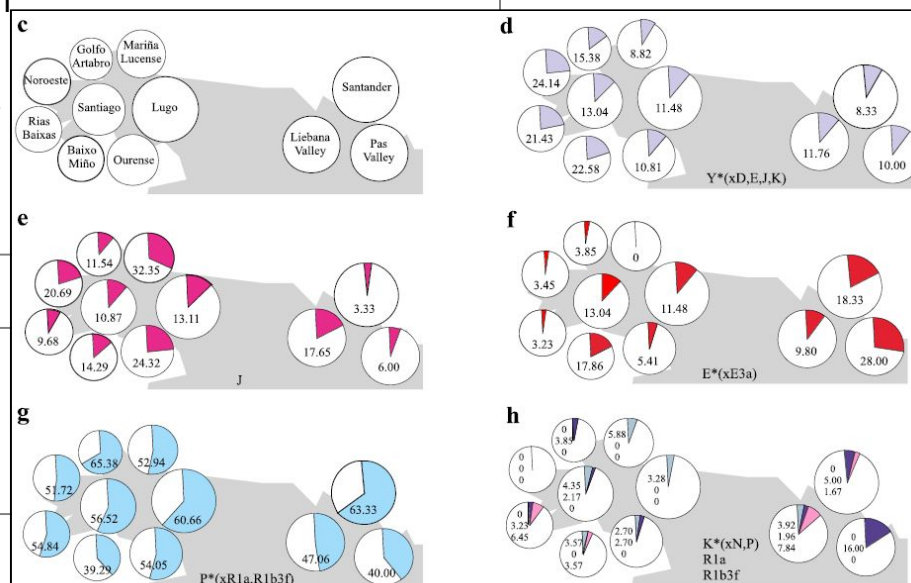
→ altos niveis de migración interna

→ ambos

Diferenciación en **Cantabria**

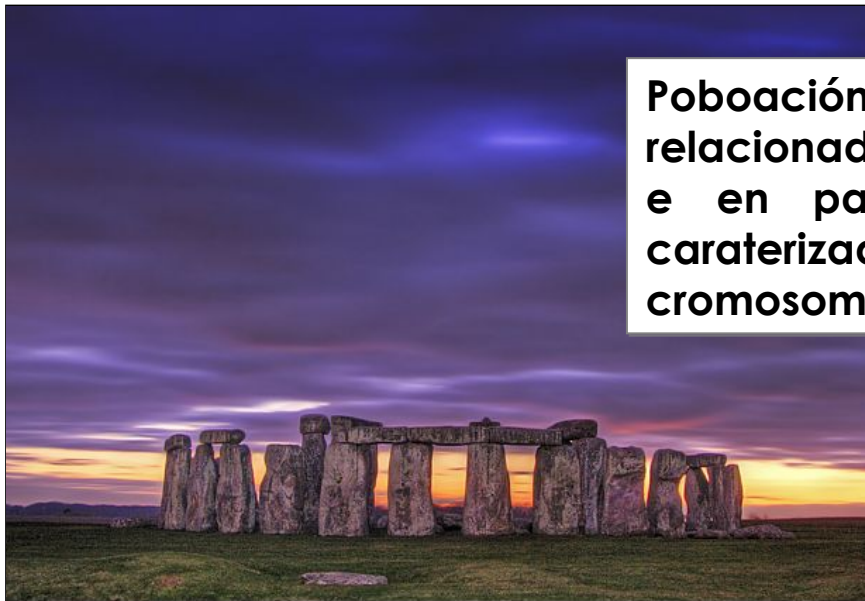
→ aillamento xeográfico por montañas

→ tamaño de poboación máis pequeno



Illas Británicas

Poboación nativa das illas Británicas intimamente relacionada cunha ampla rexión do oeste de Europa, e en particular coa marxe atlántica europea, caracterizada pola presenza dunha linaxe do cromosoma Y (hg R1b)



Refuxios en Europa durante a última glaciación máxima: península Ibérica, Balcáns e norte do mar Negro (Ucrania).
hgs máis frecuentes: R1b en Iberia, I en Balcáns e R1a en Ucrania

As últimas investigacións xenéticas demostran que a influencia biolóxica da migración post-mesolítica en Bretaña pode ter sido menor do que se pensaba.



Bryan Sykes Blood of the Isles (2006)

orixe dos celtas británicos na costa norte da península Ibérica

Welcome to Oxford Ancestors

I am delighted you are considering using our services. Oxford Ancestors began in my university laboratory where I have been using DNA to investigate aspects of human evolution since the mid-1980's.

Oxford Ancestors still retains the highest scientific credentials and is proud to be both the first and the finest provider of DNA-based services for personal ancestry research anywhere in the world. We maintain a high level of customer support in an area which, let's face it, can be daunting and unfamiliar to many people. I hope you will value our long experience and, on behalf of the team at Oxford Ancestors, we look forward to helping you explore your own genetic roots.

Bryan Sykes MA PhD DSc

La Voz de Galicia | HEMEROTECA WEB 21 de septiembre del 2006

SOCIEDAD
INVESTIGACIÓN

Los celtas que colonizaron Gran Bretaña procedían de Galicia

Las tribus del noroeste español cruzaron el mar hace 6.000 años y se establecieron en las islas. Una investigación sostiene que los británicos descienden de aquella migración

- Entrevista: «Las leyendas de tradición celta tienen sus raíces en la realidad»
- El estudio valida la teoría de una base genética común en el oeste europeo

la voz | redacción [imprimir](#) [Volver](#)

La ciencia genética ha venido a verificar la leyenda de Ith. Que el hijo de Breogán entrevistó Irlanda desde la torre de Hércules y dio lugar a su posterior colonización podría ser algo más que un mito, según los resultados de un estudio que ha analizado el ADN de 10.000 británicos y que apunta a que los celtas que se convirtieron en la tribu dominante en las islas procedían de la península Ibérica. Bryan Sykes, profesor de genética humana en la Universidad de Oxford, ha dirigido el estudio y publica esta semana sus conclusiones en el libro *Blood of the isles*. Su teoría es que hace 6.000 años estos habitantes de la península desarrollaron embarcaciones capaces de cruzar el océano y llegaron a las islas británicas. El territorio ya estaba habitado, pero estas personas fueron asimiladas en una tribu celta mayor.

Sykes explicó ayer a este diario que los celtas llegados desde las costas peninsulares provendrían del noroeste y el norte, «mucho más probable que del Mediterráneo». La huella genética más común en los británicos lleva la marca de aquellos migradores; a continuación, las más extendidas son las de tribus escandinavas. Esto significa que, al contrario de lo que se pensaba, el origen de los celtas británicos no se halla en Europa central, sino en el noroeste de la península Ibérica.

Os ingleses comparten un **importante compoñente celta**, a pesares de que mantiveron a súa orixe saxón con raíces xermánicas, que os diferenciaba de escoceses e irlandeses. Gran parte da poboación do Reino Unido descende directamente dun grupo de pescadores ibéricos que viaxou por mar ata as illas Británicas fai aproximadamente 6.000 anos

Stephen Oppenheimer

The origins of the British

os pobos británicos proceden dunha poboación situada na costa cantábrica do norte de Iberia (Orixe vasca)



THE INDEPENDENT UK

FILM FORUM
Our readers discuss 'Watchmen'

The DNA Ancestry Project
Discover Your Ancestry with DNA. Find Ethnic and Geographic Origins.
www.DNAAncestryProject.com

3130 Dna Analyzer
Flexible system; many appli
Only one polymer, one array
AppliedBiosystems.com

News Opinion Environment Sport Life & Style Arts & Entertainment Travel
UK World White House Business People Science Media Education Obituaries

Home > News > UK > This Britain

Celts descended from Spanish fishermen, study finds

By Guy Adams

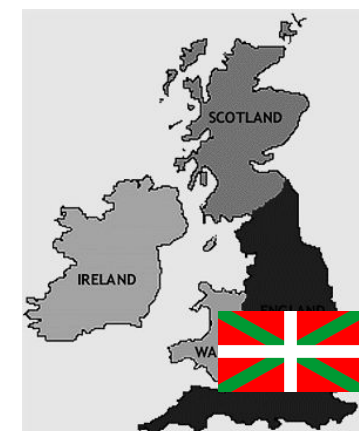
Wednesday, 20 September 2006

Don't tell the locals, but the hordes of British holidaymakers who visited Spain this summer were, in fact, returning to their ancestral home.

A team from Oxford University has discovered that the Celts, Britain's indigenous people, are descended from a tribe of Iberian fishermen who crossed the Bay of Biscay 6,000 years ago. DNA analysis reveals they have an almost identical genetic "fingerprint" to the inhabitants of coastal regions of Spain, whose own ancestors migrated north between 4,000 and 5,000BC.

The discovery, by Bryan Sykes, professor of human genetics at Oxford University, will herald a change in scientific understanding of Britishness.

People of Celtic ancestry were thought to have descended from tribes of central Europe. Professor Sykes, who is soon to publish the first DNA map of the British Isles, said: "About 6,000 years ago Iberians developed ocean-going boats that enabled them to push up the Channel. Before they arrived, there were some human inhabitants of Britain but only a few thousand in number. These people were later subsumed into a larger Celtic tribe... The majority of people in the British Isles are actually descended from the Spanish."



nin Anglosaxóns nin Celtas puideron ter moito impacto na xenética dos habitantes das illas Británicas. O ancestro Británico pode na súa maioría ser reconstruído a partires de ancestros similares aos Vascos actuais

Bryan Sykes e S. Oppenheimer

de acordo cos estudos xenéticos, a maioría dos británicos proceden de poboacións ancestrais da **península Ibérica** coma resultado de diferentes migracións que tiveron lugar durante o Mesolítico e Neolítico, os cales puxeron os cimentos das actuais poboacións das illas Británicas, indicando unha **relación antiga coa Europa atlántica**.

ARTICLE

The place of the Basques in the European Y-chromosome diversity landscape

Santos Alonso^{*1}, Carlos Flores², Vicente Cabrera³, Antonio Alonso⁴, Pablo Cristina Albarrán⁴, Neskuts Izagirre¹, Concepción de la Rúa¹ and Oscar Ga

¹Dpto. Genética, Antropología Física y Fisiología Animal, Fac. Ciencia y Tecnología, UPV/EHU, 48940, Leioa, Bizkaia, Spain; ²Unidad de Investigación, Hospital Univ. N.S. de Candelaria, Ten; ³Dpto. de Genética, Fac. de Biología, Univ. de La Laguna, Tenerife 38271, Spain; ⁴Instituto Nac y Ciencias Forenses, Sección de Biología, Luis Cabrera 9, 28002 Madrid, Spain; ⁵Área de Lab. E Mendotxe Bidea 18, 48950, Erandio, Bizkaia, Spain

There is a trend to consider the gene pool of the Basques as a 'living fossil' of the earlier that colonized Europe. To investigate this assumption, we have typed 45 binary marker tandem repeat loci of the Y chromosome in a set of 168 male Basques. Results on the haplotypes were analyzed in the context of matching data belonging to approximately from over 20 European, Near East and North African populations, which were compiled. Our results place the low Y-chromosome diversity of Basques within the European diversity. low diversity seems to be the result of a lower effective population size maintained through At least some lineages of Y chromosome in modern Basques originated and have been pre-Neolithic times. However, the strong genetic drift experienced by the Basques does consider Basques either the only or the best representatives of the ancestral European groups to previous suggestions, we do not observe any particular link between Basques and beyond that provided by the Paleolithic ancestry common to European populations, not supporting Basques as the focus of major population expansions.
European Journal of Human Genetics (2005) 13, 1293–1302. doi:10.1038/sj.ejhg.5201482; published online 10 August 2005

Current Biology, Vol. 13, 979–984, May 27, 2003, ©2003 Elsevier Science Ltd. All rights reserved. DOI 10.1016/S0969-9822(03)00373-7

A Y Chromosome Census of the British Isles

Cristian Capelli,^{1,4} Nicola Redhead,¹ Julia K. Abemethy,¹ Fiona Gratrix,¹ James F. Wilson,¹ Toralf Moen,² Tor Hervig,⁴ Martin Richards,⁵ Michael P.H. Stumpf,⁶ Peter A. Underhill,⁴ Paul Bradshaw,⁷ Alom Shaha,⁷ Mark G. Thomas,^{1,2} Neal Bradman,^{1,2} and David B. Goldstein¹
¹Department of Biology
²The Centre for Genetic Anthropology
University College London, UK
Gower Street
London WC1E 6BT
United Kingdom
³Trondheim University Hospital
N-7006 Trondheim
Norway
⁴Haukeland University Hospital Blood Bank
N-5021 Haukeland
Denmark
⁵Department of Chemical and Biological Sciences
University of Huddersfield
Huddersfield HD1 3DH
United Kingdom
⁶Department of Genetics
Stanford University
Stanford, California 94305-5120
⁷BBC Archaeology
London
United Kingdom
⁸Istituto di Medicina Legale
Università Cattolica di Roma
Roma I-00168
Italy

[6]. More recently, Weale et al. [7] argued for substantial Anglo-Saxon male migration into central England based on the analysis of eight British sample sets collected on an east-west transect across England and Wales. To provide a more complete assessment of the paternal genetic history of the British Isles, we have compared the Y chromosome composition of multiple geographically distant British sample sets with collections from Norway (two sites), Denmark, and Germany and with collections from central Ireland, representing, respectively, the putative invading and the indigenous populations. By analyzing 1772 Y chromosomes from 25 predominantly small urban locations, we found that different parts of the British Isles have sharply different paternal histories; the degree of population replacement and genetic continuity shows systematic variation across the sampled areas.

Results and Discussion

To represent the indigenous population of the British Isles, we have selected a site in central Ireland that has had no known history of contact with Anglo-Saxon or Viking invaders (Castlereagh, see Figure 1). Given the demonstrated similarity of Celtic and Basque Y chromosomes [4, 5] ($p = 0.6$, using haplogroups), these sample sets were combined [8, 9] to provide a representation of the Y chromosomes of the indigenous population of the British Isles. Norwegian invaders were represented by two sites in western Norway (Bergen and Trondheim). Danes were represented by a general Danish collection, and Anglo-Saxons were represented by samples from their historical homeland in East Angles, Norfolk, North

Outros estudos en desacordo

Capelli et al., 2003: o invasor xermánico aportou a Inglaterra cantidades entre 24.47% e 57.52% da liña ancestral masculina do pool xenético británico.

Santos Alonso et al., 2005 non observaron ningunha relación entre vascos e poboación celta máis aló da proporcionada polo ancestro paleolítico común ás poboacións europeas.

Linguas e pobos na Europa prehistórica: xenética e lingüística

Francisco Villar Liébana (Universidad de Salamanca)

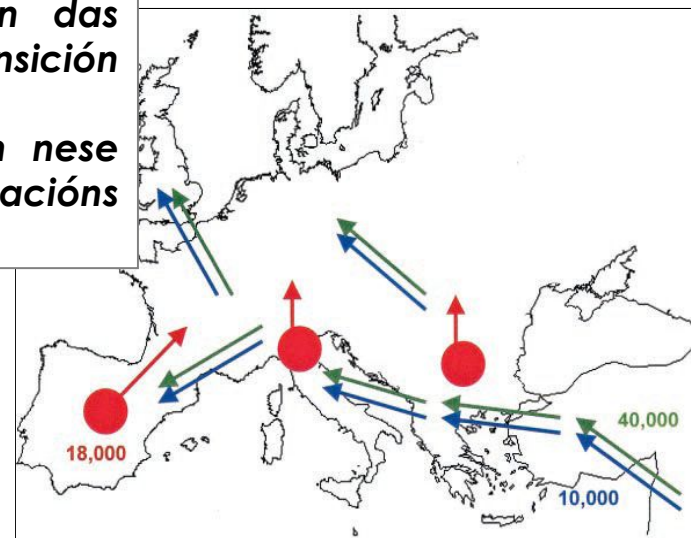
o repoboamento de Europa despois do Dryas Recente (12,700 aap) produciuse dende os refuxios climáticos existentes, principalmente: península Ibérica e sul de Francia, península Balcánica e Ucraia

Ignórase a filiación étnico-lingüística destas poboacións que repoboaron Europa tralo Dryas Recente e se houbo continuidade daquelas linguas no Neolítico

~15% dos xenes da Europa contemporánea proceden das poboacións que se introduciron no continente durante a transición ao Neolítico.

Non se sabe cales foron as linguas que se estenderon nese momento e cal era a filiación étnico-lingüística das poboacións que levaron a agricultura a Europa

continuidade das linguas neolíticas na idade do Bronce?



Calquera que fora a filiación das linguas faladas na Europa e Asia suroccidental durante o Neolítico, tiveron que deixar a súa pegada na toponimia

Establecer criterios obxetivos para determinar a identidade étnico lingüística dos agricultores neolíticos e das poboacións mesolíticas

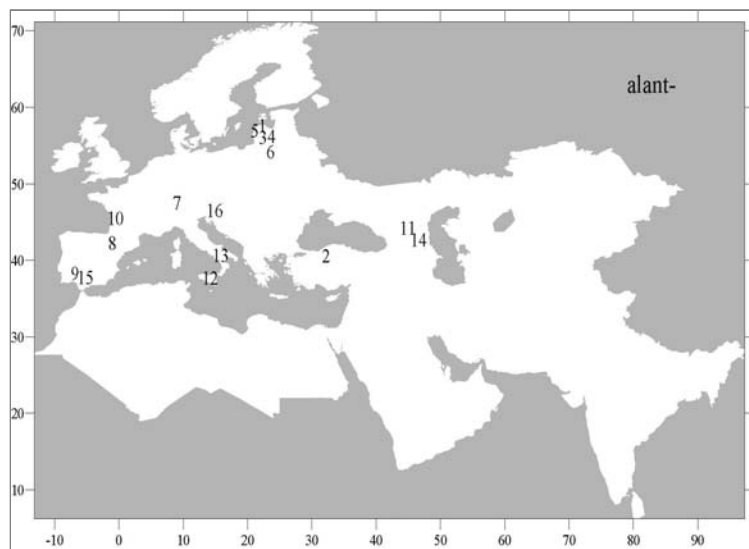
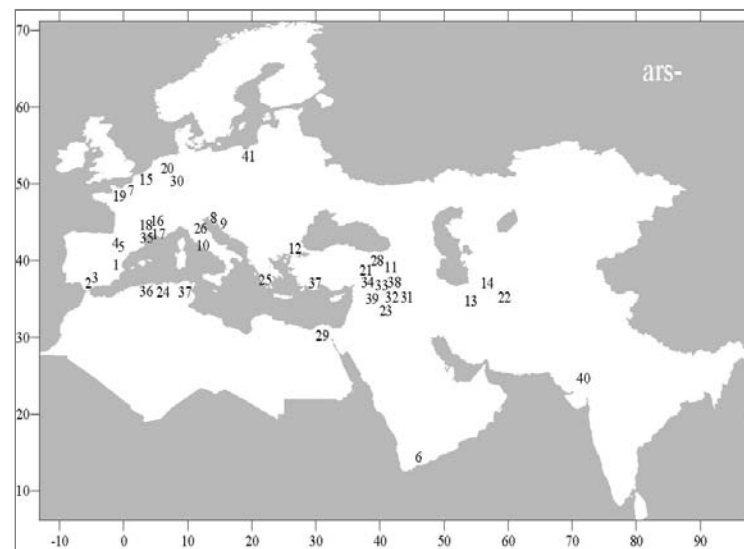
A lingüística histórico-comparativa carece de recursos para establecer cronoloxías absolutas. A xenética utilizou métodos indirectos de datación baseándose na similaridade dos gradientes observados cos gradientes que explicaban a expansión da agricultura

Utilizar a correlación por unha parte entre **datos xenéticos** de distribucións de haplogupos con datos de distribución de **topónimos antigos** de Europa e Asia suroccidental, para datar estes últimos, e por outra, a correlación con manifestacións culturais que procedan da **arqueoloxía prehistórica**.

selección de 14 raíces que xeneraban topónimos en Europa (todos os exemplos que existían en fontes antigas).

Mapa de distribución dos nomes

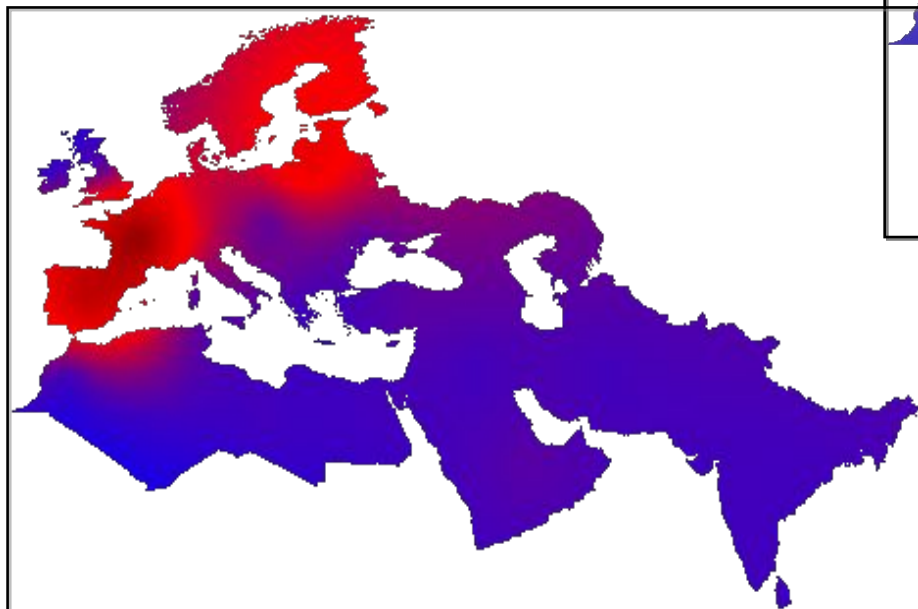
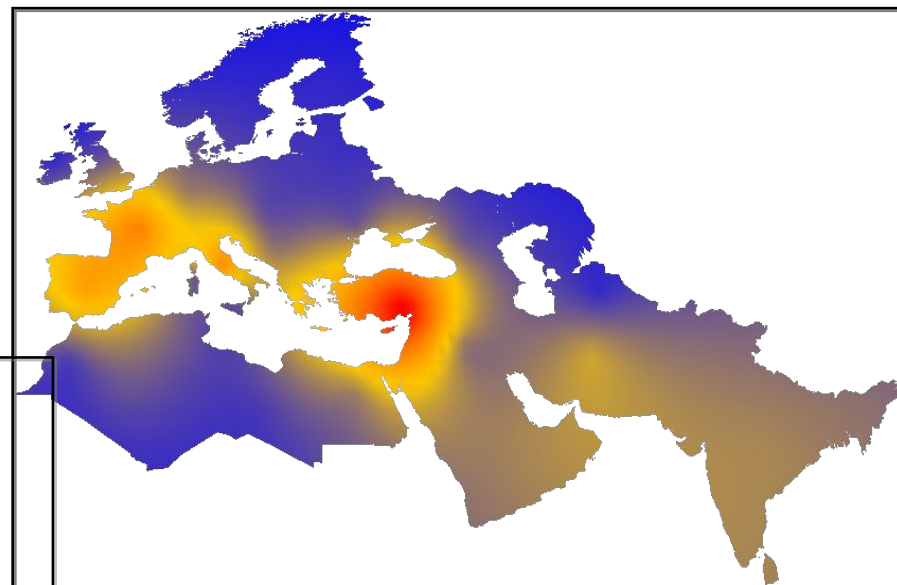
Tratamento estadístico os patróns distribucionais usando o método kriging.



os datos se agrupaban de acordo a dous patróns distribucionais

Patrón distribucional 1 (DP1)

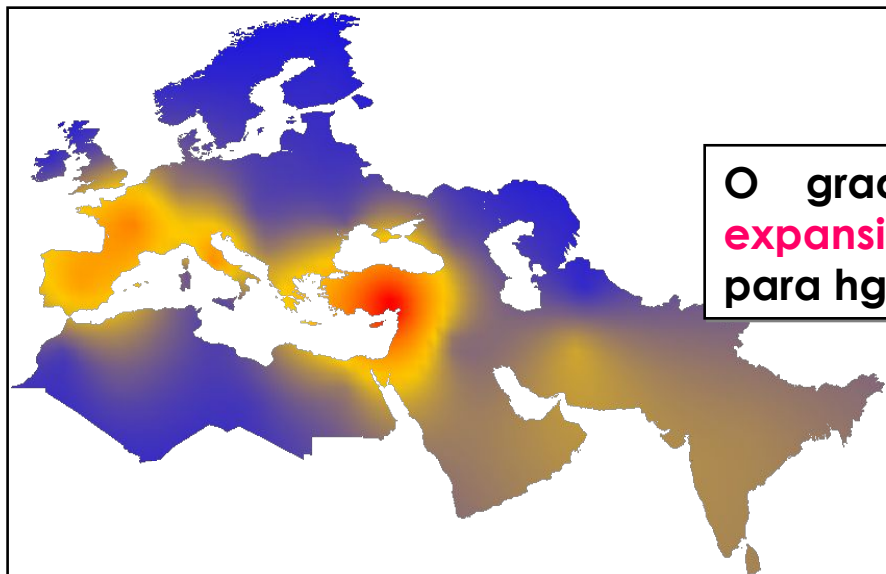
Maior densidade e maior variedade
atrópase no OP



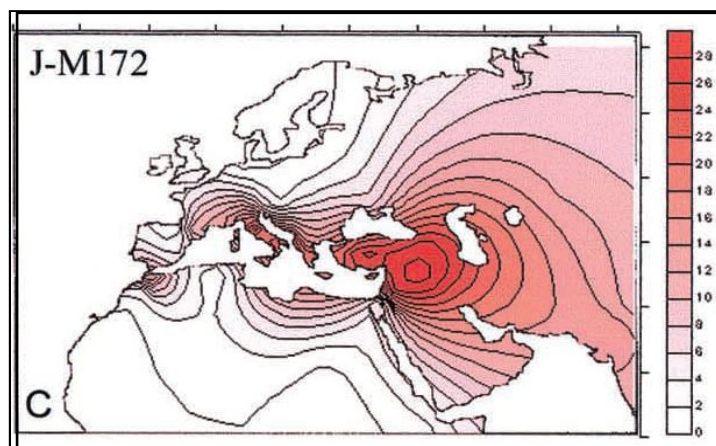
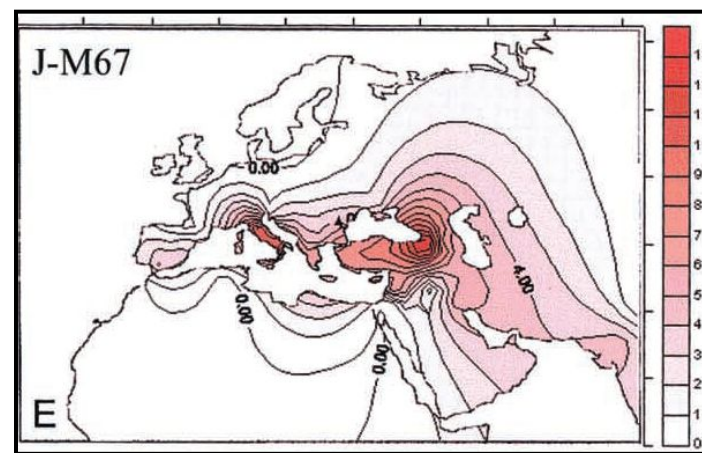
Patrón distribucional 2 (DP2)

Maior densidade no suroeste de
Europa, pen. Ibérica e Francia, sendo
moi escasos no oeste de Asia, e
ausentes cara ao leste

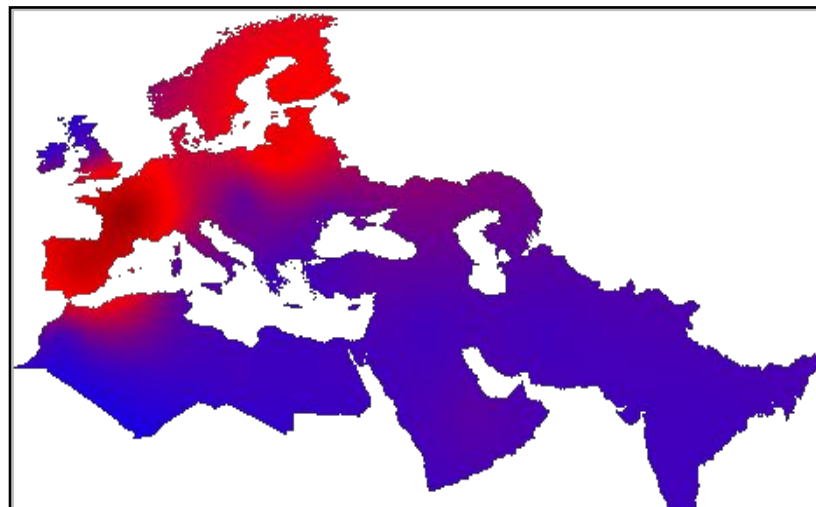
O punto de partida para a xente que falaba linguas a partires das cales xurdiron as diferentes variedades foi OP para o DP1 e o suroeste de Europa para o DP2



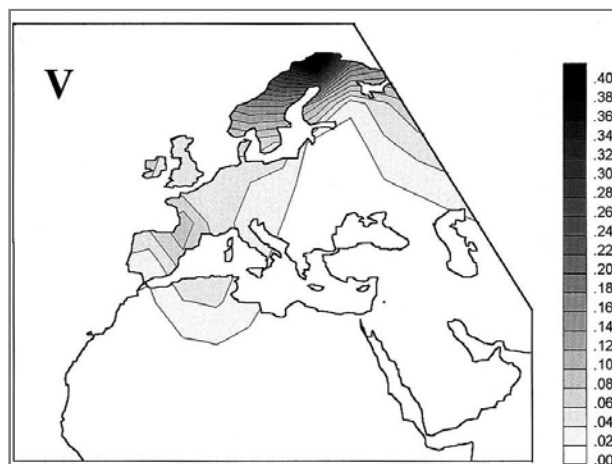
O gradiente do DP1 parece coincidir coa **expansión neolítica**, cos gradientes observados para hgs do Y (con Semino et al. 2004)



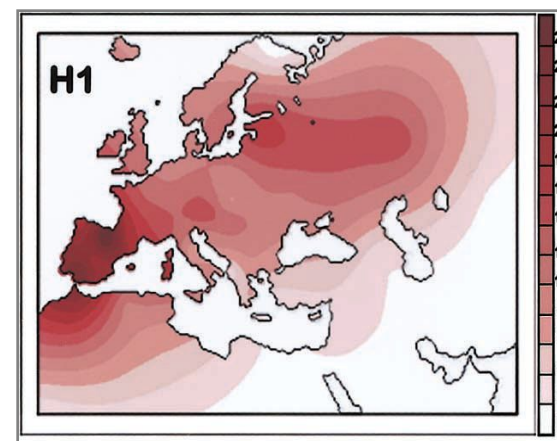
O. Semino et al., 2004



Os gradientes do DP2 parecían estar dacordo cos observados para algúns hgs de mtDNA e Y, que podían ser asociados coa **repopoación de Europa despois do Dryas recente** cunha lingua ou linguas que crearon os grupos toponímicos que se agrupaban no DP2



A. Torroni et alii 2001



(A. Achilli et al. 2004)



Conexión entre o pool xenético de Europa e a familia lingüística indoeuropea

Parece que a familia indoeuropea tivo a súa orixe no mesmo sitio de onde partiu a expansión dos xenes.

Datos en análise para obter un soporte estadístico o suficientemente fiable que apoie os argumentos concluídos.



Os feitos mostrannos que os pobos son o resultado da súa propia historia, foron construindose a si mesmos nun proceso que non ten fin; os seus sinais de identidade poden renovarse, alterarse ou desaparecer. O proceso é extraordinariamente complexo; non só conta o obxectivo, real-práctico, senón tamén a consciencia e a convicción.

E é que aos pobos os fai a historia e os xenes son cousa da bioloxía.

(Xerardo Pereira e Angel Carracedo, “Xenetica e historia no noroeste peninsular”, 2005)

***Graciñas a todos...
e tamén a***

Eva Ramos-Luis

**Grupo de Medicina Xenómica
Instituto de Medicina Legal**



(paula.sanchez@usc.es)

