



GENÉTICA DE POBLACIONES

La historia de los gitanos europeos

El estudio de su genoma indica que migraron a Europa desde la India hace unos 1500 años

Los más de diez millones de gitanos que viven en Europa constituyen la mayor minoría étnica del continente. Sin embargo, la historia del pueblo gitano, también denominado romaní, es una de las más desconocidas debido a la inexistencia de una tradición oral o escrita sobre su origen y dispersión.

Las similitudes lingüísticas entre el idioma romaní y las lenguas indoeuropeas del subcontinente indio, así como los rasgos antropológicos compartidos (nomadismo y estructura social, entre otros) apuntan a un posible origen de los gitanos en el sur del continente asiático. No obstante, la historia cultural y genética de un pueblo no son necesariamente concordantes, ya que las culturas (lenguas o costumbres) pueden transmitirse sin necesidad de que lo hagan los genes. La genética, por tanto, entraña el potencial de aportar una visión complementaria y única sobre el origen del pueblo gitano.

Mar cadores genéticos
 Todos los humanos derivamos de una población ancestral originada en África hace unos doscientos mil años. Pese a este origen reciente como especie, el genoma de cada uno de nosotros contiene millones de variantes genéticas acumuladas durante miles de generaciones.

Dado que la mayoría de estas mutaciones son neutras (su destino no se halla gobernado por la selección natural), se van acumulando en el genoma con el paso del tiempo. En consecuencia, la cantidad de diferencias genéticas entre personas de dos grupos humanos permite cuantificar el tiempo transcurrido desde que estos se separaron. Mediante la aplicación de este principio básico de la genética de poblaciones, el estudio de nuestro ADN permite investigar las separaciones, dispersiones y

mezclas que han modelado la diversidad genética de los grupos humanos actuales.

En los últimos veinte años, el análisis genético para esclarecer procesos demográficos se ha basado, sobre todo, en el estudio de marcadores uniparentales: variaciones en el genoma que se heredan exclusivamente de los ancestros maternos (ADN mitocondrial) o paternos (cromosoma Y). A pesar de que estos cromosomas representan menos del dos por ciento de nuestro genoma, ambos resultan extraordinariamente útiles para determinar procesos migratorios. Ello se debe a que dichas secuencias de ADN uniparental (linajes) se han transmitido enteras desde nuestros ancestros hasta la actualidad, escapando a la mezcla del material genético de los dos progenitores (recombinación) que sufren el resto de los cromosomas en cada generación. Además, dado que la distribución geográfica de los linajes se confina a regiones continentales, determinar el origen geográfico de un linaje resulta metodológicamente sencillo.

En el caso de los gitanos europeos, el análisis de los marcadores uniparentales muestra una mezcla de linajes genéticos típicamente europeos y linajes que se encuentran exclusivamente en el subcontinente indio. Ello sugiere un origen indio de los gitanos y una reciente mezcla

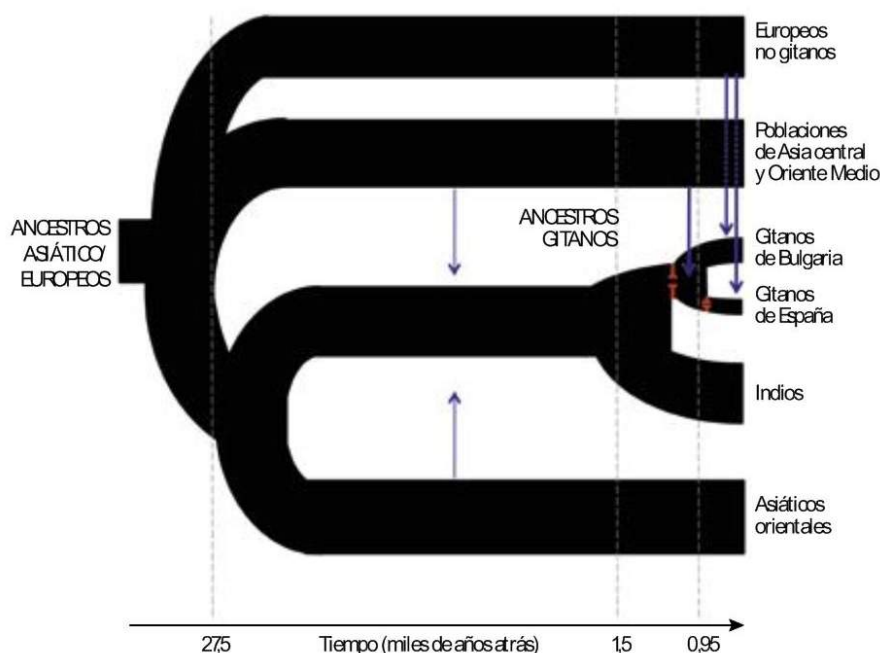


LOS GITANOS migraron del subcontinente indio a Europa hace unos 1500 años (rojo). Tras una rápida travesía por Oriente Próximo, en la que se produjo un escaso intercambio genético con las poblaciones autóctonas que encontraban en el camino, se asentaron en los Balcanes (verde). Empezó entonces, hace unos 900 años, la fragmentación que dio lugar a la diversidad de grupos actual.

CORTESÍA DE LOS AUTORES



Panorama



ÁRBOL QUE RECONSTRUYE

la historia demográfica de los gitanos europeos. El ancho de las ramas es proporcional al tamaño de la población. Las líneas rojas corresponden a cuellos de botella. El ancho de las flechas azules indica la tasa de migración.

con europeos no gitanos. Además, tanto el cromosoma Y como el ADN mitocondrial muestran una reducida diversidad genética, lo que sugiere que los romaníes tienen un origen común en un grupo reducido de ancestros (presentan, por tanto, un «efecto fundador»).

Sin embargo, el análisis de los cromosomas uniparentales está limitado por la alta aleatoriedad de los procesos demográficos. Para obtener conclusiones más detalladas y robustas, es necesario estudiar un número elevado de marcadores genéticos. La revolución técnica que el campo de la genómica ha experimentado durante los últimos años permite hoy

el escaneo sistemático del genoma de un gran número de individuos.

Análisis refinados

El análisis de casi un millón de variantes genéticas en individuos romaníes y su comparación con otras poblaciones contemporáneas de Europa y Asia ha permitido refinar los resultados anteriores y establecer así los parámetros demográficos que han modelado los genomas gitanos. Los resultados de este barrido, obtenidos gracias a la colaboración de 18 centros de investigación y universidades, y publicados en diciembre de 2012 en *Current Biology*, sitúan el origen de los gitanos

europeos en el noroeste de la India, en el límite fronterizo con Pakistán: desde allí, un reducido número de individuos abandonó la región hace unos 1500 años y se desplazó hacia el oeste del continente eurasiático.

La salida de la población proto-romaní del subcontinente indio supuso una drástica reducción (alrededor del 50 por ciento) de la diversidad genética parental de la India. Tras una rápida travesía por Oriente Próximo, con escaso intercambio genético con las poblaciones autóctonas que encontraron en el camino, este grupo se asentó en los Balcanes. Fue entonces, hace unos 900 años, cuando empezó la fragmentación que dio lugar a la diversidad actual de grupos. Aunque la mayoría de estos se estableció en los países balcánicos, unos pocos migraron hacia el resto del continente europeo. La dispersión tuvo lugar mediante eventos sucesivos de colonización que dieron lugar a efectos fundadores adicionales; estos llegaron a suponer una pérdida de diversidad de hasta un 30 por ciento desde los Balcanes hasta los extremos de la ruta migratoria.

La genética permite trazar la ruta de migración seguida por los gitanos durante su dispersión, ya que las distancias genéticas entre los grupos gitanos actuales muestran una coincidencia casi perfecta con las fechas documentadas que testimonian la llegada de los gitanos a los diferentes países europeos (entre los siglos XIV y XV).

La comparación de los genomas de los grupos gitanos revela diferencias en el comportamiento de estos en cuanto a su relación social con las poblaciones no gitanas. Mientras que los de los Balcanes muestran poca mezcla genética con poblaciones «payas» (un 7,5 por ciento de su genoma es de origen europeo), los grupos más distantes, como los de la península Ibérica o los países bálticos, son los que han recibido más influencia genética de las poblaciones vecinas (alrededor de un 15 por ciento). Curiosamente, los fragmentos cromosómicos no gitanos incorporados en los grupos gitanos de los



GRUPO DE GITANOS en su tradicional peregrinación a Santas Marías de la Mar, en la Camarga francesa.



Balcanes son de mayor longitud, lo que indica una mezcla más reciente con poblaciones «payas» (tras la mezcla entre dos poblaciones, los trozos cromosómicos incorporados son muy largos; con el tiempo, estos se van acortando por la acción de la recombinación). Este hallazgo podría reflejar cambios recientes en las normas sociales de los gitanos balcánicos, tales como la aceptación de matrimonios mixtos y la incorporación de su descendencia en la población romaní.

Los datos genéticos obtenidos hasta el momento arrojan luz sobre la historia poblacional de los gitanos europeos y permiten refinar las hipótesis planteadas desde otras disciplinas como la lingüística o la antropología. Algunas pregun-

tas como el porqué del éxodo del pueblo proto-romaní de la India seguirán siendo un misterio. Sin embargo, la genética de poblaciones tiene el potencial de desvelar algunas cuestiones pendientes sobre la historia del pueblo romaní, como su relación con grupos nómadas del Oriente Próximo o el grado de flujo genético de las poblaciones gitanas hacia las payas. En plena revolución tecnológica en la secuenciación del ADN, la genómica podrá resolver estas y otras cuestiones sobre el pasado de esta importante fracción de la población europea.

—*Isabel Mendizabal y David Comas*
Instituto de Biología Evolutiva
CSIC-Universidad Pompeu Fabra