

La genética y la Edad de Bronce en la Península Ibérica

Vicente Trigo Aranda



Revista Digital de ACTA
2021

Publicación patrocinada por



ACTA representa en CEDRO los intereses de los autores científico-técnicos y académicos. Ser socio de ACTA es gratuito.

Solicite su adhesión en acta@acta.es

La genética y la Edad de Bronce en la Península Ibérica

© 2021, **Vicente Trigo Aranda**

© 2021,  ACTA

Cualquier forma de reproducción, distribución, comunicación pública o transformación de esta obra solo puede ser realizada con la autorización de sus titulares, salvo excepción prevista por la ley.

Se autorizan los enlaces a este artículo.

ACTA no se hace responsable de las opiniones personales reflejadas en este artículo.

INTRODUCCIÓN

Dos de mis aficiones son la genética y la antropología, sobre todo porque combinadas ofrecen herramientas que permiten rastrear las etapas por las que ha pasado la evolución humana. En este sentido es lógico que me interesase el artículo que publicó la revista Science en marzo de 2019: *The genomic history of the Iberian Peninsula over the past 8000 years*, cuyo primer firmante era Íñigo Olalde, investigador de la Universidad de Harvard.



Figura 1. <https://science.sciencemag.org/content/363/6432/1230.full>

Unos meses antes, cuando se difundió un primer avance del artículo, la prensa lo recogió con unos titulares un tanto llamativos, por llamarlos de alguna manera. Por ejemplo, el 2 de octubre de 2018 pudimos leer *Una invasión borró del mapa a los hombres de la península Ibérica hace 4.500 años* (El País) o *Todos los hombres de la Península Ibérica fueron exterminados hace 4.500 años* (ABC), entre otros.

Después, una vez publicado el artículo, volvió a ser noticia en la prensa, si bien los titulares se suavizaron algo entonces. Así, por ejemplo, el 15 de marzo de 2019 los encabezamientos de los dos periódicos anteriores fueron *La misteriosa sustitución de todos los hombres de la península Ibérica* (El País) y *Los invasores que erradicaron a los hombres de la península Ibérica hace 4.000 años* (ABC).



Figura 2. El Confidencial, 28 de febrero de 2020.

¿Qué afirmaba realmente aquel artículo? ¿Qué grado de veracidad tenían los titulares anteriores? A esas, y otras muchas preguntas que surgirán más adelante, intentaré responder de un modo sencillo, sin meterme en cuestiones complicadas, aunque de antemano aviso que habrá unas cuantas respuestas del tipo "no se sabe".

Sin embargo, tampoco debe desanimarnos esa falta de concreción; esperable, por otra parte, porque se trata de una época en la que todavía no existía la escritura y los restos arqueológicos, siempre escasos, no siempre aportan una información libre de ambigüedades. En base a lo que sí se sabe de aquella época y a nuestro conocimiento del comportamiento humano, podemos hacer un ejercicio de deducción y plantear las hipótesis más probables que puedan explicar los hechos.

No obstante, antes de pasar a comentar los datos que aporta el artículo citado, es recomendable hacer un alto para aclarar algunos conceptos básicos de genética, porque no es cuestión de que nos confunda la terminología técnica que aparece en el artículo (y en otros a los que también aludiré) ... pero, nada de asustarse, mis explicaciones serán en plan sencillo.

GENÉTICA BÁSICA

Comencemos con las definiciones más elementales:

El ADN (ácido desoxirribonucleico) almacena en forma de doble hélice las instrucciones genéticas que determinan las características de un organismo. Podría extenderme hablando de las cuatro bases nitrogenadas [adenina (A), timina (T), citosina (C) y guanina (G)], pero todo eso, aunque interesante, ahora podemos dejarlo de lado.

Por su parte, un gen es una sección de ADN que guarda información que se transmite a la descendencia, como el color de los ojos, la pigmentación de la piel, etc.; y, como bien sabemos, heredamos la mitad de los genes de nuestra madre y la otra mitad de nuestro padre.

En cuanto a los cromosomas, se encuentran en el núcleo de la célula y están formados por proteínas combinadas con ADN, pudiendo contener centenares o miles de genes. Controlan las actividades de la célula y se encargan de su replicación, creación de células hijas, etc.

Cada especie animal suele tener un número de constante de cromosomas que, en el caso del ser humano, son 46. Hay otros animales que tienen menos (la mosca de la fruta 8 y el gato 38) y otros más (el caballo 64 y el perro 78); así que, como se suele decir, lo importante no es la cantidad, sino la calidad.

Como los cromosomas van emparejados, normalmente cada célula del cuerpo humano tiene 23 pares de cromosomas. Los veintidós primeros pares son comunes a hombres y mujeres, pero el último par de cromosomas (el ligado al sexo) tiene dos alternativas: X e Y.

Ya que las mujeres poseen dos cromosomas X y los hombres un cromosoma X y otro Y, cuando una pareja engendra descendencia, la madre le aporta necesariamente uno de sus cromosomas X; sin embargo, el padre puede contribuir con un cromosoma X o con un Y. Por tanto, el bebé que nazca será niña o niño (cromosómicamente hablando) según sea el aportado por el padre.

¿Cuántos genes hay en un cromosoma? Pues la respuesta, como tantas otras que surgirán a lo largo del artículo, es "no se sabe"; al menos por el momento, todo son estimaciones. De todas formas, para hacernos una idea, podemos tomar como referencia los valores que da el Instituto Sanger: el cromosoma 1 tiene sobre los dos mil genes, el X unos 800... y el Y en torno a los 50.

Y tampoco debe extrañarnos mucho lo de las estimaciones, porque la genética es uno de esos campos donde se están descubriendo cosas nuevas cada día.

Por ejemplo, en la web del Instituto Sanger, cuya dirección indico debajo, podemos leer: *Se pensaba que estos genes específicos de Y contenían la información genética precisa para las características sexuales masculinas, pero se ignoraba que tuvieran otras funciones... Nuestros resultados indican que el gen UTY del cromosoma Y protege contra el desarrollo de leucemia mieloide aguda y otros cánceres.*

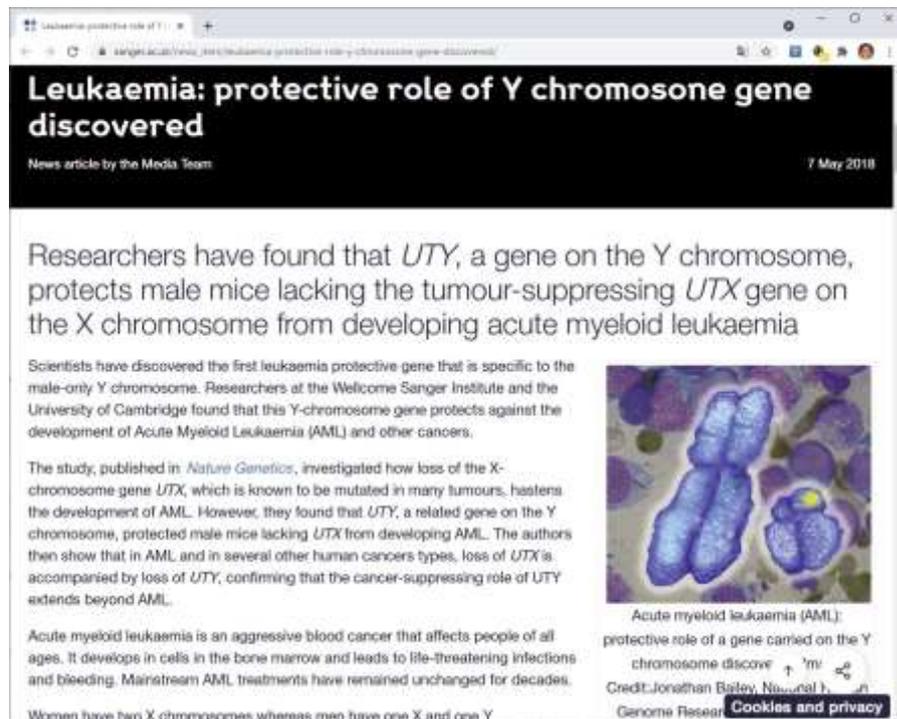


Figura 3. https://www.sanger.ac.uk/news_item/leukaemia-protective-role-y-chromosome-gene-discovered/

Lo que nos debe quedar claro ahora es que el cromosoma Y pasa intacto de padres a hijos, salvo cuando se producen mutaciones. En este caso, los marcadores genéticos resultan un excelente instrumento para seguir el rastro hacia atrás de la ascendencia paterna, ya que los hombres que tienen un marcador genético idéntico compartirán un ancestro común.

¿Y qué sucede con las mujeres? ¿No es posible rastrear su ascendencia ancestral? Sí, pero no mediante el cromosoma Y, evidentemente. Para averiguar más cosas sobre nuestra ascendencia materna, acudimos a las mitocondrias.

¿Y qué son las mitocondrias? Pues, en lenguaje coloquial, diríamos que son las centrales energéticas de las células... Según la teoría endosimbiótica, hace unos 1.500 millones de años una célula que obtenía energía del oxígeno fue fagocitada por otra primitiva y se produjo una simbiosis permanente entre las dos. La primera aportaba energía y la segunda alojamiento y comida y, con el transcurso del tiempo, esa simbiosis acabó dando lugar a las mitocondrias. En resumen, podría decirse que las mitocondrias son restos de antiquísimas bacterias parásitas.

El ADN mitocondrial (el ubicado en las mitocondrias) se organiza en círculo, no en forma de doble hélice, posiblemente porque desciende de bacterias cuyo genoma tenía esa forma. En los seres humanos consta de 16.569 pares de bases, que codifican 37 genes.

Lo interesante, a la hora de rastrear nuestra ascendencia materna es que, en la fecundación del óvulo, solo interviene el núcleo del espermatozoide, que no conserva las mitocondrias masculinas y, por tanto, esa información no se transmite a la descendencia. En otras palabras, el ADN mitocondrial se transmite intacto de madres a hijas, salvo que se produzca alguna mutación.

MUTACIONES Y LINAJES PATERNOS

¿Y qué es una mutación? Pues una simple errata a la hora de transcribir un texto, en este caso el código de instrucciones que contiene el ADN.

Una mutación puede ocurrir de forma espontánea (conforme envejecemos, nuestros controles de replicación van siendo menos efectivos), ser causada por agentes externos (radiación, exposición a sustancias químicas, etc.) e, incluso, por la dieta (nutrigenómica).

Si la mutación afecta a las células reproductivas, la descendencia también la heredará y eso permite rastrear su origen, para averiguar cuándo y dónde ocurrió por primera vez ese marcador. ¿Y cada cuánto se produce una mutación? Pues la respuesta no está clara, solo podemos hacer estimaciones.

Por lo que respecta a las mutaciones que se transmiten a la descendencia, se considera que el ADN mitocondrial sufre una cada 8.000 años y el ADN del cromosoma Y cada 10 años. A modo de ejemplo, en la siguiente figura se muestran las mutaciones descubiertas por *The Genographic Project* en mis linajes materno (arriba) y paterno (debajo).

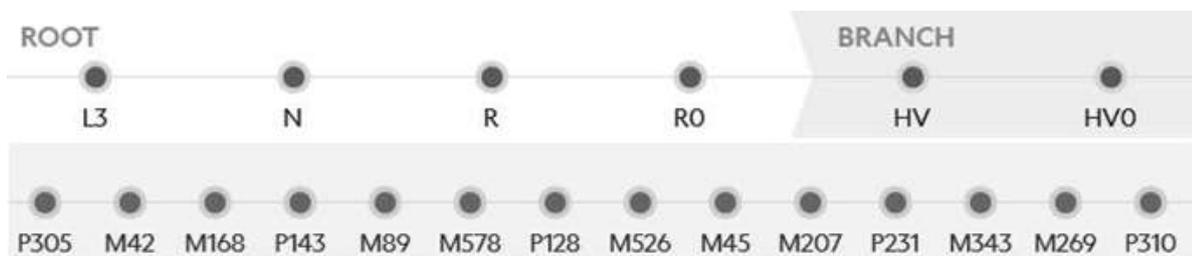


Figura 4. Mutaciones en mis linajes ancestrales.

¿Y a qué se debe esa enorme diferencia entre el número de mutaciones del ADN mitocondrial y el ADN del cromosoma Y?

En principio debemos tener en cuenta que se trata de dos tipos diferentes de ADN, por lo que no resulta extraño que sus resistencias a las mutaciones sean distintas. También es posible que influya el hecho de que las mujeres nacen con una reserva de ovocitos y ya no vuelven a crear más; en cambio, los hombres producimos millones de nuevos espermatozoides continuamente, aumentando así la probabilidad de mutaciones.

Ahora quedémonos con el cromosoma Y que, mediante el estudio de sus mutaciones, posibilita averiguar algo de lo que sucedió en aquellos cinco siglos en la península ibérica... y también lo que ocurrió muchísimo antes, porque nos permite rastrear la evolución de la humanidad, parte de la cual comento a continuación.

Nuestro primer ancestro común se cree que nació en África, entre 150.000 y 300.000 años atrás. Se ha detectado una mutación (P305) que surgió hace unos cien mil años; la inmensa mayoría de los hombres pertenecemos a ese haplogrupo, A1 (alrededor del uno por mil, no). Se detectó una mutación posterior (M42) hace unos ochenta mil años, dando origen a la rama BT.

Más interesante es la aparecida hace unos 70.000 años (M168, haplogrupo CT). Todos los hombres no africanos descendemos de ese hombre que podría haber vivido en el valle del Rift. Se trata de una de las primeras ramas en abandonar África y la única cuyo linaje paterno sobrevivió, por lo que a veces se denomina Adán euroasiático a aquel antepasado nuestro. Por cierto, se estima que en aquella época había unos diez mil homines sapiens en todo el planeta.

¿Por qué la gente de ese haplogrupo abandonó África? Seguramente lo hizo forzada por, como casi siempre, un cambio climático. Durante un tiempo la Edad de Hielo disminuyó de intensidad, el tiempo fue más cálido y regresaron las lluvias, de manera que los anteriores desiertos pasaron a ser sabanas y los animales siguieron los nuevos pastos que estaban creciendo... y los cazadores fueron tras ellos.

Es por aquel entonces cuando se supone que se produjo una mejora muy notable en la capacidad intelectual de los humanos modernos, permitiendo un lenguaje más rico y versátil, confeccionar herramientas y armas más eficaces, etc.

La siguiente mutación conocida (de las que nos interesan en este artículo) sucedió hace unos 60.000 años en el suroeste asiático (P143, haplogrupo CF), posiblemente en la península arábiga. Unos diez mil años más tarde (vuelvo a recalcar que las cifras son aproximadas, pero pueden servirnos de referencia), se produjo otra mutación (M89, haplogrupo F) se cree que en el subcontinente indio; más tarde derivó en dos ramas: M201 (haplogrupo G) y M578 (haplogrupo HIJK).

El clima cambió de nuevo y las sequías regresaron. Parte de la gente se quedó allí, otra se difundió por las estepas de Asia central y el resto se marchó hacia el oeste: Oriente Medio, Anatolia, Balcanes, etc.

Y ya doy por terminado este breve repaso a los linajes paternos, porque es a partir de entonces las ramas se separaron. Como se indica en el artículo *The genomic history of the Iberian Peninsula over the past 8000 years*, los linajes comunes en Iberia eran I2, G2, H (derivados de F); el otro linaje que se cita es R1b-M269 (en el cual me incluyo), que procede de K, luego de P y, finalmente, es una subrama del haplogrupo R.



Figura 5. Mi linaje paterno ancestral.

DATOS DEL ARTÍCULO

Lo primero que se necesita para cualquier análisis científico son datos, y en el artículo se indica con cuales se han contado:

- *Recopilamos datos de todo el genoma de 271 antiguos habitantes de Iberia, de los cuales 176 son del período mayormente no muestreado después del año 2000 a. C.*
- *Desde la Edad del Bronce (~2200–900 a. C.) aumentamos el conjunto de datos disponible de 7 a 60 individuos y mostramos cómo apareció la ascendencia de la estepa Pontic-Caspian ("ascendencia esteparia") en toda Iberia en este período, aunque con menos impacto en el sur.*

¿Y qué es eso de la estepa Pontic-Caspian (póntica en nuestro idioma)? Pues la estepa que se extiende del Mar Negro a la zona superior del Mar Caspio.



Figura 6. Estepa póntica (Wikipedia).

En el artículo se indica qué sucedió en Iberia, según los datos, cuando llegó esa población procedente de la estepa póntica:

La evidencia más temprana se encuentra en 14 individuos que datan de ~2500-2000 a. C. que coexistieron con personas locales sin ascendencia esteparia. Estos grupos vivían muy cerca y se mezclaron para formar la población de la Edad de Bronce después del año 2000 a. C. con ~40% de ascendencia de los grupos entrantes. La renovación del cromosoma Y fue aún más dramática, ya que los linajes comunes en Iberia (I2, G2, H) fueron reemplazados casi por completo por un linaje, R1b-M269 (mi haplogrupo y, probablemente, también el de sus ascendientes paternos).

Como sucede con la práctica totalidad de las publicaciones científicas, el artículo no se caracteriza por su legibilidad, por lo que averiguar el número de hombres analizados resulta complicado.

Los 271 antiguos habitantes cuyo ADN se estudió se distribuyen así: 4 mesolíticos, 44 neolíticos, 47 Edad de Cobre, 53 Edad de Bronce, 24 Edad de Hierro y 99 períodos históricos. Se especifica que 14 personas de ascendencia esteparia datan de ~2500-2000 a. C., por tanto, supongo que las 33 personas restantes son de ascendencia local. Sin embargo, salvo que contemos los datos en el gráfico, no sabemos cuántos hombres y mujeres había en cada uno de estos grupos, por no hablar de aquellos que se califican como indeterminados.

En cualquier caso, sí resulta evidente en la Fig.2 del artículo que todos los individuos previos a la llegada de los hombres esteparios (conocidos por yamnas) tenían como linaje paterno el anterior ibérico, que, como ya hemos visto, corresponde a los haplogrupos I2, G2, H del cromosoma Y.

Tras la irrupción yamna coexisten estos linajes masculinos y los de los esteparios durante unos quinientos años. En los años posteriores el haplogrupo de los invasores (R1b-M269) es el único que aparece, con una única excepción (aunque también es verdad que algunos casos están sin identificar). Como se afirma en el artículo: *los linajes ibéricos fueron reemplazados casi por completo por el linaje R1b-M269.*

En el resumen final del artículo se vuelve a recalcar que, tras cinco siglos, la carga genética del linaje masculino estepario se impuso casi totalmente en la Península Ibérica.

Revelamos contactos esporádicos entre Iberia y el norte de África en ~2500 a. C. y, en ~2000 a. C., el reemplazo del 40% de la ascendencia de Iberia y casi el 100% de sus cromosomas Y por personas con ascendencia esteparia.

Que sólo aparezca una excepción entre los individuos posteriores al año 2000 a. C. (un total de 176) no parece deberse simplemente al azar y seguramente la renovación del linaje masculino sucedió por algún motivo. ¿Qué ocurrió para que se tuviera lugar esa convulsión genética? La respuesta es "no se sabe".

Los investigadores, como es lógico, evitan plantear hipótesis que pudieran ser malinterpretadas y eluden el tema de qué pudo suceder para que se produjese una renovación casi total del cromosoma Y, limitándose a indicar: *Si bien el ADN antiguo puede documentar que ocurrió una mezcla sesgada por el sexo, se necesitarán investigaciones arqueológicas y antropológicas para comprender los procesos que la ocasionaron.*

A pesar de todo, siempre podemos hacer un ejercicio de deducción que tenga cierta lógica, si bien antes necesitamos conocer algo más sobre el pueblo Yamna.

EL PUEBLO YAMNA

La cultura Yamna se desarrolló en la estepa ucraniana, entre 3300-2600 a. C. Aunque se cree que practicaba algo de agricultura cerca de ríos y lagos, era predominantemente ganadera; de hecho, a veces a los Yamnas se les denomina los pastores esteparios.

¿Y qué animales constituían los rebaños de los Yamnas? El genetista Iosif Lazaridis afirma (enlace inferior) que *vivieron principalmente de la explotación de rebaños, sobre todo vacas, ovejas y caballos. Parece que la agricultura no desempeñó un papel importante en su economía.*

https://historia.nationalgeographic.com.es/a/las-lenguas-indoeuropeas-pudieron-llegar-a-europa-a-traves-estepas_9102

Según algunas fuentes, su composición genética parece indicar que el pueblo Yamna surgió de una mezcla de cazadores-recolectores de Europa del Este y otros del Cáucaso. En un interesante artículo publicado en *Nature* en 2015, por Wolfgang Haak, Iosif Lazaridis y David Reich, entre otros autores, se establece un origen algo distinto: *los Yamnas tienen ascendencia de poblaciones relacionadas con el Cáucaso y el sur de Asia.*



Figura 7. <https://www.nature.com/articles/nature14317>

Del análisis del ADN también se han averiguado algunas características físicas de la población Yamna: genéticamente alta, con mayoría de ojos marrones, cabello oscuro y con la piel algo más oscura que el promedio europeo moderno.

Parece ser que el pueblo Yamna se enfrentó a un cambio climático que ocasionó sequías durante varios siglos. ¿Cuántos?... "No se sabe", para variar, aunque hay varias teorías: unas dicen que el cambio duró entre 3500 y 3000 a. C.; otras que entre 3800 y 2800 a. C.

Tomando como referencia los valores medios actuales, sabemos que hace unos 5000 años la temperatura global fue medio grado más baja y el nivel del CO2 un tercio más bajo; por tanto, hacía más frío... y eso equivale a menos lluvia... y las sequías ocasionan hambrunas.

Como las estepas se volvieron más secas y frías, los Yamnas necesitaron trasladar sus rebaños en busca de pastos para alimentarlos. Fruto de la necesidad, aprendieron a domesticar el caballo y para facilitar sus traslados parece ser que inventaron el carro (debajo vemos uno de hace 4000 años encontrado en Armenia). Gracias a su gran movilidad, podían controlar grandes rebaños.



Figura 8. <http://www.armeniapast.com/discovering-armenia/>

También parece demostrado que los Yamnas desarrollaron la metalurgia del cobre y no tardaron en aprender a combinarlo con el estaño, para obtener bronce, que es más duro y resistente.

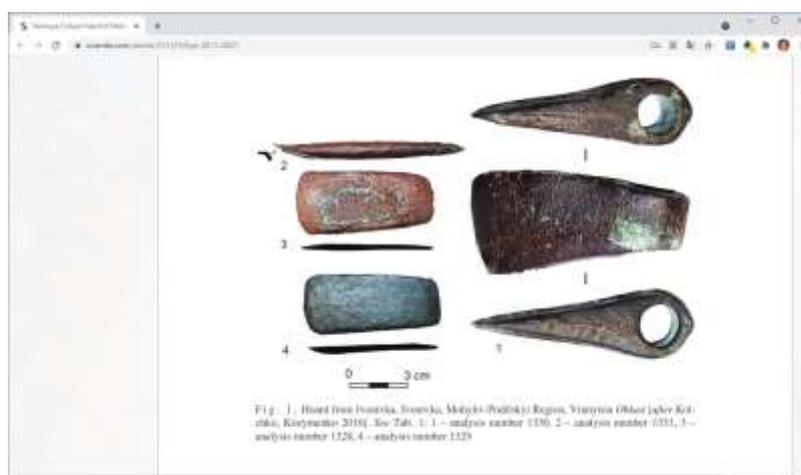


Figura 9. <https://sciendo.com/article/10.1515/bps-2017-0027>

Una sociedad como la yamna, que contaba con ganadería y metalurgia, parece lógico deducir que era relativamente rica, no de mera subsistencia. Tampoco hace falta demasiado imaginación para suponer que, conforme fue pasando el tiempo, algunas personas fueron acumulando posesiones y, como se afirma en el enlace inferior, eso *trajo consigo nuevas normas culturales y sociales que han tenido consecuencias de largo alcance. Por ejemplo, el patriarcado y la monogamia parecen ser parte de su legado.*

<https://indo-european.eu/2018/05/brexit-forces-volker-heyd-to-move-todays-most-important-yamna-research-project-to-finland/>

¿Quién nos lo iba a decir? ¿En serio lo del patriarcado es cosa de los yamnas? ¿No es un poco exagerado? Pues según David Reich, parece ser que no.

<https://nautil.us/issue/58/self/social-inequality-leaves-a-genetic-mark>

Datos de ADN antiguo han demostrado que la cultura yamna era una sociedad en la que el poder estaba concentrado en manos de una elite masculina formada por un pequeño número de linajes masculinos. Los cromosomas Y que portaban los yamnas eran casi todos de unos pocos tipos, lo que demuestra que un número limitado de hombres debieron tener un éxito extraordinario en expandir sus genes. Por el contrario, en su ADN mitocondrial, los yamnas mostraban secuencias más diversas.

De hecho, en ese mismo artículo, David Reich alude a la prestigiosa arqueóloga y antropóloga Marija Gimbutas (1921-1994), que todavía se muestra más rotunda en sus afirmaciones:

La yamna eran una sociedad estratificada y con prejuicios sexuales sin precedentes... Alrededor del 80 por ciento de los túmulos funerarios contenía esqueletos masculinos, a menudo con evidencia de heridas violentas y enterrados con temibles dagas y hachas de metal... La llegada yamna a Europa presagiaba un cambio en las relaciones de poder entre los sexos. Coincidió con el declive de la vieja Europa, una sociedad con pocas evidencias de violencia, en la que las mujeres desempeñaban un papel social central... la vieja Europa fue reemplazada por una sociedad centrada en los hombres.

Para no entrar en polémicas, mejor dejo ese tema de lado y comento dos interesantes, al menos para mí, cuestiones que guardan cierta relación con los yamnas.

LOS YAMNAS Y LA LACTASA

Teniendo en cuenta que los yamnas se dedicaban a la ganadería y el pastoreo, podemos preguntarnos si eran capaces de aprovechar directamente la leche como recurso alimenticio, además del queso y muy probablemente del yogur o el kéfir, pues el origen de esta bebida se remonta al Cáucaso por aquella época.

Como sabemos, en nuestra infancia podemos digerir la lactosa (el azúcar de la leche) gracias a que nuestro organismo genera una enzima, la lactasa, que dejamos de producir conforme nos hacemos mayores, al menos en teoría.

Sin embargo, sabemos que muchas personas pueden seguir consumiendo leche (persistencia de la lactasa) más allá de la infancia. Tampoco pensemos que, como parece deducirse de las series y películas, son la mayoría de la población; a nivel mundial, el porcentaje es solo algo más de un tercio del total de gente del planeta.

¿A qué se debe esa peculiaridad, que permite a esas personas beberse vasos de leche sin problemas estomacales? Pues a una mutación en el ADN que tuvo lugar hace unos diez mil años y mantiene activo el gen de la lactasa durante la edad adulta.

Según afirman Laure Ségurel y Céline Bon, en su artículo sobre la persistencia de la lactasa (<https://www.annualreviews.org/doi/pdf/10.1146/annurev-genom-091416-035340>): *Se conocen cinco variantes que subyacen a este fenotipo, que es monogénico en Eurasia, pero mayoritariamente poligénico en África. A pesar de ser un ejemplo clásico de evolución convergente reguladora y coevolución de cultivo genético, la historia de la persistencia de la lactasa está lejos de ser clara: ¿Por qué las frecuencias de persistencia de la lactasa son bajas en los pastores de Asia central pero altas en algunos cazadores-recolectores africanos?*

Pero lo que sí parece claro es que parte del pueblo yamna tenía esa mutación. Al menos eso se deduce de un artículo de Ewen Callaway: *de los 101 individuos secuenciados, los yamnas tenían más probabilidades de tener la variación de ADN responsable de la tolerancia a la lactosa.*

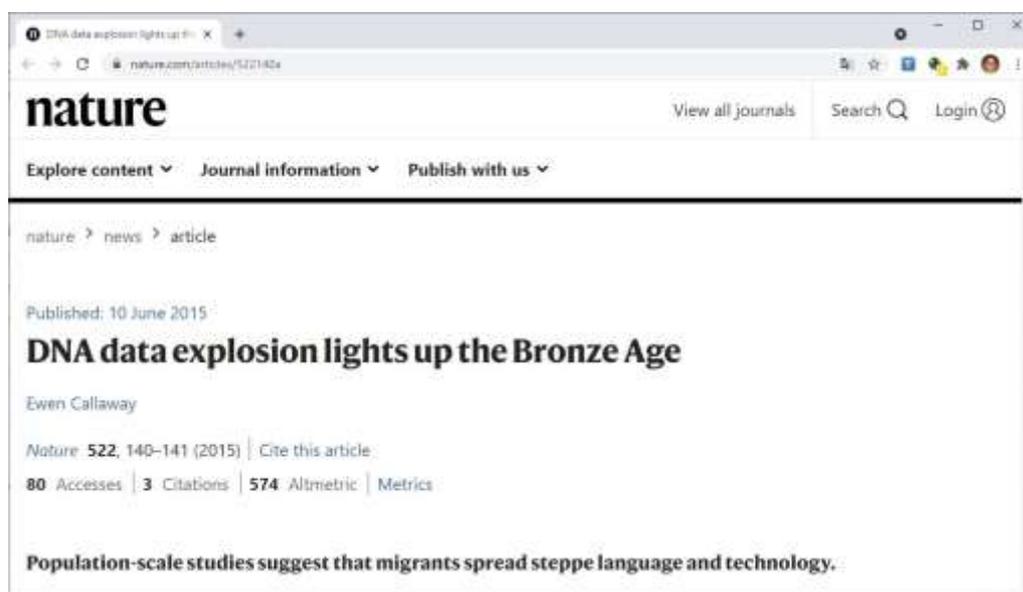


Figura 10. <https://www.nature.com/articles/522140a>

Algo en esa misma línea también afirma Lehti Saag en el artículo del enlace inferior: *una cuarta parte de las muestras de ADN antiguas de los yamnas tiene un alelo asociado con la persistencia de la lactasa.*

<https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S096098222031277X>

Ahora bien, la llegada de los yamnas a la Península Ibérica parece ser que no influyó demasiado en la persistencia de la lactasa, según el artículo *The genomic history of the Iberian Peninsula over the past 8000 years*:

Antes de este trabajo, se sabía que el alelo de persistencia de lactasa (rs4988235), que está presente en frecuencias moderadas o altas en la mayoría de las poblaciones europeas actuales y es una de las señales de selección más fuertes conocidas en los europeos, ocurrió con frecuencias extremadamente bajas en Europa hasta la Edad del Bronce, lo que plantea la cuestión de cuándo se hizo común. Aquí mostramos que en Iberia el alelo continuó siendo de baja frecuencia durante la Edad del Hierro, y solo se acercó a las frecuencias actuales en los últimos 2.000 años, lo que indica una fuerte selección reciente.

LOS CABALLOS

Por la suma importancia que tuvo en el desarrollo de la sociedad yamna, voy a hacer un breve inciso para hablar de los caballos.

Muchas personas se sorprenden cuando se les dice que los caballos surgieron en América del Norte. ¿Acaso no nos enseñaron en la escuela que, cuando los conquistadores llegaron al Nuevo Mundo, allí no habían visto nunca un caballo?

Así es, en efecto, pero no hay ninguna contradicción entre ambas afirmaciones.

El caballo deriva de un pequeño équido (del tamaño de un perro) que surgió hace unos cincuenta millones de años en América del Norte. Entre treinta y cuarenta millones de años después, había evolucionado hacia lo que reconocemos como équidos en sentido moderno.

Aquellos primeros protocaballos se extendieron a Eurasia a través de Beringia, que unía Siberia y Alaska (donde ahora está el estrecho de Bering) durante las glaciaciones; seguramente ese tránsito lo repitieron en varias ocasiones (<https://digitallibrary.amnh.org/handle/2246/997>). Algunos, con el paso del tiempo, llegaron incluso hasta África, dando lugar al asno y a la cebra.

En otras palabras, los équidos siguieron el mismo camino que los primeros humanos que llegaron a América, aunque lo recorrieron en sentido opuesto.

No hay la menor duda de que el caballo moderno (*Equus ferus*) supo adaptarse perfectamente al nuevo entorno donde abundaban los pastos, porque hace 15.000 años estaba extendido por gran parte de Eurasia.

Sin embargo, hace menos de 10000 años, los caballos se extinguieron en América. ¿Por qué? Una vez más, la respuesta es "no se sabe".

Se habla de un hipotético cambio climático que modificó los ecosistemas norteamericanos. Si bien es un recurso muy socorrido, no negaré que es una posibilidad factible.

No obstante, considero una hipótesis mucho más probable que la extinción de los caballos en América la causasen los seres humanos que habían llegado hacía poco allí. Los caballos eran una fuente de alimento muy sencilla de cazar, ya que jamás habían tenido contacto con los humanos y desconocían su peligrosidad.

¿Y por qué me he detenido a explicar cosas los caballos? ¿No estaba hablando de los yamnas? Sí, desde luego, pero es que sus posteriores migraciones no habrían sido posibles sin los caballos... y también sin el azar.

La geografía importa, y mucho. La deriva continental, que podemos considerar fruto del azar en la práctica, ahora ha colocado los continentes en una posición que favorece las migraciones entre Europa y Asia, al estar en una latitud similar.

En continentes como América o África es imposible que se produzca una migración de norte a sur, o viceversa, porque los cambios de latitud son enormes. Por ejemplo, los colonos europeos que llegaron a Sudáfrica se encontraron con un entorno similar al suyo de origen, puesto que se halla a una latitud simétrica con respecto al ecuador; sin embargo, cuando fueron en busca de nuevas tierras hacia el norte, se toparon con una barrera natural, la selva tropical, no solo difícil de traspasar sino que tenía su propio ecosistema; la malaria hizo estragos entre todas las caravanas expedicionarias.

Basta con mirar cualquier mapa de Eurasia para observar que desplazarse de España a, por ejemplo, Corea, puede ser un viaje largo, pero factible.

Por ejemplo, si nos quedamos a mitad de camino, ir de España a Samara nos llevaría unas mil horas caminando, según Google Maps.

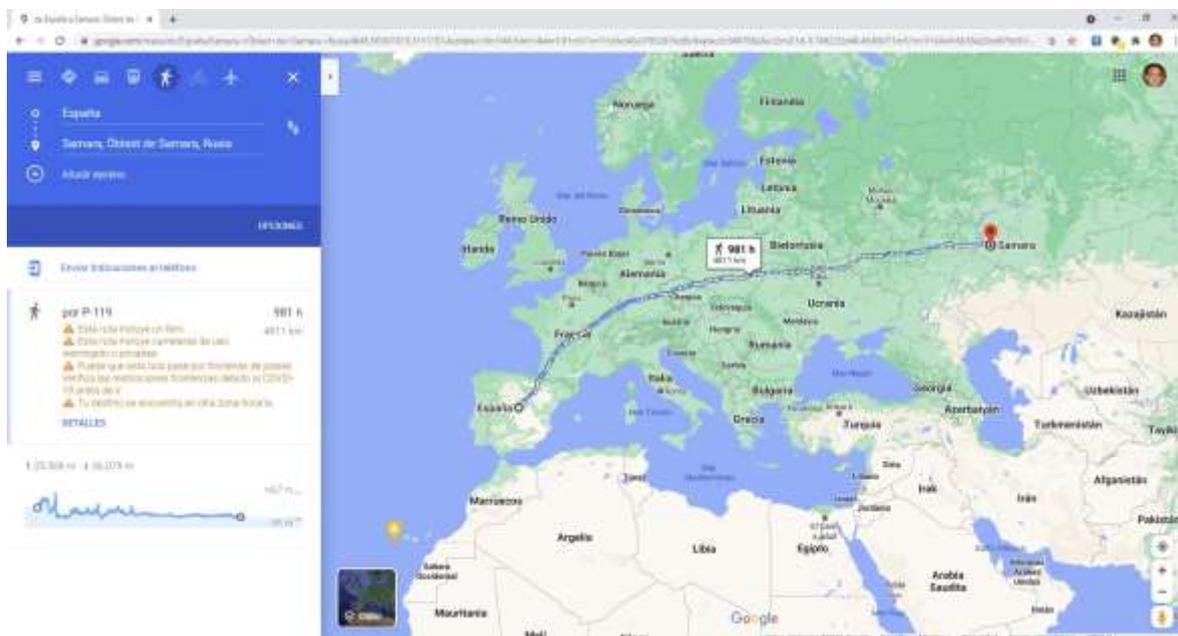


Figura 11. La región de Samara fue un centro neurálgico para los yamnas.

Las migraciones a pie son necesariamente lentas, pero no olvidemos que los yamnas fueron los primeros que aprendieron a domesticar los caballos, algo que supuso una enorme ventaja para su sociedad.

Un desplazamiento como el anterior, es indudable que resulta más cómodo y rápido con caballos y carros... Y más teniendo en cuenta que no se encuentran barreras geográficas importantes en el trayecto. ¡Los caballos tenían a su disposición una magnífica autopista natural!

MIGRACIÓN YAMNA

Alrededor del 4000 a. C. los yamnas comenzaron a extenderse hacia el oeste, siguiendo el valle del Danubio. ¿Por qué? De nuevo la respuesta es "no se sabe".

Algunas opiniones achacan el desplazamiento yamna a un cambio climático; otras, sin embargo, sugieren (<https://www.ancient-origins.net/ancient-places-europe/yamnaya-culture-0012105>) que el motivo fue establecer colonias, como milenios más tarde hicieron griegos y romanos.

También es posible que el pueblo yamna estuviese sucumbiendo de éxito; es decir, que hubiese crecido tanto su población, personas y rebaños, que comenzase a agotar los recursos naturales próximos. Algo que, por desgracia, ha sucedido múltiples veces a lo largo de la historia humana... Eso del crecimiento sostenible nunca lo hemos tenido mucho en cuenta.

Independientemente de que migrasen por los motivos anteriores o una combinación de ellos o cualquier otro que se nos ocurra, lo que sí es cierto es que su migración fue diferente de otras que había hecho antes la humanidad.

Porque resulta que la migración de parte del pueblo Yamna no fue un simple nomadismo en busca de pastos, sino una fuerza expedicionaria en toda regla.

¿No exagero un poco? Pues, según se afirma en el enlace inferior, creo que no.

Un aspecto interesante de la migración de Yamna es que parece haber consistido principalmente en hombres. La evidencia genética sugiere abrumadoramente que los Yamnas se unieron con mujeres europeas para crear algunas poblaciones europeas modernas, particularmente en el centro y norte de Europa... Los Yamnas que invadieron Europa parecen haber sido en su mayoría hombres. La proporción de hombres a mujeres puede haber sido tan alta como 14 a 1. Debido a esto, no es irracional sugerir que los hombres Yamna que vinieron a la región eran en su mayoría guerreros.

<https://www.ancient-origins.net/ancient-places-europe/yamnaya-culture-0012105>

En la misma línea está lo que podemos leer en el enlace inferior:

El equipo calculó que había quizás 10 hombres por cada mujer en la migración de hombres de Yamnas a Europa (con un rango de cinco a 14 hombres migrantes por cada mujer). Esa proporción es "extrema", incluso más desigual que la ola mayoritariamente masculina de conquistadores españoles que llegaron en barco a América a fines del siglo XVI.

<https://www.sciencemag.org/news/2017/02/thousands-horsemen-may-have-swept-bronze-age-europe-transforming-local-population>

De nuevo surge la pregunta anterior. ¿Por qué migraron aquellos Yamnas? Porque tuvo que ser una decisión muy dura abandonar su entorno habitual, su zona de confort, donde se supone que permaneció el grueso de su gente, mujeres incluidas, y salir a la ventura, a ver qué encontraban en territorios inexplorados.

Una vez más, la respuesta es "no se sabe".

¿Y si tomamos como referencia las expediciones de los conquistadores a América? ¿Es posible que los primogénitos Yamnas heredasen el rebaño familiar, que cada vez rendía menos (en esto el cambio climático sí pudo influir), y sus hermanos menores decidiesen abandonar la miseria que les esperaba y lanzarse a la conquista de nuevos pastos?

LOS YAMNAS Y LA INDIA

Antes de seguir comentando aspectos de la presencia Yamna en Europa, es interesante señalar que un número relativamente pequeño de Yamnas se mudó al sur de Asia hace aproximadamente entre 3.900 y 3.500 años.

<https://www.sciencenews.org/article/ancient-dna-how-migrations-shaped-south-asian-language-farming>

En el artículo *The formation of human populations in South and Central Asia*, publicado en 2019 en *Science*, se afirma en sus conclusiones:

Después del declive de la civilización del valle del Indo, su gente se mezcló con individuos del sureste para formar una de las dos principales poblaciones ancestrales del sur de Asia, cuyos descendientes directos viven en el sur de la India. Simultáneamente, se mezclaron con descendientes de pastores esteparios que, a partir de hace unos 4000 años, se extendieron por Asia Central para formar la otra población ancestral principal. La ascendencia esteparia en el sur de Asia tiene el mismo perfil que en la Europa del Este de la Edad del Bronce.

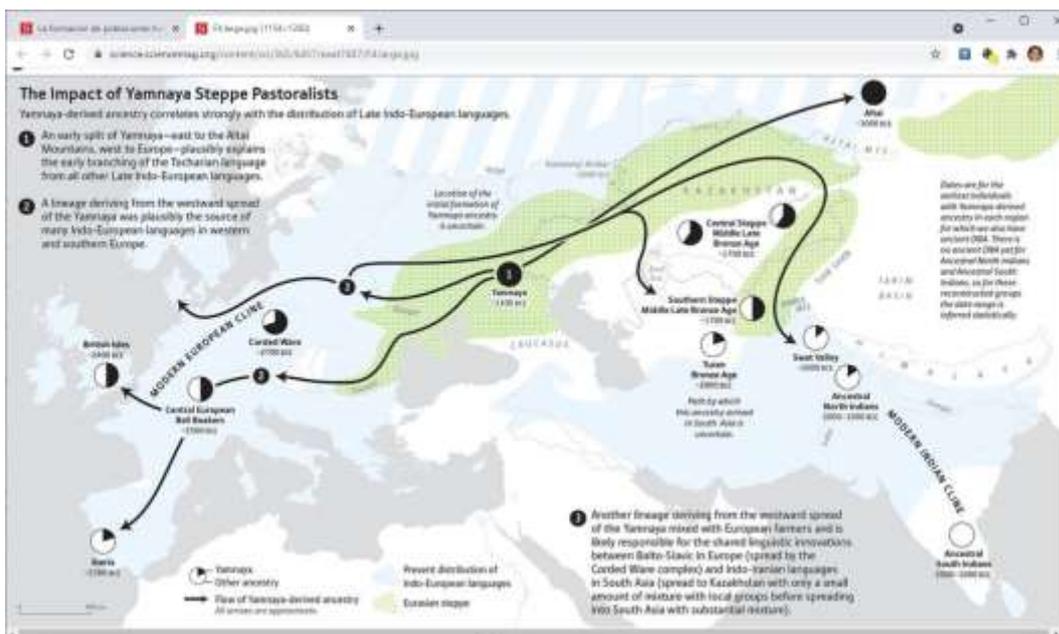


Figura 12. <https://science.sciencemag.org/content/365/6457/eaat7487.long>

Parece ser que su motivación para viajar a la India no fue apoderarse de nuevos territorios, sino el comercio y/o la difusión de sus conocimientos y/o religión. Su contribución fue cultural más que genética, según el artículo que acabo de citar:

La ascendencia yamna en los asiáticos del sur hoy en día es desproporcionadamente alta en los miembros de grupos que se consideran de condición sacerdotal. Esos grupos incluyen a los brahmanes, los cuidadores tradicionales de textos religiosos escritos en el idioma sánscrito indoeuropeo temprano.

De hecho, el pueblo yamna es el candidato que se considera más probable como origen de la lengua proto-indoeuropea, de la que derivan la mayoría de las lenguas actuales de Europa, Asia... y, más tarde, por la colonización, también de América, Oceanía y parte de África. Se estima que, en la actualidad, la mitad de la población mundial habla lenguas indoeuropeas.

LOS YAMNAS Y EUROPA

Volviendo a la migración yamna hacia Europa, ¿cuántos participaron en la expedición? De nuevo, la respuesta es "no se sabe". Según el arqueólogo Volker Heyd, *el número de personas que representan la cultura yamna en el sureste de Europa fue de alrededor de varios miles, que no aclara demasiado.*

<https://indo-european.eu/2018/05/brexit-forces-volker-heyd-to-move-todays-most-important-yamna-research-project-to-finland/>

Y es que sobre la población de aquella época se ignora casi todo y sólo hay deducciones, aunque algunas siempre pueden servirnos de referencia, si bien no debemos olvidar que la expedición yamna no fue una migración al uso, sino algo más parecido a una invasión militar.

- *La variable crucial es la diferencia entre las tasas de crecimiento de dos poblaciones. Por ejemplo, si tenemos una tasa de crecimiento anual de 3.5 por ciento en la población recién llegada, 200 recién llegados serían suficientes para alcanzar una población de 1 millón después de aproximadamente 250 años, y después de 300 años superarían los 6.5 millones.*

- Si, por cualquier razón, vemos un estancamiento o una tasa de crecimiento negativa en la población nativa, una diferencia en las tasas de crecimiento del orden del 3,5% entre dos linajes sería realista. Por ejemplo, un linaje podría tener una ventaja evolutiva biológica sobre el otro... Las diferentes tasas de inmunidad a enfermedades contagiosas podrían haber jugado un papel aún más drástico.

<https://www.cambridge.org/core/journals/european-journal-of-archaeology/article/massive-migrations-the-impact-of-recent-adna-studies-on-our-view-of-third-millennium-europe/B225B14D82066373B2C11295AA1D1462>

La invasión yamna fue relativamente rápida, aunque se moviesen a caballo, ya que parece ser que apenas encontraron resistencia. ¿A qué se debió? Se alega que las poblaciones neolíticas existentes habían disminuido para entonces a causa de la peste y otras enfermedades víricas; es posible, pero, independientemente de la veracidad de esa hipótesis, la marcha yamna está claro que no podía encontrar mucha resistencia. Un poderoso contingente que se desplazaba rápido, gracias a sus caballos y carros, y además disponía de armas de metal, era un contrincante demasiado fuerte para enfrentarse a él solo con palos y piedras, por muy pulidas que estuviesen.

Como he indicado, ignoramos cuántos yamnas abandonaron su hábitat de camino hacia Europa, pero es bastante probable que diversos grupos (tribus o clanes) decidieran quedarse en las regiones que fueron conquistando. De hecho, es lo que nos dice la genética.

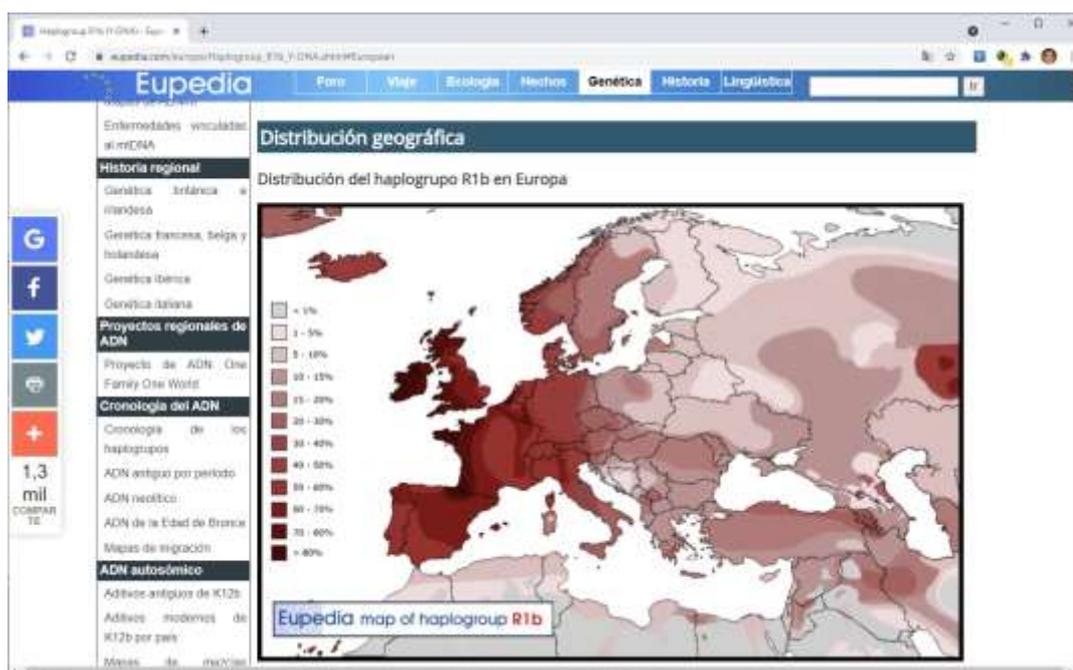


Figura 13. https://www.eupedia.com/europe/Haplogroup_R1b_Y-DNA.shtml

Sin embargo, el mapa anterior parece contradecir el sentido común, porque donde más abunda en la actualidad el haplogrupo R1b es en el oeste de Europa. ¿Qué sentido tuvo seguir avanzando hacia el oeste, cuando el centro y el este de Europa ofrecían buenos territorios para que pastasen sus rebaños?

Quizás, y es solo una posibilidad, los yamnas más poderosos se quedaron con las mejores tierras y permanecieron allí, coexistiendo con los pobladores anteriores. Los que continuaron hacia el oeste, que serían los más aventureros o los que no vislumbraban ningún futuro, llevaban años combatiendo en Europa y seguro que eran unos guerreros temibles... Y no creo que valorasen mucho la vida humana, salvo la suya propia.

LOS YAMNAS Y LA PENÍNSULA IBÉRICA

De repente, hace unos 4500 años, una horda de yamnas llega a caballo a la península ibérica. No serían muchos, me extrañaría que sobrepasaran el centenar, y seguramente entraron por la zona occidental de los Pirineos, donde su rastro genético es más intenso; algo lógico, por otra parte, ya que no podían ir más lejos, porque el océano les cerraba el paso, y se vieron obligados a ir hacia el sur.

¿Cuánta gente había en la península ibérica cuando se produjo la invasión yamna? De nuevo, la respuesta es "no se sabe". No obstante, ¿qué tal si hacemos una proyección, sin preocuparnos del rigor estadístico?

Según <https://www.prb.org/howmanypeoplehaveeverlivedonearth/>, se estima que alrededor del 8000 a.C. había unos cinco millones de personas en todo el mundo y unos 300 millones en el año 0, cuando se supone que había unos cuatro millones de habitantes en la Hispania romana. Si aplicamos la proporción del primer caso al segundo, sobre el año 2500 a. C. resulta que apenas habría doscientas mil personas en la península ibérica; es decir, unos cien mil hombres.

En su deambular, los yamnas se irían encontrando con pequeños poblados o aldeas desperdigados en valles, cerca de los ríos y de los sitios de pesca. Lugares en los que habría unas pocas decenas de hombres adultos, como máximo. Una fuerza ridícula para enfrentarse a unos invasores que iban a caballo, disponían de armas de metal y llevaban años curtiéndose en duras batallas.

¿Qué ocurrió para que la invasión de los yamnas supusiera que el linaje de esos hombres casi desapareciera en el plazo de quinientos años? Como siempre, hay múltiples explicaciones, si bien no todas parecen igual de probables.

Es posible que la llegada de los yamnas fuese pacífica y amigable, pero sucediera algo similar a lo que pasó en América cuando llegaron los conquistadores, que llevaron consigo virus y bacterias que diezmaron la población local.

De hecho, con mucha mayor razón en este caso, porque los yamnas eran pastores que venían de muy lejos y llevaban mucho tiempo moviéndose entre grandes rebaños donde es más probable que se produzcan epidemias. Probablemente, los aborígenes debían carecer de cualquier tipo de defensa contra los virus y bacterias que portaban los yamnas, fruto del contacto cotidiano con esos animales.

Para hacernos una idea de lo que pudo suponer esa arma biológica que portaban los yamnas en su propio cuerpo sin saberlo, puede servirnos de referencia lo que afirma Jared Diamond, en su magnífico libro *Armas, gérmenes y acero*:

La viruela, el sarampión, la gripe, el tifus, la peste bubónica y otras enfermedades infecciosas endémicas en Europa desempeñaron un papel decisivo en las conquistas, al diezmar a muchos pueblos de otros continentes. Por ejemplo, una epidemia de viruela devastó a los aztecas tras el fracaso del primer ataque español en 1520 y causó la muerte de Cuitláhuac, el emperador azteca que sucedió brevemente a Moctezuma. En toda América, las enfermedades introducidas con los europeos se propagaron de una tribu a otra mucho antes que los propios europeos, causando la muerte de aproximadamente el 95 por 100 de la población indígena americana precolombina.

También es posible que las mujeres aborígenes prefirieran emparejarse con los recién llegados, simplemente porque les parecían más atractivos que sus paisanos. Es innegable que eran más altos, tenían un tono de piel más exótico y, además, eran más poderosos en combate que sus conterráneos.

Tampoco podemos descartar que la práctica desaparición de los linajes masculinos anteriores se debiese al mero azar... ¿o sí? Esta posibilidad creo que merece un comentario más extenso.

LOS APELLIDOS INGLESES

Hago un alto para comentar una cuestión que guarda cierta relación con la parte de la genética que nos interesa ahora, porque estamos fijándonos en el cromosoma Y que se transmite por línea paterna y, tradicionalmente, también ha sucedido lo mismo con el apellido.

En 1873 Galton propuso el siguiente problema: *Consideremos constantes las probabilidades de que un hombre tenga 0, 1, 2, etc., hijos varones, que son los que transmiten el apellido a su descendencia. Cada uno de ellos tiene a su vez hijos con las mismas probabilidades anteriores. ¿Cuál es la probabilidad de que una línea masculina haya desaparecido, y con ella el apellido familiar, tras varias generaciones?*

Este es el típico problema que no resulta sencillo de resolver manualmente y, en cambio, es fácil hallar una solución aproximada, basta con simular el proceso en un ordenador.

Precisamente eso hicieron Christopher M. Sturges y Brian C. Haggett para estudiar la evolución de los apellidos ingleses. En 1987 publicaron un opúsculo de 36 páginas *Inheritance of English Surnames* que alcanzó cierta difusión fuera del ámbito de la simulación por ordenador, debido a que la genealogía es bastante popular en los países anglosajones.

En su estudio se remontaron a 1350, cuando había sobre mil apellidos, y analizaron cuantos seguían vigentes en 1986. Es decir, un periodo de poco más de 600 años, donde se sucedieron las habituales guerras, epidemias, etc.; sin embargo, estoy convencido de que la dureza de la vida durante esos siglos en Inglaterra no era superior, ni mucho menos, a la que llevaban los habitantes neolíticos de la península ibérica hace más de tres mil años... y a los datos me remito; entre 1350 y 1987 la población de Inglaterra pasó de unos 2 millones a unos 55 millones.

Es evidente que las tasas de crecimiento por generación presentarán diferencias en más de seis siglos, pero a la larga se estabilizará a un cierto promedio y las predicciones de los modelos informáticos funcionarán bastante aceptablemente si se trabaja con grandes números.

En concreto, Sturges y Haggett asignaron las probabilidades según la siguiente tabla que determina el número de descendientes varones que llegan a casarse (un dato que podía encontrarse en las parroquias); si ninguno se casa, se supone que el apellido se extingue.

N.º varones casados	0	1	2	3	4	5	6
Probabilidad	0,317	0,364	0,209	0,080	0,023	0,005	0,001

Cuando yo les pedía a mis estudiantes que simulasen el proceso genealógico a lo largo de un número determinado de generaciones y comentasen los resultados empíricos encontrados por Sturges y Haggett, previamente les hacía una pregunta: En 22 o 23 generaciones (de 1350 a 1986 a un promedio de 28 años por generación), ¿qué porcentaje de apellidos ingleses habrá desaparecido?

Pues nada menos que casi las tres cuartas partes.

¿Le sorprende? Es normal; los seres humanos tenemos nuestras limitaciones y nos resulta muy difícil interiorizar el azar y los grandes números; por ese motivo, nos pueden desconcertar ciertos resultados que, en realidad, no tienen nada de extraño.

En 2017 John S. Plant y Richard E. Plant, publicaron un artículo, *Guild of One Name Studies*, en el que comentan el opúsculo de Sturges y Haggett. En sus conclusiones se puede leer:

Muchas sociedades asiáticas, como las de Corea y Vietnam, han tenido apellidos hereditarios durante mucho más tiempo que los ingleses. En estas sociedades, la mayoría de la gente tiene uno de muy repetido, como Kim en Corea y Nguyen en Vietnam... De hecho, existe una rama de la estadística denominada procesos de ramificación que se inició en el siglo XIX para estudiar la supervivencia de los apellidos de las familias nobles inglesas. Esta teoría predice que, si una población no crece lo suficientemente rápido, eventualmente todos tendrán el mismo apellido y los demás habrán desaparecido.

https://www.plant-fhg.org.uk/S&H_Review_Long_Version.pdf

¿VIOLENCIA GENERALIZADA?

Volviendo de nuevo al artículo del principio, *The genomic history of the Iberian Peninsula over the past 8000 years*, ¿es posible que el mero azar hiciese que, en apenas cinco siglos, casi el 100% de los cromosomas Y anteriores se reemplazase por personas con ascendencia esteparia?

Posible desde luego que sí, pero dudo mucho que fuese probable. Como acabamos de ver en el caso de los apellidos ingleses, en circunstancias normales sería esperable un porcentaje menor.

¿Y no he indicado antes, al referirme a la evolución humana, que la mutación masculina P305 se ha difundido hasta casi la exclusividad (solo uno de cada mil hombres no la tiene)? En efecto, así es, pero debemos tener en cuenta que en ese caso el azar actuó durante unos cien mil años, no quinientos.

En cualquier caso, sí es posible que el mero azar (unido o no a las dos hipótesis previas y a otras que se nos puedan ocurrir) sea la explicación de por qué los linajes aborígenes masculinos se extinguieron, aun suponiendo que la coexistencia entre los pueblos aborígenes y yamna fuese pacífica durante quinientos años. Además, no olvidemos la escasez de datos del estudio durante ese periodo (solo 14 de ascendencia yamna y 33 locales).

Claro que hay otra explicación que, en mi opinión, es más lógica y encaja perfectamente con el resultado final: que la tasa de crecimiento de un linaje fuese muy superior a la de otros. Ahora bien, ¿qué pudo ocurrir para que se diese esa circunstancia?

La respuesta, como casi siempre, es "no se sabe", pero lo que conocemos sobre los seres humanos nos brinda alguna que otra pista.

Por mucho que Íñigo Olalde afirme que *sería un error afirmar que la población local fue desplazada, puesto que no hay evidencia de violencia generalizada en ese periodo*, esa es precisamente la hipótesis que considero más probable.

Tenemos muchos ejemplos de la brutalidad que tenían las expediciones de conquista en aquella época (y, desgraciadamente, también en las posteriores). Salvo que los invasores necesitasen esclavos para sus cultivos agrícolas, que no es el caso de los yamnas, lo más habitual era matar a todo aquel que se les enfrentase.

Al llegar a Iberia los yamnas, estoy convencido de que se dedicaron al pillaje y al saqueo, algo que les resultaba sencillo al disponer de caballos y armas de metal y ser unos guerreros bregados en mil batallas.

Muchos hombres aborígenes seguro que salvaron la vida escapándose a sitios donde los yamnas no los persiguieran, pero en aquella época la subsistencia era muy dura y, aunque fuesen acompañados de mujeres y tuviesen descendencia, esta no lo tuvo fácil para reproducirse y su linaje genético iría diluyéndose hasta prácticamente desaparecer.

Seguramente, cuando los yamnas llegaban a un poblado, mataban a los varones que encontraban a su paso y forzaban a las mujeres. La brutalidad en aquella época podía alcanzar cuotas inimaginables hoy en día, como matar a los bebés para que las madres volvieran a ser fértiles y dejarlas embarazadas cuanto antes.

Parece lógico suponer que los yamnas se quedaban en el poblado una temporada más o menos larga, hasta que decidían largarse en busca de nuevos terrenos de pasto, yacimientos, etc. Es de imaginar que ese mismo ritual se fue repitiendo, aunque cada vez en menor medida con el paso de los años, porque iría disminuyendo el contingente invasor.

Aun en el hipotético caso de que contribuyeran a la difusión de la ganadería y la metalurgia, la aportación cultural de los yamnas fue mínima. De hecho, parece como si se relacionasen tan poco con las mujeres que ni les hubieran enseñado su idioma (también es verdad que eran pocos).

¡Cómo! ¿Acaso no hablamos una lengua indoeuropea? Sí, en efecto, pero sólo se difundió en la península con las migraciones posteriores de otros pueblos (fenicios, griegos y romanos). Para apoyar esto último, están las palabras de los autores del artículo:

A diferencia del centro o norte de Europa, donde la ascendencia esteparia probablemente marcó la introducción de lenguas indoeuropeas, nuestros resultados indican que en Iberia los aumentos en la ascendencia esteparia no siempre estuvieron acompañados por cambios a las lenguas indoeuropeas. Esto es consistente con los vascos actuales que hablan el único idioma no indoeuropeo en Europa occidental.

Teniendo en cuenta que el 90% de los linajes paternos vascos modernos tienen su origen en la estepa, parece claro que los yamnas estuvieron allí un cierto tiempo; sin embargo, el euskera no es de origen indoeuropeo.

<https://indoeuropeo.eu/2018/04/david-reich-acerca-de-la-desigualdad-social-y-la-expansion-de-yamna-en-iberia-con-el-haplogrupo-r1b-m269/>

Lo único que podemos afirmar con seguridad es que, en solo medio milenio, los descendientes varones de los yamnas fueron extendiéndose por toda la península, con gran éxito reproductivo.