

Método de ADN antiguo afina las pretéritas migraciones europeas

Investigadores perfilaron el mapa en el periodo del año 1 al 1000, con dos corrientes desde Escandinavia a Europa. La metodología se describe en la revista Nature.

Agencia EFE

Un equipo científico ha afinado las oleadas migratorias que atravesaron Europa durante el primer milenio gracias a un método más preciso de análisis de ADN antiguo que permite reconstruir las ascendencias genéticas a lo largo del tiempo y comparar grupos genéticamente muy similares.

Para perfilar este mapa de migraciones, los investigadores del Instituto británico Francis Crick aplicaron esta técnica de análisis de datos denominada Twigstats a 1.556 genomas antiguos de Europa.

Observar los cambios en el ADN sirve para hacerse una idea de cómo las personas se desplazaban por el mundo, pero resulta mucho más difícil cuando los grupos de individuos son genéticamente muy similares.

Gracias a este nuevo método, los investigadores pudieron medir con mayor precisión las diferencias entre estos grupos genética-



INVESTIGACIÓN ABARCÓ DESDE LA EDAD DEL HIERRO, EL IMPERIO ROMANO Y LA ALTA EDAD MEDIA.

mente semejantes, revelando detalles "hasta ahora desconocidos" de las migraciones europeas.

El método, que se describe en la revista Nature, se

aplicó a genomas de personas que vivieron principalmente durante el primer milenio de la era común (del año 1 al 1000), abarcando parte de la Edad de Hierro,

la caída del Imperio Romano, el período migratorio de la Alta Edad Media y la Era Vikinga.

El análisis reveló que durante la primera mitad del

primer milenio de nuestra era, hubo al menos dos corrientes diferentes de ascendencia relacionada con Escandinavia que se expanden por Europa occidental, central y oriental.

Sin embargo, durante la segunda mitad del milenio parece haberse producido una desaparición regional de esta genealogía y una mezcla sustancial con otras ascendencias.

Los autores también señalan que hacia el año 800 una gran proporción de individuos de la Edad Vikinga portaban ascendencia genética de grupos de Europa central, lo que no se observó durante los primeros años de la Edad del Hierro.

"Nuestros hallazgos sugieren que el análisis de ascendencia estratificada en el tiempo puede proporcionar una lente de mayor resolución para la historia genética", escriben los autores en su artículo.

Leo Speidel, antes en el Crick y ahora jefe de grupo en el centro Riken (Japón), señala que Twigstats permite ver lo que antes no se podía, en este caso las mi-

graciones a través de Europa que se originaron en el norte del continente en la Edad de Hierro y luego regresaron a Escandinavia antes de la Era Vikinga.

"Nuestro nuevo método puede aplicarse a otras poblaciones del mundo y, con suerte, revelar más piezas del rompecabezas",

Cuanto más mutaciones genéticas (diferencias en nuestro ADN) se comparte con otra persona, más cercano tenderá a ser el parentesco. Esto se debe a que se hereda el ADN a través de los antepasados, por lo que se heredan las mismas mutaciones que ellos también portaban, explica un comunicado del Crick.

"Nuestro ADN es, por tanto, una representación de los 'árboles genealógicos' genéticos que nos conectan a todos".

En los últimos años, los científicos han encontrado formas de reconstruir estos árboles genealógicos genéticos observando cómo se comparten las mutaciones entre personas, conectando el ADN actual con el de los pueblos antiguos. ✪