

# ADN antiguo y Neolitización

DE LA RUA C, HERVELLA M,  
ALONSO S, IZAGIRRE N

Rev. Esp. Antrop. Fís. (2010) 31: 193-203

Departamento de Genética, Antropología Física y Fisiología Animal. Facultad de Ciencia y Tecnología. Universidad del País Vasco (UPV/EHU). Bilbao.

*Palabras clave:* ADN antiguo, Neolítico, Paleolítico, haplotipos mitocondriales, Franja Cantábrica, difusión démica

---

Se revisa la aportación de los estudios de ADN antiguo al debate existente sobre la influencia genética de la neolitización en Europa. Además se aportan nuevos datos de ADNmt, generados por nuestro grupo, procedentes de yacimientos de la cornisa cantábrica, cuya antigüedad abarca del Magdaleniense hasta la Edad del Bronce. La variabilidad mitocondrial resultante en este estudio y su análisis en el contexto de otras muestras prehistóricas y actuales de Europa y el Próximo Oriente, indican que las poblaciones neolíticas de la cornisa cantábrica, experimentaron un flujo génico, como resultado de la difusión del neolítico en la Península Ibérica. Estos datos de ADN<sub>a</sub>, permiten reformular los modelos existentes sobre la transición neolítica en Europa.

© 2010 Sociedad Española de Antropología Física

---

## Introducción

Las hipótesis existentes sobre el origen de la variabilidad genética de los humanos actuales, otorgan un papel primordial a las expansiones demográficas ocurridas durante la prehistoria, principalmente la llegada de HSAM (*Homo sapiens* anatómicamente moderno) a Europa, a inicios del Paleolítico Superior (hace 50-40.000 años) y la difusión del Neolítico desde el Próximo Oriente (hace 10-6 kya). El impacto de estos eventos sobre la composición genética de las poblaciones europeas actuales ha sido evaluado a través del análisis de diversos marcadores genéticos, tanto de los denominados clásicos como del ADN. En el presente artículo se revisa la aportación del ADN antiguo al estudio de la neolitización a nivel biológico, y asimismo se aportan datos inéditos de yacimientos de la Cornisa cantábrica generados por nuestro grupo de investigación.

## La transición neolítica en Europa

El término de *neolitización* se refiere al conjunto de procesos que operaron en la transición del modo de vida cazador-recolector al productor (agricultura y ganadería). Existe un consenso sobre el origen de las innovaciones asociadas al Neolítico (los territorios actuales de Siria e Israel en el Próximo Oriente), pero aún se debate sobre los mecanismos y el modo en que se produjo esta transición. Inicialmente se propusieron dos modelos extremos, el de difusión démica y el de aculturación. El modelo de *difusión démica* propone un proceso migratorio basado en una expansión poblacional desde el Próximo Oriente hacia Europa, cuya consecuencia fue la asimilación del pool génico de los grupos indígenas cazadores-recolectores por parte de una comunidad agrícola en expansión (Ammerman y Cavalli-Sforza, 1984). Por otro lado, el modelo de aculturación, propone que esta transición tuvo lugar mediante la adopción de este sistema productivo por parte de los grupos indígenas locales, que no experimentaron ningún aporte genético (Dennell, 1985). Sin embargo, Richards (2003) siguiendo las propuestas de Zvelebil (2000), planteó siete modelos sobre la difusión del Neolítico en Europa:

*Migracionista.* Postula la existencia de un movimiento unidireccional de los agricultores del Próximo Oriente hacia Europa, que produjo un reemplazamiento genético de los cazadores-reco-

lectores indígenas. Según este modelo, las poblaciones actuales de Europa y del Próximo Oriente no presentarían diferencias genéticas, aunque éstas podrían haberse generado por eventos demográficos post-neolíticos.

*Difusión démica.* Propugna la mezcla de agricultores neolíticos con los cazadores-recolectores, lo que conllevaría la formación de gradientes para algunos polimorfismos genéticos. Ammerman y Cavalli-Sforza (1984) se basaron en este principio para elaborar el modelo de ola de avance.

*Élite dominante.* Una élite social de agricultores y/o ganaderos penetraría en una zona e impondría su cultura a nivel local. En este caso, los grupos recién llegados no dejarían muchas evidencias genéticas en la zona colonizada.

*Infiltración de pequeños grupos especializados.* Se trataría de una expansión de forma aleatoria de pequeños grupos de agricultores y/o ganaderos, que se introducirían en nuevas áreas, lo que dejaría aún huellas de algunos linajes de la población original, sin dar origen a clinas de frecuencias génicas.

*Leapfrog.* Grupos de agricultores y/o ganaderos de tamaño reducido colonizarían áreas geográficamente limitadas óptimas para su forma de vida, quedando rodeados por los grupos indígenas. En este modelo, se podrían hallar las huellas genéticas de la población original a la que pertenecen estos pequeños grupos colonizadores.

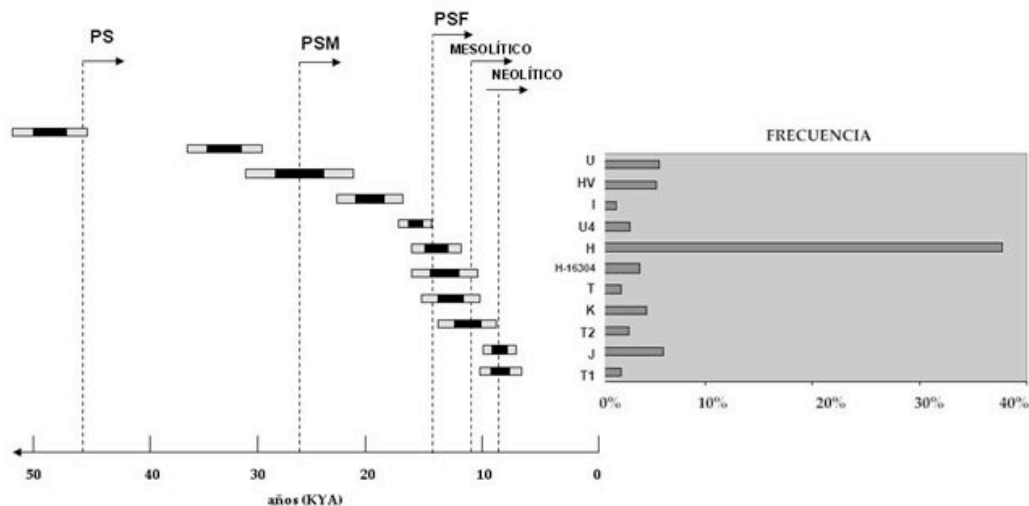
*Movilidad de fronteras.* El intercambio genético tendrían lugar en las zonas fronterizas creadas entre los grupos de agricultores neolíticos y los grupos de cazadores-recolectores indígenas.

*Contacto regional o aculturación.* El contacto cultural entre los cazadores-recolectores indígenas y los agricultores neolíticos, daría lugar únicamente a un intercambio cultural.

### **Diversidad genética mitocondrial y del cromosoma Y en las poblaciones actuales**

Los estudios sobre la composición genética de las poblaciones actuales de Europa y del Próximo Oriente, han tratado de determinar el impacto de las expansiones neolíticas sobre el pool génico europeo. Inicialmente, Ammerman y Cavalli-Sforza (1984), basándose en marcadores genéticos clásicos, propusieron *el modelo de ola en avance*, según el cual la expansión démica desde el Próximo Oriente hacia Europa tuvo una gran influencia en la composición genética de las poblaciones actuales. Sin embargo, Richards et al. (1996), basándose en los patrones de diversidad mitocondrial europea actual, propusieron un origen predominantemente Paleolítico de la diversidad mitocondrial europea, con una contribución Neolítica minoritaria (12%), restringida a las variantes dentro del cluster mitocondrial J.

Estudios posteriores con nuevas metodologías, como el *análisis de linajes mitocondriales fundadores*, pudieron identificar las variantes asociadas a cada una de las expansiones poblacionales, que supuestamente han modelado el pool génico de las poblaciones europeas actuales (Richards et al., 1998, 2000; Macaulay et al., 1999). Durante el Paleolítico Superior se habrían introducido en Europa los haplogrupos: U (Paleolítico Superior Inicial), HV, U1 y posiblemente también, U2 y U4, (Paleolítico Superior Medio) y algunos subclusters del haplogrupo H (H-CRS, H-16304 y H-16362, 16482) (Paleolítico Superior Final). Únicamente aquellas variantes situadas en la base de los haplogrupos J, T1, U3 y algunos sub-clusters de los haplogrupos H y W, podrían haber sido introducidos en Europa durante las expansiones del Neolítico (Figura 1). Según estos estudios, el porcentaje de variabilidad genética actual asociada a las expansiones neolíticas no sería superior al 23%, con valores entre 9-12% en las poblaciones mediterráneas y sensiblemente superiores en centro Europa (15-22%). Posteriormente, el grupo de Torroni tras analizar la frecuencia y distribución actual de ciertos haplogrupos europeos, como el V y los subgrupos H1 y H3, concluyó que estos clusters, presentes ya en Europa a finales del Paleolítico Superior, sufrieron nuevas expansiones desde la franja cantábrica de la Península Ibérica hacia el norte de Europa tras la última glaciación, hace ~11 kya (Torroni et al., 1998, 2001; Achilli et al., 2004).



**Figura 1.** Edad y frecuencias estimadas para los principales haplogrupos mitocondriales europeos. PS: Paleolítico Superior; PSM Paleolítico Superior Medio y PSF Paleolítico Superior Final. (Figura modificada de Richards et al., 2000).

Actualmente, con la revisión y mejora del reloj molecular mitocondrial, se han propuesto variaciones en la cronología de algunos haplogrupos mitocondriales (Tabla 1) (Soares et al., 2009). La mayoría de los clados mantienen unas edades similares a las estimadas mediante otros estadísticos, tal es el caso del haplogrupo U5 cuyo origen se asocia a la colonización de Europa por parte de *HSAM*, en el Paleolítico Superior. Para el haplogrupo H se propone una edad de coalescencia menor, mostrándose como un posible marcador de la expansión desde los refugios glaciales europeos después del *LGM* (*Last Glacial Maximum*). Asimismo, los linajes H1, H3, y V se asocian a esta reexpansión (Soares et al., 2010).

La expansión del Neolítico vendría representada por los haplogrupos J y K2a, en los que si se ha obtenido una redefinición de la edad de coalescencia, que coincidiría con la dispersión del Neolítico en Europa (Soares et al., 2010).

**Tabla 1.** Edad de los principales haplogrupos europeos según distintos relojes moleculares, estimadas con un intervalo de confianza del 95%. p, estimador de la diversidad; ML, máxima verosimilitud. a, secuencia completa del ADNmt; b, cambios sinónimos; c, transiciones sinónimas; d, región codificante. (datos tomados de Soares et al., 2010).

HG	MLa	pa	pb	pc	pd
U	55,8 (48,5 - 63,3)	50,7 (40,9 - 60,9)	52,7 (37,8 - 67,6)	50,4 (36,0 - 64,9)	54,4 (41,9 - 66,9)
U8	51,3 (44,0 - 58,8)	49,1 (30,4 - 68,8)	52,9 (22,2 - 83,5)	50,5 (44,0 - 58,8)	55,3 (31,2 - 79,5)
K	31,6 (24,2 - 39,2)	25,1 (16,9 - 36,3)	22,0 (15,4 - 28,6)	20,5 (14,1 - 26,9)	28,3 (17,0 - 39,6)
K2a	8,8 (5,4 - 12,3)	6,8 (3,7 - 9,9)	7,5 (3,1 - 11,8)	7,2 (3,0 - 11,4)	6,2 (3,5 - 8,9)
U5	36,9 (27,5 - 46,6)	31,3 (21,4 - 41,5)	31,7 (13,0 - 50,4)	30,3 (12,2 - 48,5)	29,7 (17,9 - 41,4)
U5b1	20,4 (14,9 - 26,1)	17,4 (9,9 - 25,2)	25,6 (6,3 - 44,9)	24,6 (5,9 - 43,3)	19,6 (8,2 - 31,0)
U5b1b1	8,3 (4,4 - 12,3)	9 (4,8 - 13,3)	61 (0,7 - 11,5)	5,9 (0,7 - 11,4)	7,3 (3,6 - 11,1)
U5b3	13,0 (9,7 - 16,3)	13,2 (8,2 - 18,2)	9,0 (5,5 - 12,3)	8,1 (4,9 - 11,3)	10,2 (6,2 - 14,2)
U4	20,8 (15,8 - 26,0)	17,8 (12,3 - 23,4)	12,7 (7,9 - 17,5)	12,2 (7,6 - 16,8)	20,4 (13,1 - 27,8)
I	24,7 (19,0 - 30,5)	25,1 (16,9 - 33,6)	22,0 (15,4 - 28,6)	20,5 (14,2 - 26,9)	28,3 (17,0 - 39,6)
H	17,5 (15,6 - 19,4)	15,7 (13,3 - 18,0)	16,2 (12,9 - 19,5)	15,2 (12,1 - 18,4)	18,8 (14,6 - 21,6)
H1	11,1 (9,3 - 12,8)	10,8 (8,8 - 12,8)	9,5 (7,2 - 11,7)	8,8 (6,7 - 11,0)	11,0 (9,1 - 12,9)
H3	11,5 (8,9 - 12,9)	10,8 (8,5 - 13,2)	9,5 (6,3 - 12,6)	8,8 (5,8 - 11,7)	11,1 (8,4 - 13,8)
H5	13,9 (10,7 - 17,1)	12,4 (7,3 - 17,3)	15,1 (3,0 - 27,2)	14,6 (2,9 - 26,4)	16,1 (7,7 - 24,6)
V	11 (8,5 - 13,5)	10,2 (7,9 - 12,5)	10,7 (7,6 - 13,8)	10,1 (7,1 - 13,1)	13,2 (9,7 - 16,7)
J2a1a	7,7 (1,7 - 13,9)	7,9 (2,7 - 13,3)	5,3 (0 - 13,4)	5,1 (0 - 13,0)	9,8 (1,8 - 16,6)

Sobre la diversidad del cromosoma Y (NRY), diversos estudios han detectado la presencia de un gradiente sureste-noroeste en Eurasia, que ha sido interpretado como la huella genética de la expansión neolítica (Semino et al., 1996, 2000; Rosser et al., 2000). Un análisis detallado de la filogenia del cromosoma Y, mediante 22 marcadores binarios, permitió realizar una estima de la contribución de los agricultores neolíticos al pool génico europeo, siendo ésta de un 22% (Semino et al., 2000).

Un reciente análisis de la variabilidad del cromosoma Y en 2.574 muestras europeas, puso de relieve que el haplogrupo más frecuente en Europa es el R1b1b2, cuya edad de coalescencia, estimada en base a marcadores microsatélites del cromosoma Y, arroja fechas en torno a 7-6 kya (Balaresque et al., 2010). La representación de la filogenia de este haplogrupo tiene forma estrellada, lo que indica un único foco de origen y dispersión, siendo la población de Turquía la que ocupa el nodo central. En consecuencia, Balaresque et al. (2010) proponen que el haplogrupo R1b1b2 se originó en Turquía, hace 7-6 kya, desde donde se dispersó al resto de Europa portado por los hombres agricultores. Esta conclusión discrepa de anteriores estudios, que proponen a este haplogrupo como marcador de la reexpansión mesolítica desde los refugios glaciales de la región Franco-Cantábrica, los Balcanes y los Alpes (Semino et al. 2000; Rosser et al. 2000).

Las estimas de la contribución de la variabilidad genética del Neolítico y del Paleolítico al pool génico europeo, han proporcionado resultados contradictorios. Chikhi et al. (2002) cuantificaron la contribución neolítica en Europa entre un 50-60%, tomando como representante de las poblaciones paleolíticas a la población actual del País Vasco y Cerdeña, y como poblaciones neolíticas a las de Turquía, Líbano y Siria. Otros estudios han cuantificado la contribución neolítica en un 22%, teniendo en cuenta las variantes cuya distribución de frecuencias sigue un patrón compatible con la dispersión del Neolítico en Europa (Semino et al., 2000; Richards et al., 2000). Estudios de simulación concluyen que incluso una contribución genética pequeña del Paleolítico, habría sido suficiente para garantizar su persistencia hasta la actualidad y enmascarar la huella genética de la difusión de los primeros agricultores desde el Próximo Oriente (Currat y Excoffier, 2005).

### **Diversidad genética en las poblaciones prehistóricas**

El análisis del ADN recuperado de restos humanos antiguos, constituye una aproximación directa a la variabilidad genética existente en el pasado, permitiendo contrastar las hipótesis planteadas a partir de los datos actuales. Estos análisis han puesto de manifiesto que nuestra historia evolutiva es más compleja que la inferida a partir de los datos genéticos actuales (Maca-Meyer et al., 2005; Fregel et al., 2009a, 2009b; Casas et al., 2006; Alzualde et al., 2005, 2006, 2007). Los estudios de ADN publicados en los últimos años acerca de la diversidad mitocondrial de grupos neolíticos y de cazadores-recolectores del Paleolítico Superior, están permitiendo evaluar y proponer diferentes hipótesis sobre la expansión de la economía productora durante el Neolítico (Bramanti et al., 2009; Haak et al., 2005; Sampietro et al., 2007; Malmström et al., 2009; Ghirotto et al., 2010).

El análisis de ADNmt de restos óseos pertenecientes a los primeros agricultores neolíticos de Europa central (7.5-7 kya), ha cuestionado la aportación de los grupos neolíticos al pool génico de los europeos actuales (Haak et al., 2005). Estos primeros agricultores neolíticos de Europa central muestran una frecuencia elevada de haplotipos mitocondriales pertenecientes al haplogrupo N1a (25%), cuya frecuencia es extremadamente baja en la población europea actual (0,2%), lo que se ha interpretado como prueba de una insignificante contribución genética de los agricultores neolíticos al pool génico de los europeos actuales. En caso de que hubieran existido cruzamientos, éstos se habrían dado entre hombres agricultores y mujeres indígenas cazadoras-recolectoras. Por otro lado, los autores rechazan la posibilidad de que este haplogrupo haya disminuido su frecuencia, por efecto de la deriva genética que pudo haber acontecido durante los últimos 7.500 años. El modelo de neolitización propuesto por Haak et al. (2005), basado en el análisis de ADNmt de una

muestra de los primeros agricultores neolíticos de Europa Central, ha recibido algunas críticas, tanto por la carencia de muestras de poblaciones cazadoras-recolectoras como por la generalización del modelo a toda Europa (Balter, 2005; Ammerman et al., 2006).

El análisis del ADNmt de individuos procedentes del yacimiento neolítico de “Cami de Can Grau” (Granollers, Barcelona), de finales del quinto milenio (Sampietro et al., 2007), muestra unos resultados diferentes a los publicados por Haak et al. (2005) en relación a la dispersión de la agricultura. Ninguno de los individuos recuperados en el yacimiento de Cataluña pertenece al haplogrupo N1a, mientras que se confirma la existencia de linajes mitocondriales característicos de las poblaciones actuales de la Península Ibérica y de la zona mediterránea de Europa. Sampietro et al. (2007) proponen, por tanto, un modelo dual para explicar el proceso de dispersión de la agricultura durante el Neolítico, por un lado se trataría de una difusión démica en la región mediterránea de Europa y por otro lado de aculturación en la zona central de Europa.

Los estudios más recientes de ADN incorporan muestras de cazadores-recolectores de dos regiones de Europa (Escandinavia y Europa central) y sugieren que existe una discontinuidad genética entre las poblaciones cazadoras-recolectoras y las neolíticas en ambas zonas, registrando asimismo, una discontinuidad genética con respecto a las poblaciones actuales. Estos dos estudios, plantean por tanto la existencia de un reemplazamiento poblacional, tanto en el periodo Neolítico como en épocas post-neolíticas (Malmström et al., 2009; Bramanti et al., 2009). Por otro lado, el estudio de Bramanti et al. (2009) analiza muestras de cazadores-recolectores y de europeos actuales de la zona central de Europa y completa así el estudio realizado por Haak et al. (2005) sobre grupos neolíticos de esta misma región geográfica. Las tres muestras poblacionales (cazadores-recolectores, agricultores y europeos actuales), presentan diferencias estadísticamente significativas, lo que unido a un análisis de simulaciones usando la teoría del coalescente, lleva a desestimar la posibilidad de continuidad genética desde los cazadores-recolectores hasta los primeros agricultores y la actualidad. Según Bramanti et al. (2009), la transición cultural neolítica acontecida en la zona central de Europa, habría ido acompañada de un influjo sustancial de gentes de las regiones adyacentes, al menos durante la fase inicial del Neolítico, pero no se habrían mezclado significativamente con las mujeres cazadores-recolectores locales.

El último estudio de ADN realizado en cazadores-recolectores hasta el momento, corresponde al análisis de una muestra de 19 individuos de Escandinavia de hace 6-4 kya, que subsistieron en paralelo con los primeros grupos neolíticos en esta región geográfica (Malmström et al., 2009). Los resultados obtenidos, tales como unas elevadas frecuencias de los haplogrupos U5 (35%) y U4 (47,4%) y la ausencia de haplotipos pertenecientes al haplogrupo N1a, apoyan la posibilidad de una discontinuidad genética entre las poblaciones cazadoras-recolectoras y las neolíticas y actuales en esta zona, por lo que se propone la existencia de un evento de reemplazamiento poblacional, tanto en el periodo Neolítico como post-Neolítico (Malmström et al., 2009).

### **Estudios de ADNmt en poblaciones prehistóricas del País Vasco**

Nuestro grupo ha realizado recientemente un análisis de la variabilidad del ADNmt de los individuos de dos yacimientos neolíticos de Navarra: Los Cascajos ( $6.435 \pm 45$  -  $5.100 \pm 50$ BP) y Pateranbidea ( $6.090 \pm 40$  -  $5.960 \pm 40$ BP), con el fin de aportar una nueva visión sobre el proceso de neolitización en la región norte de la Península Ibérica (Hervella, 2010c). Estos yacimientos constituyen una referencia fundamental sobre el mundo funerario de las primeras comunidades campesinas. En Los Cascajos se han recuperado restos de prácticas ganaderas y agrícolas, así como otras evidencias arqueológicas que definen este enclave como un poblado neolítico al aire libre, lo que resulta una novedad en el contexto de los yacimientos coetáneos de esta región, dispuestos mayoritariamente en cuevas y abrigos (Hervella et al., 2010a). En el yacimiento de Pateranbidea se han encontrado cerámicas y ajuares propios de la época neolítica y además se ha localizado un espacio funerario con enterramientos dobles y múltiples (Hervella et al., 2010b). La

comprensión del proceso de neolitización en la cornisa cantábrica, requiere analizar la transición genética de los grupos humanos de esta región desde el periodo Magdaleniense hasta la actualidad. Para ello, hemos abordado asimismo el análisis genético de los individuos recuperados de nueve yacimientos localizados en la franja cantábrica (País Vasco, Navarra y Cantabria), cuya cronología abarca desde el periodo Magdaleniense hasta la Edad del Bronce, y cuya economía es cazadora-recolectora o productora, según el periodo. Los yacimientos paleolíticos analizados son: Aizpea, Erralla, La Chora y La Pasiega; los neolíticos: Los Cascajos, Paternanbidea, Fuente Hoz y Marizulo; y del Bronce: Urtiaga (Hervella, 2010).

El diseño metodológico utilizado para este estudio, se ha adaptado al análisis de ADN altamente degradado. Se han seleccionado muestras pertenecientes a 47 individuos, tomando al menos dos muestras por individuo con el fin de autentificar los resultados. Se han tenido en cuenta las precauciones y criterios de autenticación propuestos por la comunidad científica y se han incluido controles de contaminación durante la extracción y la amplificación de las muestras. Además, se ha estimado la cantidad del ADNmt mediante qPCR (Hervella, 2010).

Se ha realizado la clonación de un total de 54 fragmentos del HVS-I mitocondrial de 42 de los individuos analizados, con el fin de autentificar los resultados de la secuenciación y detectar los errores debidos a las modificaciones presentes en la secuencia de los extractos antiguos. Además, el haplogrupo mitocondrial se ha determinado mediante los marcadores de la región codificante (RFLPs) y la secuencia del HVS-I. En los 42 individuos prehistóricos analizados, se han obtenido 22 haplotipos mitocondriales diferentes, que se pueden clasificar en seis haplogrupos: H, I, J, K, U y HV, los cuales se encuentran entre los haplogrupos mitocondriales más frecuentes en Europa. Existe, por tanto, una elevada variabilidad genética, encontrándose los mismos haplotipos tanto en individuos de época Magdaleniense como del Neolítico y en la población actual, aunque con una distribución de frecuencias diferente (Hervella, 2010). La frecuencia más elevada se ha encontrado en haplotipos pertenecientes al haplogrupo H (45%), que está presente en cinco de los nueve yacimientos analizados. Esta frecuencia es similar a la que se observa actualmente en la población europea y vasca.

Se ha propuesto que el haplogrupo H se originó en el Próximo Oriente hace 17,5 kya (Soares et al., 2010), extendiéndose por Europa posiblemente asociado a la difusión de la tecnología grave-tiense durante el Paleolítico y, asimismo, estuvo implicado en las expansiones ocurridas desde los refugios glaciales tras el LGM (Torrioni et al., 1998; Richards et al., 2000; Soares et al., 2010).

El haplogrupo U, uno de los más antiguos existentes en Europa, es el segundo más frecuente en el conjunto de las poblaciones prehistóricas analizadas (28%), y está presente en poblaciones de diferente cronología, desde la época Magdaleniense hasta la actualidad. Su origen se asocia a la aparición y expansión en Europa de los HSAM, estimándose su edad en 45-50 kya (Richards et al., 2000). Se subdivide en al menos 8 subhaplogrupos y éstos a su vez se clasifican en decenas de subclados. El subhaplogrupo U5 es el más frecuente en los grupos cazadores-recolectores analizados hasta el momento (Escandinavia, Centro Europa y Cornisa cantábrica), encontrándose también en algunos yacimientos neolíticos del País Vasco, aunque con una frecuencia muy inferior, y está sin embargo ausente en otras poblaciones neolíticas europeas (Hervella, 2010).

El haplogrupo V fue propuesto como marcador de la recolonización post-glacial desde refugios franco-cantábricos hacia el norte de Europa, dada la elevada frecuencia y variabilidad encontrada para este haplogrupo en una muestra de la población vasca actual (Torrioni et al., 1999). La hipótesis propuesta por Torrioni et al. (1998) fue rebatida con datos de ADN<sub>a</sub> por nuestro grupo (Izagirre y de la Rúa, 1999), ya que no se encontró ningún individuo perteneciente al haplogrupo V en un centenar de muestras calcolíticas del País Vasco, por lo que concluimos que la mutación que define el haplogrupo V pudo aparecer en un momento en el que el tamaño efectivo de la población era lo suficientemente pequeño como para permitir que la deriva génica diferenciara los distintos grupos

poblacionales de esta región, y que tal vez pudiera ser ésta la razón de la heterogeneidad observada en las muestras vascas actuales.

En un reciente estudio, García et al. (2010) proponen una tendencia clinal longitudinal, en lugar de latitudinal, para la reexpansión post-glacial desde los refugios de la cornisa cantábrica, y consideran también como posible foco de origen, la región de Cataluña y el sureste de Francia. En cuanto a las muestras actuales del País Vasco, presentan una cierta heterogeneidad para el haplogrupo V (12-3%), y en las muestras prehistóricas analizadas en el presente estudio, no se ha encontrado ningún individuo perteneciente a este haplogrupo. Estos resultados coinciden con el estudio previo realizado por nuestro grupo (Izagirre y de la Rúa, 1999).

Teniendo en cuenta la edad de coalescencia y el origen del haplogrupo J (7-6,6 kya) (Richards et al., 2000), lo ha propuesto como marcador de la expansión de los agricultores neolíticos. El haplogrupo J presentó una frecuencia muy baja en una muestra de vascos actuales (2,4%) (Richards et al., 2000), lo que se interpretó como resultado de un menor impacto de los agricultores neolíticos en el País Vasco (Bertranpetit et al., 1995; Cavalli-Sforza y Minch, 1997; González et al., 2003). Sin embargo, en otra muestra de vascos actuales se ha descrito una frecuencia más elevada del haplogrupo J (14,5%) (Alfonso-Sánchez et al., 2008). En las poblaciones antiguas del País Vasco, los valores de la frecuencia del haplogrupo J oscilan entre el 6-16% (Izagirre y de la Rúa, 1999; Alzualde et al., 2005, 2006; Hervella, 2010). Según estos datos, parece que la influencia cultural neolítica observada en los yacimientos vascos de cronología neolítica, habría ido acompañada de cierto aporte genético, al igual que ocurre en otras poblaciones neolíticas estudiadas hasta el momento (Cataluña y Europa Central) (Sampietro et al., 2007; Haak et al., 2005).

El haplogrupo N1a fue propuesto por Haak et al. (2005), como un posible marcador genético de los primeros agricultores neolíticos que vivieron en el centro y norte de Europa hace 7.500 años, ya que presentan una elevada frecuencia (25%), muy superior a la observada en la población europea actual de la misma zona, 0,2%. En base a estos datos, propusieron que estos primeros agricultores neolíticos no habrían contribuido al pool génico de los europeos actuales. Sin embar-

**Tabla 2.** Test exacto de diferenciación poblacional y su desviación estándar ( $p \pm de$ ) (Raymond y Rousset, 1995) (\* $P < 0,00075$ ). Cazadores-Recolectores Centro Europa y Cantábrico (CR\_CE, CR\_CANT). Neolíticos Cataluña, Centro Europa, Paternanbidea y Cascajos (NEO\_CAT, NEO\_CE, NEO\_PAT, NEO\_CAS).

	CR_SCA	CR_CE	CR_CANT	NEO_CAT	NEO_CE	NEO_PAT	NEO_CAS	País Vasco	Europa mediterránea	Europa central	Europa noreste
CR_CE	0,93512 $\pm 0,0022$	-									
CR_CANT	0,19789 $\pm 0,0094$	0,10096 $\pm 0,0027$	-								
NEO_CAT	0,00011 $\pm 0,0001$	0,00012 $\pm 0,0001$	0,38583 $\pm 0,0075$	-							
NEO_CE	0,00000 $\pm 0,0000$	0,00000 $\pm 0,0000^*$	0,33546 $\pm 0,0063$	0,14852 $\pm 0,0057$	-						
NEO_PAT	0,00002 $\pm 0,0000^*$	0,00008 $\pm 0,0001^*$	0,54119 $\pm 0,0041$	0,68141 $\pm 0,0045$	0,12457 $\pm 0,0050$	-					
NEO_CAS	0,00001 $\pm 0,0000^*$	0,00000 $\pm 0,0000^*$	0,64594 $\pm 0,0049$	0,04239 $\pm 0,0012$	0,00007 $\pm 0,0004^*$	0,31359 $\pm 0,0051$	-				
País Vasco	0,00000 $\pm 0,0000^*$	0,00000 $\pm 0,0000^*$	0,16854 $\pm 0,0098$	0,01297 $\pm 0,0016$	0,00000 $\pm 0,0000^*$	0,0296 $\pm 0,0040$	0,10729 $\pm 0,0054$	-			
Europa mediterránea	0,00000 $\pm 0,0000^*$	0,00000 $\pm 0,0000^*$	0,39864 $\pm 0,0084$	0,36325 $\pm 0,0116$	0,00000 $\pm 0,0000^*$	0,40842 $\pm 0,0070$	0,25149 $\pm 0,0119$	0,00000 $\pm 0,0000^*$	-		
Europa central	0,00000 $\pm 0,0000^*$	0,00000 $\pm 0,0000^*$	0,15162 $\pm 0,0073$	0,02598 $\pm 0,0025$	0,00236 $\pm 0,00006$	0,02634 $\pm 0,0028$	0,00076 $\pm 0,0005$	0,00000 $\pm 0,0000^*$	0,00000 $\pm 0,0000^*$	-	
Europa noreste	0,00000 $\pm 0,0000^*$	0,00000 $\pm 0,0000^*$	0,2639 $\pm 0,0099$	0,11963 $\pm 0,0055$	0,00025 $\pm 0,0000^*$	0,06293 $\pm 0,0042$	0,02192 $\pm 0,0035$	0,00000 $\pm 0,0000^*$	0,00000 $\pm 0,0000^*$	0,00000 $\pm 0,0000^*$	-
Próximo Oriente	0,00000 $\pm 0,0000^*$	0,00000 $\pm 0,0000^*$	0,62201 $\pm 0,0069$	0,23236 $\pm 0,0075$	0,00000 $\pm 0,0000^*$	0,21776 $\pm 0,0081$	0,09962 $\pm 0,0053$	0,00000 $\pm 0,0000^*$	0,00000 $\pm 0,0000^*$	0,00000 $\pm 0,0000^*$	0,00000 $\pm 0,0000^*$

go, recientemente el mismo grupo de investigación incorporó datos de cazadores-recolectores de esta misma región, y no encontraron ningún representante del haplogrupo N1a (Bramanti et al., 2009), lo que fue interpretado como prueba de la existencia de una discontinuidad genética entre los cazadores-recolectores y los grupos neolíticos. Esta discontinuidad podría ser el reflejo del influjo genético de grupos neolíticos provenientes de otras regiones (Bramanti et al., 2009). El haplogrupo N1a no se ha encontrado en las muestras prehistóricas analizadas en el presente estudio, ni en ninguna otra muestra neolítica de Europa, hasta el presente. El linaje N1a requiere por tanto, un estudio en mayor profundidad.

Hemos comparado la variabilidad genética de las muestras prehistóricas con la de poblaciones actuales de Europa y del Próximo Oriente, mediante un test de diferenciación poblacional (Raymond y Rousset, 1995) (Tabla 2). En este análisis solo se han considerado las muestras neolíticas que tuvieran cierto tamaño muestral, ya que existen yacimientos neolíticos en la Península Ibérica, que aunque son importantes, no ofrecen tamaños muestrales estadísticamente significativos (tales como los publicados por García Sivoli et al. [2004] y Fernández [2005]). El test de diferenciación poblacional (Tabla 2) indica que los cazadores-recolectores europeos presentan diferencias estadísticamente significativas con todas las poblaciones comparadas, tanto actuales como antiguas. También se observan diferencias entre las poblaciones antiguas y las poblaciones actuales comparadas (Europa y el Próximo Oriente). Las poblaciones neolíticas de la Península Ibérica (Cataluña, Los Cascajos y Paternanbidea) y de Europa central, no muestran el mismo grado de diferenciación respecto a las poblaciones actuales comparadas (Europa y el Próximo Oriente). Sólo los neolíticos de centro Europa muestran diferencias estadísticamente significativas con las poblaciones actuales y con los neolíticos de Los Cascajos (Hervella, 2010).

Estos resultados indican que la neolitización pudo haber producido un impacto genético diferente en los distintos grupos indígenas de Europa. Por tanto, los datos de ADN antiguo procedentes de diversos asentamientos prehistóricos europeos, no son compatibles con los modelos extremos sobre la difusión del Neolítico en Europa, adaptándose más a otros modelos que proponen una influencia relativa de la neolitización en las poblaciones indígenas. No obstante, no hay que olvidar que este trabajo hace referencia únicamente a los linajes genéticos transmitidos vía materna, siendo posible que los linajes paternos hayan tenido diferente contribución en el proceso de la neolitización. Nuestro trabajo futuro, pretende implementar nuevos abordajes metodológicos que permitan analizar regiones más amplias del genoma en muestras antiguas.

### Agradecimientos

La investigación propia contenida en este trabajo, ha sido realizada gracias a la financiación del Ministerio de Educación e Innovación mediante los proyectos CGL-2004-03300 y GCL-2007-65515. Además de la subvención a Grupos de Investigación del Sistema Universitario Vasco concedida por el Gobierno Vasco desde el año 2007 (GI07/43-IT453-07) y la renovación hasta el 2015 (IT542-10).

### Bibliografía

- ACHILLI A, RENGO C, MAGRI C, BATTAGLIA V, OLIVIERI A, SCOZZARI R, CRUCIANI F, ZEVIANI M, BRIEM E, CARELLI V, MORAL P, DUGOUJON JM, ROOSTALU U, LOOGVALI EL, KIVISILD T, BANDELT HJ, RICHARDS M, VILLEMS R, SANTACHIARA-BENERECETTI AS, SEMINO O, TORRONI A (2004) The molecular dissection of mtDNA haplogroup H confirms that the Franco-Cantabrian glacial refuge was a major source for the European gene pool. *Am. J. Hum. Genet.* 75: 910-918.
- ALFONSO-SÁNCHEZ MA, CARDOSO S, MARTÍNEZ-BOUZAS C, PEÑA JA, HERRERA RJ, CASTRO A, FERNÁNDEZ-FERNÁNDEZ I, MTZ DE PAN-CORBO MA (2008) Mitochondrial DNA haplogroup diversity in Basques: A reassessment based on HVI and HVII polymorphisms. *Am. J. Hum. Biol.* 20: 154-156.
- ALZUALDE A, IZAGIRRE N, ALONSO S, ALONSO A, DE LA RÚA C (2005) Temporal mitochondrial DNA variation in the Basque Country: influence of post-Neolithic events. *Ann. Hum. Genet.* 69: 665-679.
- ALZUALDE A, IZAGIRRE N, ALONSO S, ALONSO A, ALBARRAN C, AZKARATE A, DE LA RÚA C (2006) Insights into the "isolation" of the Basques: mtDNA lineages from the historical site of Aldaieta



- (6th-7th centuries AD). *Am. J. Phys. Anthropol.* 130: 394-404.
- ALZUALDE A, IZAGIRRE N, ALONSO S, ALONSO A, AZKARATE A, DE LA RÚA, C (2007) Influences of the European Kingdoms of Late Antiquity on the Basque Country: An Ancient DNA Study. *Curr. Anthropol.* 48: 155-162.
- AMMERMAN AJ Y CAVALLI-SFORZA LL (1984). Neolithic transmission and the genetics of population. Princeton University Press.
- AMMERMAN AJ, PINHASI R Y BÁNFFY E (2006) Comment on "Ancient DNA from the first European farmers in 7500-year-old Neolithic sites". *Science*, 312: 1875.
- BALARESQUE P, BOWDEN GR, ADAMS SM, LEUNG HY, KING TE, ROSSER ZH, GOODWIN J, MOISAN JP, RICHARD C, MILLWARD A, DEMAINE AG, BARBUJANI G, PREVIDERÈ C, WILSON IJ, TYLER-SMITH C, JOBLING MA (2010) A predominantly neolithic origin for European paternal lineages. *PLOS Biol.* 19: 8(1).
- BALTER M (2005) Ancient DNA yields clues to the puzzle of European origins. *Science*, 10:964-965.
- BERTRANPETIT J, SALA J, CALAFELL F, UNDERHILL PA, MORAL P, COMAS D (1995) Human mitochondrial DNA variation and the origin of Basques. *Ann. Hum. Genet.* 59: 63-81.
- BRAMANTI B, THOMAS MG, HAAK W, UNTERLAENDER M, JORES P, TAMBETS K, NTANAITIS-JACOBS I, HAIDLE MN, JANKAUSKAS R, KIND CJ, LUETH F, TERBERGER T, HILLER J, MATSUMURA S, FORSTER P, BURGER J (2009) Genetic Discontinuity Between Local Hunter-Gatherers and Central Europe's First Farmers. *Science*, 326: 137-140.
- CASAS MJ, HAGELBERG E, FREGEL R, LARRUGA JM, GONZALEZ AM (2006) Human mitochondrial DNA diversity in an archaeological site in al-Andalus: Genetic impact of migrations from North Africa in medieval Spain. *Am. J. Phys. Anthropol.* 131: 539-551.
- CAVALLI-SFORZA LL Y MINCH E (1997) Paleolithic and Neolithic lineages in the European mitochondrial gene pool. *Am. J. Hum. Genet.* 61: 247-254.
- CHIKHI L, NICHOLS RA, BARBUJANI G Y BEAUMONT MA (2002) Y genetic data support the Neolithic demic diffusion model. *Proc. Natl. Acad. Sci., U.S.A.* 99: 11008-11013.
- CURRAT M Y EXCOFFIER L (2005) The effect of the Neolithic expansion on European molecular diversity. *Proc. Biol. Sci.* 272: 679-688.
- DENNELL RW (1985) Neolithic Advances: The Neolithic Transition and the Genetics of Populations in Europe. *Science* 227: 1331.
- FERNANDEZ E (2005) Polimorfismos de DNA mitocondrial en poblaciones antiguas de la cuenca mediterránea. Tesis doctoral. Universidad Autónoma de Barcelona. <http://www.tdx.cat/TDX-0123106-084234>
- FREGEL R, GOMES V, GUSMAO L, GONZALEZ AM, CABRERA VM, AMORIM A, LARRUGA JM (2009a) Demographic history of Canary Islands male gene-pool: replacement of native lineages by European. *BMC Evol. Biol.* 9: 181.
- FREGEL R, PESTANO J, ARNAY M, CABRERA VM, LARRUGA JM, GONZALEZ AM (2009b) The maternal aborigine colonization of La Palma (Canary Islands). *Eur. J. Hum. Genet.* 17: 1314-1324.
- GARCÍA O, FREGEL R, LARRUGA JM, ÁLVAREZ V, YURREBASO I, CABRERA VM, GONZÁLEZ AM (2010) Using mitochondrial DNA to test the hypothesis of a European post-glacial human recolonization from the Franco-Cantabrian refuge. *Heredity* (in press).
- GARCÍA SIVOLI C, MONTIEL R Y MALGOSA A (2003/4) Análisis de haplogrupos de DNAmT en restos dentales del Neolítico y Bronce catalán. *Rev. Esp. Antrop. Fis.* 24: 109-122.
- GHIROTTO S, MONA S, BENAZZO A, PAPAARAZZO F, CARAMELLI D, BARBUJANI G (2010) Inferring Genealogical Processes Patterns of Bronze-Age and Modern DNA variation in Sardinia. *Mol. Biol. Evol.* 27: 875-886
- GONZÁLEZ AM, BREHM A, PÉREZ JA, MACAMEYER N, FLORES C, CABRERA VM (2003) Mitochondrial DNA Affinities at the Atlantic Fringe of Europe. *Am. J. Phys. Anthropol.* 120: 391-404.
- HAAK W, FORSTER P, BRAMANTI B, MATSUMURA S, BRANDT G, TANZER M, VILLEMS R, RENFREW C, GRONENBORN D, ALT KW, BURGER J (2005) Ancient DNA from the first European farmers in 7500-year-old Neolithic sites. *Science*, 310: 1016-1018.
- HERVELLA M (2010) Variación temporal del ADNmt en poblaciones de la Cornisa cantábrica. Contribución del ADN antiguo. Tesis doctoral (inédita). Universidad del País Vasco (UPV/EHU).
- HERVELLA M, IZAGIRRE N, ALONSO S, DE LA RÚA C (2010a) Primeros datos genéticos del Neolítico Antiguo de Navarra. *Munibe, Antropología-Arqueología*, 61: 15-23.
- HERVELLA M, IZAGIRRE N, ALONSO S, DE LA RÚA C (2010b) Enterramientos en fosa en el Neolítico antiguo en Navarra: evaluación de las evidencias arqueológicas mediante el estudio antropológico y molecular. *Rev. Esp. Antrop. Fis.* 30: 31-38.
- HERVELLA M, IZAGIRRE N, ALONSO S, DE LA RÚA C (2010c) Genetic contribution of Neolithic spread into european populations: evidences from ancient DNA. *Eur. J. Hum. Genet.* (enviado).
- IZAGIRRE N Y DE LA RÚA C (1999) An mtDNA analysis in ancient Basque populations: implications for haplogroup V as a marker for a major Paleolithic expansion from southwestern Europe. *Am. J. Hum. Gene.* 65: 199-207.
- MACA-MEYER N, CABRERA V, ARNAY M, FLORES C, FREGEL R, GONZALEZ AM, LARRUGA JM (2005) Mitochondrial DNA diversity in 17th-18th century remains from Tenerife (Canary Island). *Am. J. Phys. Anthropol.*, 127: 418-426.

- MACAULAY V, RICHARDS M, HICKEY E, VEGA E, CRUCIANI F, GUIDA V, SCOZZARI R, BONNÉ-TAMIR B, SYKES B, TORRONI A (1999) The emerging tree of west Eurasian mtDNAs: a synthesis of control-region sequences and RFLPs. *Am. J. Hum. Genet.* 64: 232-249.
- MALMSTRÖM H, GILBERT MT, THOMAS MG, BRANDSTROM M, STORA J, MOLNAR P, ANDERSEN PK, BENDIXEN C, HOLMLUND G, GOTHERSTROM A, WILLERSLEV E (2009) Ancient DNA reveals lack of continuity between neolithic hunter-gatherers and contemporary Scandinavians. *Curr. Biol.* 19: 1758-1762.
- RAYMOND M, Y ROUSSET F (1995) An exact test for population differentiation. *Evolut.*, 49:1280-1283.
- RICHARDS M, CORTE-REAL H, FORSTER P, MACAULAY V, WILKINSON-HERBOTS H, DEMAINE A, PAPIHA S, HEDGES R, BANDELT HJ Y SYKES B (1996) Paleolithic and neolithic lineages in the European mitochondrial gene pool. *Am. J. Hum. Genet.* 59: 185-203.
- RICHARDS MB, MACAULAY VA, BANDELT HJ AND SYKES BC (1998) Phylogeography of mitochondrial DNA in western Europe. *Ann. Hum. Genet.* 62: 241-260.
- RICHARDS M, MACAULAY V, HICKEY E, VEGA E, SYKES B, GUIDA V, RENGÓ C, SELLITTO D, CRUCIANI F, KIVISILD T, VILLEMS R, THOMAS M, RYCHKOV S, RYCHKOV O, RYCHKOV Y, GOLGE M, DIMITROV D, HILL E, BRADLEY D, ROMANO V, CALI F, VONA G, DEMAINE A, PAPIHA S, TRIANTAPHYLIDIS C, STEFANESCU G, HATINA J, BELLEDI M, DI RIENZO A, NOVELLETTO A, OPPENHEIM A, NORBY S, AL-ZAHERI N, SANTACHIARA-BENERECETTI S, SCOZZARI R, TORRONI A Y BANDELT HJ (2000) Tracing European founder lineages in the Near Eastern mtDNA pool. *Am. J. Hum. Genet.* 67: 1251-1276.
- RICHARDS M (2003).The Neolithic transition in Europe: archaeological models and genetic evidence *Documenta Praehistorica XXX, Neolithic Studies* 10: 159-167.
- RICHARDS M, MACAULAY V, TORRONI A, BANDELT HJ (2002) In search of geographical patterns in European mitochondrial DNA. *Am. J. Hum. Genet.* 71: 1168-1174.
- ROSSER ZH, ZERJAL T, HURLES ME, ADOJAAN M, ALAVANTIC D, AMORIM A, AMOS W, ARMENTEROS M, ARROYO E, BARBUJANI G, BECKMAN G, BECKMAN L, BERTRANPETIT J, BOSCH E, BRADLEY DG, BREDE G, COOPER G, CORTE-REAL HB, DE KNIJFF P, DECORTE R, DUBROVA YE, EVGRAFOV O, GILISSEN A, GLISIC S, GOLGE M, HILL EW, JEZIOROWSKA A, KALAYDJIEVA L, KAYSER M, KIVISILD T, KRAVCHENKO SA, KRUMINA A, KUCINSKAS V, LAVINHA J, LIVSHITS LA, MALASPINA P, MARIA S, MCELREAVEY K, MEITINGER TA, MIKELSAAR AV, MITCHELL RJ, NAFA K, NICHOLSON J, NORBY S, PANDYA A, PARIK J, PATSALIS PC, PEREIRA L, PETERLIN B, PIELBERG G, PRATA MJ, PREVIDERE C, ROEWER L, ROOTSI S, RUBINSZTEIN DC, SAILLARD J, SANTOS FR, STEFANESCU G, SYKES BC, TOLUN A, VILLEMS R, TYLER-SMITH C, JOBLING MA (2000). Y-chromosomal diversity in Europe is clinal and influenced primarily by geography, rather than by language. *Am. J. Hum. Genet.* 67: 1526-1543.
- SAMPIETRO ML, LAO O, CARAMELLI D, LARI M, POU R, MARTI M, BERTRANPETIT J, LALUEZA-FOX C (2007) Palaeogenetic evidence supports a dual model of Neolithic spreading into Europe. *Proc. Biol. Sci.* 274: 2161-2167.
- SEMINO O, PASSARINO G, BREGA A, FELLOUS M, SANTACHIARA-BENERECETTI AS (1996). A view of the neolithic demic diffusion in Europe through two Y chromosome-specific markers. *Am. J. Hum. Genet.*, 59: 964-968.
- SEMINO O, PASSARINO G, OEFNER PJ, LIN AA, ARBUZOVA S, BECKMAN LE, DE BENEDICTIS G, FRANCALACCI P, KOUVATSI A, LIMBORSKA S, MARCIKIAE M, MIKA A, MIKA B, PRIMORAC D, SANTACHIARA-BENERECETTI AS, CAVALLISFORZA LL, UNDERHILL PA (2000) The genetic legacy of Paleolithic Homo sapiens sapiens in extant Europeans: a Y chromosome perspective. *Science.* 290: 1155-1159.
- SOARES P, ERMINI L, THOMSON N, MORMINA M, RITO T, ROHL A, SALAS A, OPPENHEIMER S, MACAULAY V, RICHARDS MB (2009). Correcting for purifying selection: an improved human mitochondrial molecular clock. *Am. J. Hum. Genet.* 84: 740-759.
- SOARES P, ACHILLI A, SEMINO O, DAVIES W, MACAULAY V, BANDELT HJ, TORRONI A, RICHARDS MB (2010). The archaeogenetics of Europe. *Curr. Biol.*, 20: R174-R183.
- TORRONI A, BANDELT HJ, D'URBANO L, LAHERMO P, MORAL P, SELLITTO D, RENGÓ C, FORSTER P, SAVONTAUS M L, BONNE-TAMIR B, SCOZZARI R (1998) mtDNA analysis reveals a major late Paleolithic population expansion from southwestern to northeastern Europe. *Am. J. Hum. Genet.* 62: 1137-1152.
- TORRONI A, BANDELT HJ, MACAULAY V, RICHARDS M, CRUCIANI F, RENGÓ C, MARTINEZ-CABRERA V, VILLEMS R, KIVISILD T, METSPALU E, PARIK J, TOLK HV, TAMBETS K, FORSTER P, KARGER B, FRANCALACCI P, RUDAN P, JANICIEVIC B, RICKARDS O, SAVONTAUS ML, HUOPONEN K, LAITINEN V, KOIVUMAKI S, SYKES B, HICKEY E, NOVELLETTO A, MORAL P, SELLITTO D, COPPA A, AL-ZAHERI N, SANTACHIARA-BENERECETTI AS, SEMINO O, SCOZZARI R (2001) A signal, from human mtDNA, of postglacial recolonization in Europe. *Am. J. Hum. Genet.* 69: 844-852.
- ZVELEBIL L (2000) Looking back at the Neolithic transition in Europe *European Journal of Archaeology*; 8: 183-190.

### **Abstract**

We revise the contribution of ancient DNA studies to the debate on the genetic influence of the Neolithic into Europe. In addition, we contribute new mtDNA data obtained by our team from several archaeological sites located along the Cantabrian Fringe, and whose antiquity ranges from the Magdalenian period to the Bronze Age. The mtDNA variability observed in this study and its analysis in the context of other prehistoric and extant samples from Europe and the Near East indicate that the Neolithic populations from the Cantabrian Fringe were subject to a gene flow process consequence of the Neolithic diffusion into the Iberian Peninsula. These aDNA data allow us to revisit the existing models on the Neolithic transition in Europe.

*Key words:* ancient DNA, Neolithic, Paleolithic, mitochondrial haplotypes, Cantabrian Fringe, demic diffusion

### **Ancient DNA and Neolithisation**