

## Variabilidad genética de los polimorfismos DYS434, DYS437, DYS439 en dos poblaciones de los Pirineos Orientales.

ARROYO-PARDO E<sup>1</sup>, LÓPEZ-PARRA AM<sup>1,2</sup>, ÁLVAREZ-LÓPEZ DE RODAS S<sup>1</sup>,  
ARRIBAS G<sup>2</sup>, BARRERO S<sup>2</sup>, BARRIO PA<sup>2</sup>, ALBENTOSA, A<sup>2</sup> Y MESA MA<sup>2</sup>

*Rev. Esp. Antrop. Biol.* (2001) **22**: 81-88

Recibido: 12 abril 2002

<sup>1</sup> Biología Forense Depto. Toxicología y Legislación Sanitaria, Facultad de Medicina. Universidad Complutense de Madrid. 28040-Madrid

<sup>2</sup> Sección de Antropología. Depto. Biología Animal I, Facultad de Ciencias Biológicas. Universidad Complutense de Madrid. 28040-Madrid

*Palabras clave:* Pirineos, DYS434, DYS437, DYS439, STRs, cromosoma Y, genética de poblaciones.

---

Se han analizado tres microsatélites del cromosoma Y: DYS434, DYS437 y DYS439 en 81 muestras sanguíneas procedentes de 2 poblaciones de los Pirineos Orientales: La Seu d'Urgell y Puigcerdà. Los resultados obtenidos se han comparado con otras series europeas de las que se disponían de datos para esos marcadores: La Vera, en la provincia de Cáceres, y Norte de Portugal. En general, tanto para los análisis con frecuencias haplotípicas como alélicas, se han obtenido diferencias entre las series pirenaicas, encontrándose Puigcerdà diferenciada del resto de las pocas series disponibles en las comparaciones, tanto de los Pirineos como de la Península Ibérica..

© 2001 Sociedad Española de Antropología Biológica

---

### Introducción

Los STRs (Short Tandem Repeats) o microsatélites son secuencias cortas, de 2 a 6 pares de bases, que aparecen repetidas en tandem en el genoma. Su grado de polimorfismo viene determinado por el número de veces que aparecen repetidas estas secuencias. El descubrimiento de STRs en la región no recombinante del cromosoma Y ha permitido disponer de una importante fuente de información tanto para el campo de la genética de poblaciones humanas como para las investigaciones forenses (de Knijff et al., 1997). El interés de estos marcadores radica en su herencia patrilineal, sus bajas tasas de mutación y la posibilidad de reconstruir haplotipos. Entre la amplia batería de microsatélites de que se dispone en la actualidad se han elegido DYS434, DYS437 y DYS439, recientemente descubiertos por Ayub et al., 1992 y de los que todavía no se disponen muchos datos, para realizar un estudio poblacional en una región concreta de los Pirineos.

Los Pirineos constituyen una cordillera de tipo alpino que separa España de Francia y ocupa totalmente el istmo fronterizo, con una longitud de unos 450 Km. Están constituidos por elevadas cimas que rebasan los 3000 m, a veces inabordables, valles escarpados, masas de hielo, algunos glaciares y numerosos lagos. Los Pirineos Orientales arrancan cerca de la costa, en la misma zona fronteriza con los montes Albéres. En esta sección Oriental de los Pirineos abundan los pasos de cruce como el de Port Bou, el de La Junquera, el de la Perche y el de Puigmorens. La zona analizada, con los municipios de Puigcerdà y de La Seu d'Urgell, corres-

ponde al Pirineo catalán. La localidad de Puigcerdà, con alrededor de 6000 habitantes, se sitúa a una altitud de 1200 metros, en la provincia de Gerona, y es considerada como la «cima de la Cerdanya», es decir, del alto valle excavado por el Segre. La Seu d'Urgell, en la provincia de Lérida, se sitúa en una comarca de alta montaña situada en el sector central de la cordillera pirenaica, también en el alto valle del río Segre que, procedente de la Cerdanya, se conforma como eje principal. La Seu d'Urgell, capital que cuenta con cerca de 12000 habitantes, se localiza en el centro de la llanura o ribera de La Seu, amplia hondonada en la que confluyen los ríos Segre y Valira, procedente este último de Andorra.

Dadas las condiciones geográficas de la cordillera pirenaica, el estudio de la estructura genética de los habitantes de sus valles y las relaciones entre los mismos ha constituido el objeto de numerosos estudios a través de los denominados polimorfismos "clásicos", poniendo de manifiesto las peculiaridades genéticas que los caracterizan y la existencia de variaciones genéticas entre ellos (Vergnes et al., 1980; Moral, 1988; Moral et al., 1986; Aluja et al., 1989, 1993; Nogués et al., 1992; Calafell et al., 1994, Giraldo et al., 1998, 2001, entre otros).

Con el presente trabajo se pretende ampliar el conocimiento de la variabilidad genética de las poblaciones de los Pirineos, en concreto de su parte oriental, mediante la utilización de microsatélites del cromosoma Y, que no se han analizado hasta ahora en esta región. Dadas las características de estos STRs, localizados en la porción no recombinante del cromosoma Y, se puede aportar nueva información que permita conocer mejor de qué manera se han establecido relaciones entre estos valles entre sí y con las poblaciones de su entorno. Se comparan los resultados obtenidos con las pocas series europeas disponibles, todas ellas de la Península Ibérica, para así situar a las series analizadas en el ámbito de variación de estas poblaciones.

## Material y métodos

### *Muestras.*

Se han analizado 81 muestras de sangre de varones, aparentemente sanos, no emparentados, autóctonos de los Pirineos Orientales; 48 de ellas pertenecen a individuos de Puigcerdà (Gerona) y 33 a La Seu d'Urgell (Lérida).

### *Análisis experimental.*

A partir de muestras sanguíneas se extrajo el ADN mediante un protocolo estándar fenol/cloroformo. Los sistemas elegidos, DYS434, DYS437 y DYS439 se amplificaron mediante la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) según Hou et al., 2001. La identificación de los alelos se realizó con geles de poliacrilamida al 8%, utilizando para el revelado la técnica de tinción con plata, con *ladders* de nuestro laboratorio. Se ha seguido la nomenclatura de Hou et al., 2001 para la denominación de los alelos.

### *Análisis estadísticos.*

Una vez obtenidos los datos individuales se ha llevado a cabo el cálculo de las frecuencias alélicas, junto con su error estándar, y de la diversidad alélica para las dos series analizadas. También se han identificado los haplotipos por combinación de los alelos de los distintos loci, calculando las frecuencias haplotípicas, junto con su error estándar y su diversidad haplotípica. Estos valores fueron calculados mediante el programa ARLEQUÍN ver. 2000 (Schneider et al., 2000). Para las comparaciones, se ha recogido la información correspondiente a otras poblaciones a partir de datos disponibles en la bibliografía (Gusmao et al., 2001, Bosch et al., 2002) y del propio laboratorio (datos no publicados de la región Vera-Jerte, Cáceres).

La aplicación del método de Harpending y Jenkins (1973), a partir de las frecuencias alélicas del conjunto de poblaciones comparadas, basado en un análisis de componentes principales, permite la obtención de una representación gráfica que relaciona topográficamente las poblaciones entre sí. Las relaciones entre las poblaciones comparadas, basadas en las combinaciones haplotípicas para los tres loci estudiados, se ha establecido a partir de una matriz de distancias genéticas, mediante el cálculo de Rst y la aplicación de 1000 permutaciones para la estima de los niveles de significación. A partir de la matriz de linealización de Slatkin (1995), proporcionada por el programa Arlequín ver 2000, se ha elaborado un dendrograma mediante la aplicación del programa PHYLIP 3.5c (Felsenstein, 1993), utilizando para ello el algoritmo neighbor-joining del mismo programa.

### Resultados y discusión.

En la Tabla 1 aparecen recogidas las frecuencias alélicas, junto con el error estándar, obtenidas para las dos series analizadas. Respecto a cada locus, la máxima frecuencia corresponde a los alelos intermedios, (con un valor superior a 0.5, excepto en el caso de DYS439 en la serie de La Seu d'Urgell con dos alelos de frecuencias cercanas a 0.5) y el resto presentan menores frecuencias de forma consecutiva hacia los alelos de repetición extrema. Las mayores diversidades alélicas se dan, en ambas series, en el locus DYS439 (0.598 y 0.657, respectivamente), resultando el DYS434 con unos índices mínimos (0.082 y 0.060). Al comparar las dos series entre sí se observa que aparecen alelos no compartidos, aunque con frecuencias muy bajas donde se encuentran representados, y que existen ciertas diferencias en la frecuencia de los alelos compartidos. Respecto a las diversidades alélicas, cabe reseñar un mayor índice respecto al locus DYS437 en la serie de La Seu d'Urgell. En la Tabla 2 aparecen las frecuencias haplotípicas calculadas y se observa que el haplotipo DYS434(10)-DYS437(15)-DYS439(12) predomina, en ambas localidades, respecto a los demás.

**Tabla 1.** Frecuencias alélicas, error estándar y diversidad alélica en las dos series pirenaicas analizadas.

Alelo	Puigcerdà			La Seu d'Urgell		
	DYS434	DYS437	DYS439	DYS434	DYS437	DYS439
9	0.021 ± 0.021			0.030 ± 0.030		
10	0.958 ± 0.029			0.970 ± 0.030		0.030 ± 0.030
11	0.021 ± 0.021		0.292 ± 0.066			0.364 ± 0.085
12			0.562 ± 0.072			0.455 ± 0.088
13			0.104 ± 0.045			0.152 ± 0.063
14		0.146 ± 0.051	0.042 ± 0.029		0.394 ± 0.086	
15		0.792 ± 0.059			0.545 ± 0.088	
16		0.062 ± 0.035			0.061 ± 0.042	
Diversidad	0.0824	0.3555	0.5984	0.0606	0.5606	0.6572

#### *Análisis comparativo con otras poblaciones*

Respecto a los marcadores analizados se ha utilizado la información correspondiente a 5 series de la Península Ibérica que corresponden a un total de 1014 varones que se reparten en las dos muestras de los Pirineos (n= 81), La Vera (Cáceres), López-Parra et al., datos no publicados (n= 101), Norte de Portugal, Gusmao et al., (n= 69) y la serie general de españoles de Bosch et al., 2002 (n=763), con representación de una gran parte de las regiones españolas. De esta última serie no se dispone de frecuencias haplotípicas por lo que se presentan limitaciones a la hora de comparar.

**Tabla 2.** Frecuencias haplotípicas en las dos series pirenaicas analizadas (N: nº individuos; frec: frecuencia relativa).

Haplotipo	DYS434	DYS437	DYS439	Puigcerdà		La Seu d'Urgell	
				N	frec	N	frec
1	9	14	13			1	0.030 ± 0.030
2	9	15	11	1	0.021 ± 0.021		
3	10	14	10			1	0.030 ± 0.030
4	10	14	11	4	0.083 ± 0.040	3	0.0901 ± 0.051
5	10	14	12	3	0.062 ± 0.035	4	0.121 ± 0.058
6	10	14	13			4	0.121 ± 0.058
7	10	15	11	6	0.125 ± 0.048	7	0.212 ± 0.072
8	10	15	12	24	0.500 ± 0.073	11	0.333 ± 0.083
9	10	15	13	5	0.104 ± 0.045		
10	10	15	14	2	0.042 ± 0.029		
11	10	16	11	2	0.042 ± 0.029	2	0.061 ± 0.042
12	11	16	11	1	0.021 ± 0.021		

*1.- Haplotipos compartidos.*

Se han observado 43 haplotipos (Tabla 3), considerando el conjunto de poblaciones, de los cuales 7 aparecen en un individuo en una única población, lo que supone una frecuencia del 16.28% y el resto corresponde a haplotipos compartidos entre varias poblaciones. No aparecen haplotipos exclusivos de una población y presentes en más de un individuo. La serie de Puigcerdà comprende el mayor porcentaje de haplotipos únicos mientras que la población de La Seu d'Urgell es la que tiene el menor porcentaje. Todas las poblaciones analizadas contienen un mayor porcentaje de haplotipos compartidos, siendo la serie de Puigcerdà la que presenta mayor proporción de haplotipos compartidos respecto a los únicos.

**Tabla 3.** Características de los haplotipos en las series comparadas: Total hapl. (número de haplotipos totales), Hapl. Unic. (aparecen en un individuo en una población), Total hapl. comp. (hapl. presentes en más de una población), Propor. (1)/(2) (Proporción entre los haplotipos específicos y los compartidos), Diversidad haplotípica, Media Divers. alélica (media de la suma de las diversidades de los loci que intervienen en el estudio), Nº medio dif. pares de hapl.

Serie	Total hapl.	Hapl. Unic. (1)	Total hapl. comp.(2).	Propor. (1)/(2)	Diversidad haplotípica	Media Divers. alélica	Nº medio dif. pares de hapl.	Referencia
Vera (Centro España)	14	2 (0.143)	12 (0.857)	0.167	0.833 ± 0.025	0.416 ± 0.294	1.249 ± 0.797	López-Parra et al. (no publicado)
Portugal (Norte)	12	2 (0.167)	10 (0.833)	0.200	0.875 ± 0.018	0.436 ± 0.305	1.307 ± 0.826	Gusmao et al., 2001
Puigcerdà (Norte Española)	9	2 (0.222)	7 (0.778)	0.286	0.723 ± 0.061	0.345 ± 0.260	1.036 ± 0.703	Presente estudio
Seu d'Urgell (Norte Española)	8	1 (0.125)	7 (0.875)	0.143	0.826 ± 0.041	0.426 ± 0.305	1.278 ± 0.824	Presente estudio

De una manera general, para el conjunto de poblaciones se observan pequeños rangos de variación para todos los parámetros, lo cual estaría en relación con una proximidad genética entre las series. No obstante, la serie de Puigcerdà se halla en los extremos de los rangos de variación del conjunto de series comparadas. Así, los valores de diversidad haplotípica se en-

cuentran en el rango de 0.875 y 0.826, resultando Puigcerdà con valores algo inferiores (0.723). Respecto a la media de la diversidad alélica, de nuevo es la serie de Puigcerdà (0.345) la que presenta los valores más bajos (0.416-0.436).

### 2.- Matriz de distancias genéticas.

A partir de las frecuencias haplotípicas se ha elaborado una matriz de distancias, basada en el cálculo de  $R_{ST}$  (Tabla 4). En ella se observa que los valores mayores y significativos corresponden a Puigcerdà respecto al resto de las series. Las distancias calculadas entre las demás series no son significativas ( $p < 0.05$ ). Por tanto, a pesar de la proximidad geográfica entre las dos series de los Pirineos comparadas, no presentan afinidades genéticas en consonancia con dicha proximidad.

**Tabla 4.** Matriz de distancias basada en el cálculo de  $R_{ST}$  a partir de las series comparadas (los valores subrayados indican resultados significativos ( $P < 0.05$ )).

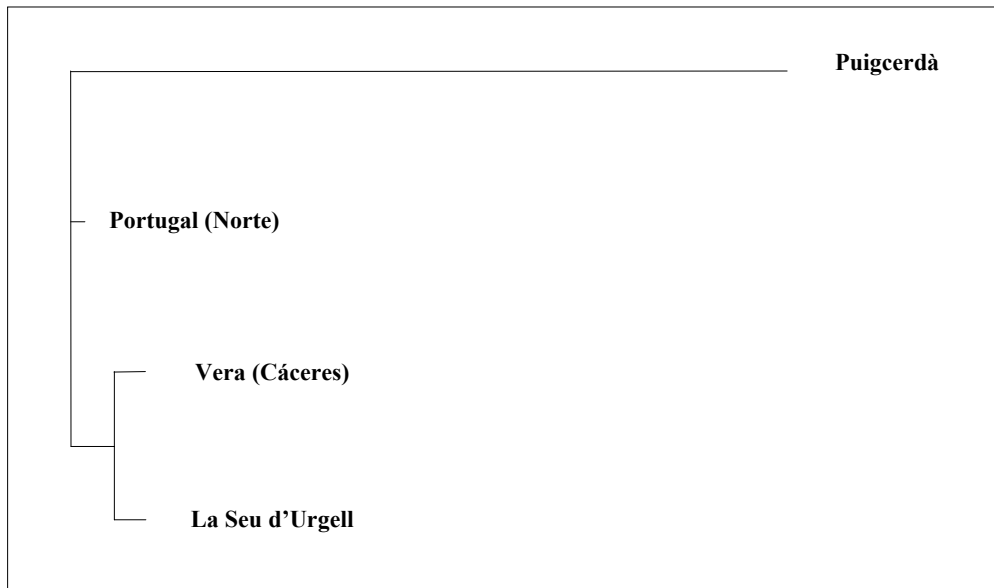
	Portugal (Norte)	Vera (Centro España)	Seu d'Urgell (Norte España)	Puigcerdà (Norte España)
Portugal (Norte)	--			
Vera (Centro España)	0.004	--		
Seu d'Urgell (Norte España)	-0.012	-0.012	--	
Puigcerdà (Norte España)	<u>0.039</u>	<u>0.037</u>	<u>0.037</u>	--

### 3.- Matriz de Slatkin.

La figura 1 muestra el dendrograma resultante de la comparación de las cuatro series. Este dendrograma ha sido obtenido utilizando el algoritmo neighbour-joining sobre la matriz de Slatkin, partiendo de los haplotipos encontrados. De nuevo, la serie de Puigcerdà se destaca de las restantes series, las cuales constituyen un grupo homogéneo.

### 4.- Análisis de Harpending and Jenkins.

Para este análisis se han utilizado las frecuencias alélicas por lo que se ha podido incluir una serie general de la Península Ibérica, recientemente analizada y de la que se dispone de dichas frecuencias (Bosch et al., 2002). El mapa genético obtenido se representa en la figura 2, indicando la posición de las series comparadas en relación con el primer y segundo vector (85.29% de la dispersión total). Las posiciones relativas de cada serie dentro del mapa se ajustan bastante bien a lo obtenido en los análisis anteriores: El primer vector, que representa 65.83 % de variación total, diferencia claramente la serie de Puigcerdà del resto de las series, que se sitúan estrechamente relacionadas respecto a este primer eje; Esta situación aislada es debida fundamentalmente a la incidencia de determinados alelos: DYS437\*14, DYS439\*13, que marcarían genéticamente a esta serie. El segundo vector, reúne un 19.46% de la variación total, contribuye a la separación de la serie del Norte de Portugal (con DYS439\*12 como marcador de posición) respecto a las series correspondientes a La Vera, La Seu d'Urgell y la serie general de la Península Ibérica. Por tanto, los resultados obtenidos indican que las dos series comparadas de los Pirineos Orientales, a pesar de su proximidad geográfica, presentan unas ciertas diferencias genéticas, mayores de las que cabría esperar por su localización. Además, la serie de La Seu D'Urgell muestra similitud genética con las otras series comparadas de la Península Ibérica. Estos resultados están en consonancia, en parte, con lo obtenido por Calafell y Bertranpetit, 1994, a partir de polimorfismos genéticos "clásicos", que pusieron de manifiesto la existencia de un cierto grado de diferenciación genética de la Cerdanya (Puigcerdà) respecto de otras poblaciones pirenaicas.

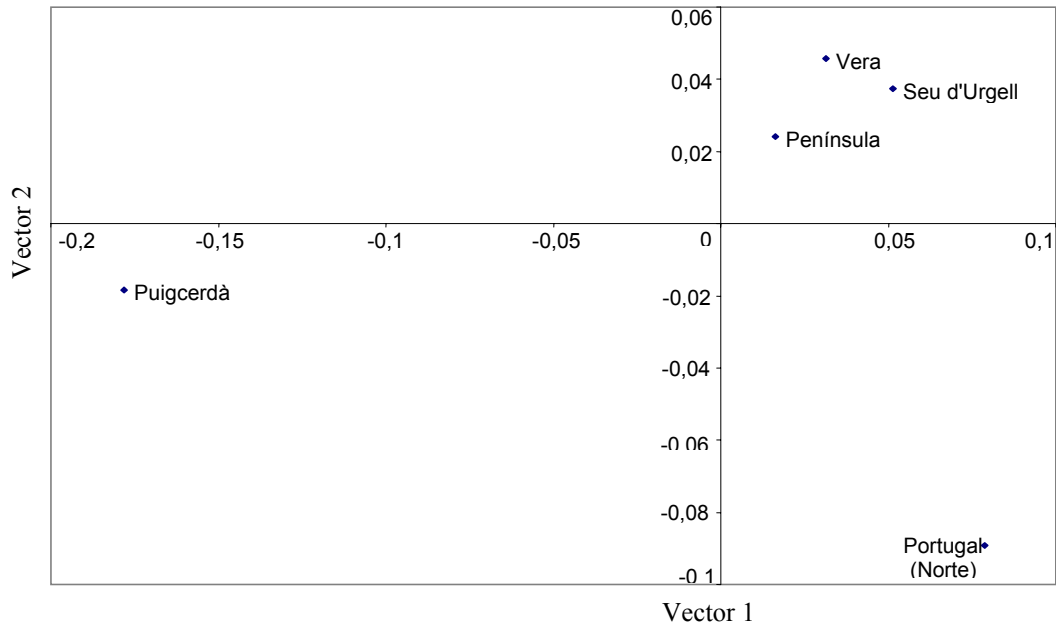


**Figura 1.** Dendrograma obtenido a partir de la matriz de linealización de Slatkin

Para explicar este resultado tuvieron en cuenta la información relativa a la historia de las poblaciones de los Pirineos; así, según Ruiz-Zapatero (1983), el río Segre ha sido lugar de paso habitual, para atravesar los Pirineos, de poblaciones centro-europeas hacia la Península Ibérica. Por tanto, alguna de estas poblaciones podrían haber dejado una huella genética todavía detectable en los grupos actuales que diferenciarían esta región del resto de los Pirineos. En este estudio no sólo se diferencia Puigcerdà de la otra serie pirenaica sino también de las restantes de la Península Ibérica, lo cual contrasta con lo obtenido por Aluja et al., 1988, Calafell y Bertranpetit, 1994 y Mesa et al., 1994. Sin olvidar el tamaño reducido de la muestra analizada, hay que tener en cuenta que los resultados obtenidos en este trabajo corresponden a unos polimorfismos genéticos con características diferentes a los “clásicos”, por lo cual los resultados pueden ser diferentes. Rosser et al., (2000) en su estudio de la diversidad del cromosoma Y en poblaciones europeas y el establecimiento de variaciones clinales en relación con la geografía, indican la conveniencia del análisis de los polimorfismos del cromosoma Y debido a una mayor influencia de la deriva genética en relación con los loci autosómicos (el tamaño efectivo es la cuarta parte), con lo que se puede dar un alto grado de diferenciación geográfica entre poblaciones. Igualmente, en este tipo de estudios se pueden poner de manifiesto procesos migratorios diferenciales respecto al sexo (Seielstad et al., 1998), que les hace especialmente útiles en el establecimiento de movimientos migratorios en el seno de las poblaciones europeas. En este sentido, se podría disponer de un cuadro mucho más preciso si existieran más datos de poblaciones europeas y españolas, en particular, para los sistemas estudiados.

Por otro lado la serie del Norte de Portugal en el análisis de componentes principales también aparece separada del resto, incluso de la serie de La Vera geográficamente próxima. Esta situación podría responder a un cierto aislamiento de la población del Norte de Portugal respecto de las poblaciones circundantes. Nuevamente, sería necesario disponer de más datos de otras series próximas para obtener una información más completa de la variabilidad genética considerada.

### Variabilidad genética de los Pirineos Orientales



**Figura 2.** Relaciones entre las series de los Pirineos y otras muestras de la Península Ibérica. Método de Harpending y Jenkins, 1973

### Agradecimientos

El presente trabajo ha sido financiado con el proyecto de la Universidad Complutense PR48/01-9837. Agradecemos también la colaboración a Lourdes Montsant, del Hospital de Puigcerdà (Gerona), y a Ferran Gómez y a Joan Aixàs de la Fundació Santo Hospital de la Seu d'Urgell (Lérida), sin cuya ayuda este trabajo no hubiera sido posible, por su colaboración en la recolección de muestras.

### Bibliografía

- ALUJA MP, FONT A (1989) Características hemáticas de la población autóctona, no autóctona y residente de la Cerdanya (Pirineos Orientales). *Actas VI Congreso Español de Antropología Biológica*. Eds. Rebató E y R Calderón. Ed. Universidad del País Vasco. pp.79-88.
- ALUJA MP, NOGUES RM, MALGOSA A, MAS J (1993) Positioning of the autochthonous Aran Valley population among Basque and Pyrenean people by means of ABO, Rh (D) and Duffy blood group determinations. *Hum Hered*. **43**(5):265-71
- AYUB Q, MOHYUDDIN A, QAMAR R, MAZHAR K, ZERJAL T, QASIM HEHDI, S, TYLER-SMITH C (2000) Identification and characterization of novel human y-chromosomal microsatellites from sequence database information. *Nucl. Acids Res*. **28** No 2. e8.
- BOSCH E, LEE A, CALAFELL F, ARROYO E, HEN-NEMAN P, DE KNIJFF P, JOBLING A (2002): High resolution Y chromosome typing: 19 STRs amplified in three multiplex reactions. *Forensic Sci. Intern*. **125**:42-51.
- CALAFELL F, BERTRANPETIT J (1994) Mountains and Genes: Population History of the Pyrenees. *Hum. Biol.* **66** (5): 823-842.
- De KNIJFF P, KAYSER M, CAGLIA A, CORACH D, FRETWELL N, GEHRIG C, GRAZIOSI G, et al. (1997) Chromosome Y microsatellites: population genetic and evolutionary aspects. *Int. J. Legal Med.* **110**:134-140.
- FELSENSTEIN J. (1993) *Phylogeny Inference Package version 3,5c*. Distributed by the author. Department of Genetics, University of Washington, Seattle.
- GIRALDO M.P, VALLET M, GUITARD E, SENEGAS MT, SEVIN A, NOGUES RM, ALUJA MP, DUGOUJON J.M (1998) GM and KM immunoglobulin allotypes in a Spanish Pyrenean population: Val d'Aran. *Ann Hum Biol.* **25**: 453-65.

- GIRALDO MP, ESTEBAN E, ALUJA MP, NOGUES RM, BACKES-DUR C, DUGOUJON JM, MORAL P (2001) Gm and Km alleles in two Spanish Pyrenean populations (Andorra and Pallars Sobira): a review of Gm variation in the Western Mediterranean basin. *Ann Hum Genet.* **65**(6):537-48.
- GUSMÃO L, ALUES C, AMORIM A (2001) Molecular characterisation of four human Y-specific microsatellites (DYS434, DYS437, DYS438, DYS439) for populations and forensic studies. *Ann. Hum. Genet.* **65**:285-291
- HARPENDING H, JENKINS T (1973) Genetic distance among southern african populations. En: *Methods and theories of anthropological genetics*. Eds. Crawford, M.H. and Workman, P.L. Albuquerque University of New Mexico Press. 179-199.
- HOU YP, ZHANG J, LI YB, WU J, ZHANG SZ, PRINZ M (2001) Allele sequences of six new Y-STR loci and haplotypes in the Chinese Han Population. *For.Sci.Int.* **118**:147-152
- LÓPEZ-PARRA A, ÁLVAREZ S, MESA S, BANDRÉS F, ARROYO-PARDO E (2002) Frequency data of nine Y-chromosomal STR loci in a sample from Central Spain. *J.Forensic Sci.* **47**: 694-696.
- MESA MS, MARTIN J, FUSTER V., FISAC R (1994) Blood group polymorphism and geography in the Sierra de Gredos, Spain. *Hum. Biol.* **66** (6): 1005-1019
- MORAL P (1988): Estudio comparativo de las frecuencias génicas correspondientes a una población pirenaica. *Munibe*, suppl. **6**: 237-242.
- MORAL P, PANADERO AM, MORENO P (1986) Enzimas eritocitarios (6- PGD, ADA, ACP-1 y EsD) y subtipos de TF, GC Y PI en el valle pirenaico de Pallars Sobira. *Trabajos de Antropología* **20** (2): 351-372.
- NOGUES RM, ALUJA MP, MALGOSA A, MAS J (1992) Variability of the Rh system in a central Pyrenean population (Aran Valley). *Gene Geogr.* **6**(1-2):97-108.
- ROSSER ZH, ZERJAL P, HURLES ME, ADOJAAN M, ALAVANTIC D, AMORIM A, AMOS W et al. (2000) Y-chromosomal diversity within Europe is clinal and influenced primarily by geographic rather than language. *Am. J. Hum. Genet.* **67** (6): 1376-81.
- RUIZ-ZAPATERO G (1983) Los campos de urnas del noreste de la Península Ibérica. Tesis doctoral. Universidad Complutense. Madrid.
- SCHNEIDER S, ROESSLI D, y EXCOFFIER L (2000) ARLEQUIN, ver.2000. A software for population genetics data analysis. Genetics and Biometry Laboratory, university of Geneva, Switzerland.
- SEIELSTAD MT, MINCH E, CAVALLI-SFORZA LL (1998) Genetic evidence for a higher female migration rate in humans. *Nature Genet.* **20**: 278-280.
- SLATKIN M (1995) A measure of population subdivision based on microsatellite allele frequencies. *Genetics.* **139**: 457-462.
- VERGNES H, CONSTANS J, QUILICI JC, LEFÈVRE-WITIER Ph. SEVIN J, STEVENS M (1980) Study of Red Blood Cell and Serum Enzymes in Five Pyrenean Communities and in Basque Population Sample. *Hum. Hered.* **30**:171-180.

### Abstract

A sample of 81 apparently health non-related individuals from 2 Pyrenean populations (La Seu d'Urgell and Puigcerdà) was analysed for genetic systems DYS434, DYS437 and DYS439. Results were compared to other European series (La Vera in Cáceres province, and North Portugal) already typed for the same systems. Both series showed differences for allelic and haplotypic systems, the sample of Puigcerdà being more distant to the others few series for the comparisons.

Keywords: Pyrenees, DYS434, DYS437, DYS439, STRs, Y-chromosome, population genetics.

**Genetic variability of DYS434, DYS437 and DYS439 polymorphism in two east Pyrenean populations**