

Ijitoen jatorria, DNAn islatua

IJITOEK JATORRI EZEZAGUNA

Gaur egun, Europako herrialde anitzetan sakabanaturik, 11 milioi ijito (edo, zuzenago, *erroman*) bizi dira. Herrialde bakar batean elkartuko balira, Portugalen edo Belgikaren neurriko estatua osatuko lukete. Sakabanatze horren ondorioz, gaur egun erromaniak aniztasun erlijioso, linguistiko eta kultural itzela bereganatu dute. Hala ere, erromaniak ezaugarri bereizgarriak dituzte: erromaniera dute jatorrizko hizkuntza, gizartea talde hermetiko (sarri nomada) txikitzen antolatzen da, lanbide jakin batzuk ogibide dituztela: musika, errementaritzatza, zaldi-tratua eta igarletza, besteak beste.

Nondik datoz erromaniak? Mendeetan zehar misterio bat izan da herri honen jatorria. Erdi Aroan zabaldua zen kondairaren arabera, erromaniak Egipton sortuak zirela uste zen, eta hortik datoz, izan ere, hainbat hizkuntzatan erabiltzen diren *egiptiano* hitzaren eratorriak, euskarazko *ijito* kasu. Erromaniak ez dute beren arbasoen jatorriaren inguruko lekukotasun idatzi edo ahozkorik. Herri honen presentziaren inguruan dugun datu historiko fidagarriak zaharrena 14. mendeko idazkiak dira. Idazki horien arabera, hasiera batean erromaniak Balkanetan bakarrik bazeuden ere, ehun urteren buruan kontinentearen ertzetan ezarriak ziren jada (Iberiar penintsula, Eskandinavia eta Britainiar uharteak barne).

Ba ote dago argiterik dokumentatu gabeko gizatalde baten iragana? Eta historia bera baino mila urte lehenago gertatutako giza migrazioen berri jakiterik? Horrelako galderari erantzuteko tresna paregabekoa da genetika. Iraultza teknologikoari esker, gaur egun posible da genoma bat erdieste 100 euroan, sakon (genotipatze teknika), eta 5.000 euroan guztiz (sekuentziatuz). Mundu osoan zehar hartutako giza genoma aztertuta, gure espeziearen sorreratik (duela 200.000 urte) izandako giza migrazioak ezagutu ahal izan ditugu. Besteak beste, *Homo sapiens* Afrikako



Erromaniak Europako gutxiengo etniko handiena osatzen dute. DEUTSCHES BUNDESARCHIV.

ekialdean sortu eta beste kontinenteak nola kolonizatu zituen jakin dugu zehaztasun handiz. Hala ere, europarren ezagutza genomikoa sakona bada ere, erromaniak salbuespen ditugu. Ikerketa honen helburua Europako "paisaia genetikoa" osatzeko urrats garrantzitsu bat ematea da, inoiz erromaniaren gainean egin den ikerketa genetikorik handienarekin.

ANTROPOLOGIA MOLEKULARRA: IRAGANA EZAGUTZEKO ZIENTZIA

2001. urtean eman ziren jakitera Giza Genoma Proiektuaren lehen emaitzak. Lehen aldiz, gure espeziea bereizten duen DNA-sekuentzia deskribatu zen. DNA gurasoengandik jasotzen dugun informazio genetikoa da, zelula bakar batetik organismo bat sortzeko beharrezko diren aginduak gordetzen dituen. Pertsona baten DNari

genoma deitzen diogu. Nahiz eta funtzio biologikoa betetzen duten zatiak izan, geneek gure genomaren % 5 bakarrik osatzen dute. Hala ere, genoma osotasunean oso baliagarria zaigu gure espeziearen iragana ikasteko. Gutako bakoitzak 60-100 bat mutazio berri ditu. Mutazio berriak aurreko belaunaldi bakoitzean ere gertatuak direnez, gure arbasoen mutazioen gordailu moduko batzuk ditugu genomak. Intuitiboki, beraz, familia berean, anai-arrebek beren artean mutazio gehiago partekatuko dituzte lehengusuek baino. Logika bera erabil daiteke populazio mailan ere: gizatalde bereko kideek, batez beste, mutazio berdin gehiago izango dituzte beren artean beste populazio bateko kideekin baino (hots, distantzia genetikoa txikiagoak). Are gehiago, mutazioak zenbateko maiztasunarekin gertatzen diren ezaguna denez, bi giza populazio-

ren arbasoak noiz banatu edo elkartu ziren kalkulatu daiteke, baita populazioen neurriek denboran zehar izandako gorabeherak ere. Oinarri teoriko hauek ezarri dituen biologiaren adarriari *populazioen genetika* esan ohi zaio.

ERROMANIEN GENOMA DESZIFRATUZ

Ikerketa honetan 152 borondatezko erromanen laginak (odola edo txistua) bildu ziren Balkanetako penintsulan (Grezia, Bulgaria, Serbia eta Kroazia), Erdialdeko Europan (Errumania, Hungaria eta Eslovakia), Ekialdeko Europan (Ukraina), Baltikoko herrialdeetan (Estonia eta Lituania), Britainiar uharteetan (Gales) eta Iberiar penintsulan (Espainia eta Portugal). Lagin horietako zeluletatik DNA erauzi ondoren, parte-hartzaileen genomak aztertu ziren laborategian, miloi bat polimorfismo inguru genotipatuz (bi gizakiren artean ezberdinak izan daitezkeen mutazioak, alegia). Erromanien dibertsitate genetikoak beste gizakien testuinguruan jartzeko, bost kontinenteetako gizakien genomak aztertu ziren erromanienekin batera (publikoki eskuragarri zeuden 4.500 lagun inguru).

Datu horiekin mapa genetiko bat eraiki zen. Ohiko mapa batean distantzia geografikoak erakusten diren bezala, mapa genetikoetan (*Multidimensional Scaling Plot* delakoan) puntu bakoitzak gizaki bat irudikatzen du eta puntuen arteko distantziak distantzia genetikoak adierazten dituzte. Europako inguru ugariatako erromani gehienak elkarrekin kokatzen dira mapan, jatorri berbera dutela iradokiz (ikus irudia). Gainera, europar, kaukasiar eta Ekialde Hurbileko populazioen eskuinaldean kokatzen dira, erromanien jatorria ekialderago (Pakistanen edo Indian) kokatzen dela erakutsiz. Gizabanako gutxi batzuk (populazioaren % 25 inguru), hala ere, beste erromaniengandik baino europarrengandik gerturago kokatzen dira mapan. Hurbiltasun horrek adierazten du erromani batzuen arbasoak berriki beste europarrekin nahastu direla, bi gizataldeon arteko isolamendu genetikoak guztizkoa izan ez dela erakutsiz.

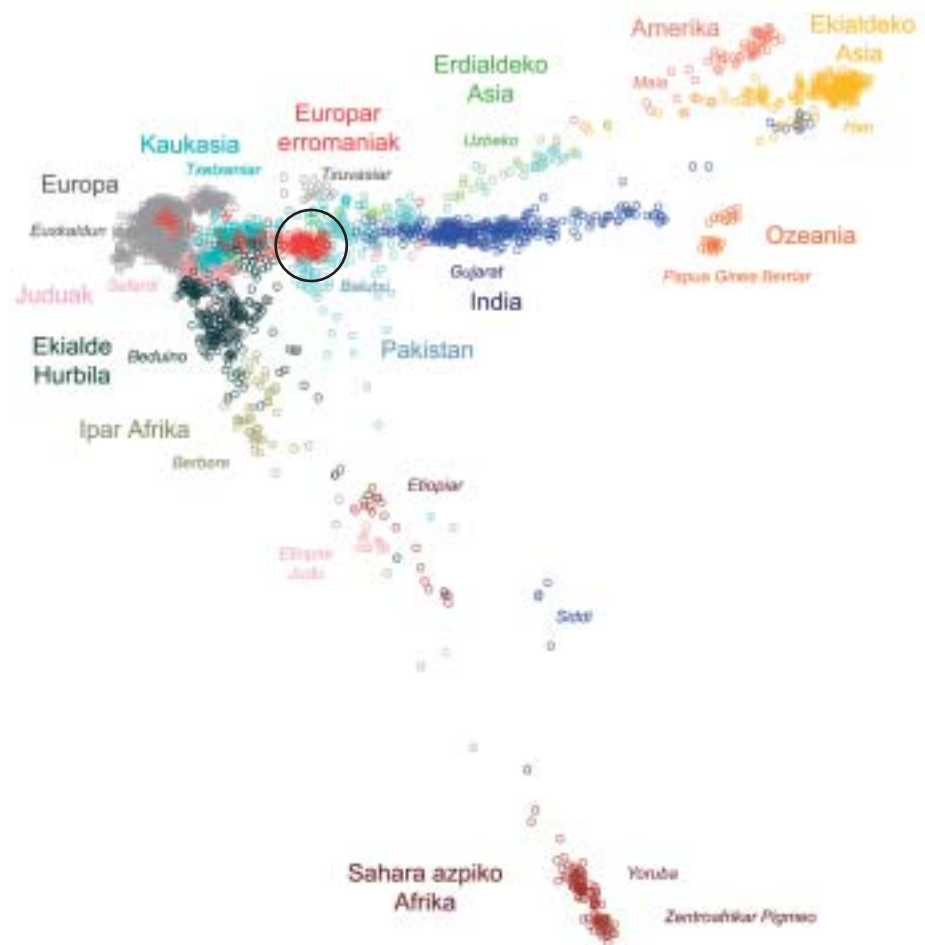
Jarraian, erromanien jatorria indiar azpikontinentean geografikoki zehatzago kokatzeko ahalginean, India eta Pakistango 19 populaziotako indibiduen genomekin alderatu ziren. Zehazki, koaleszentzia eredu genetikoak eta *Approximate Bayesian Computation* (ABC) metodo estatistikoa erabili ziren ustezko populazio parental bakoitzaren probabilitatea kalkulatzeko. Datuen arabera, erromaniak gaur egungo India-Pakistan mugaren inguruko estatuetan (Punjab eta Ra-

jasthan) bizi diren populazio indoeuroparretatik eratorriak dira (% 94ko sostengu estatistiko sendoaz). ABC analisiak argi erakutsi zuen erromaniak fundatzaile efektu gogorra pairatu zutela, hau da, indiar jatorriko arbaso kopuru txiki batetik datozela gaur egungo erromaniak (populazio parentalaren dibertsitate genetikoaren % 47 galduta). Teknika estatistikoa, aldi berean, erromani eta Punjab inguruko populazioen arteko banaketa noiz gertatu zen datatzeko ere bada baliagarria. Erromani eta arbaso indiarren artean aurkitutako distantzia genetikoak ondo egokitzen dira banaketa duela 1.500 urte izan balitz espero zitekeenarekin.

ISABEL MENDIZABAL EZEIZABARRENA



(Tolosa, 1981). EHU'n hasi zituen biologiako ikasketak, eta Bartzelonako Unibertsitat Pompeu Fabra (UPF) amaitu zuen karrera "Biología Sanitaria" espezialitatean (2006). UPF'n bertan egin zituen masterra ("Biomedical Research", 2007) eta doktoretza ("PhD in Biomedicine", 2012), David Comas ikertzailearen taldean. Laster, Atlantara joatekoa da (Estatu Batuak), postdoktoretza-proiektua egitera.



"Mapamundi genetikoak". Irudi honek kontinenteetako gizataldeetako kideen arteko distantzia genetikoak erakusten ditu. Puntu bakoitza norbanako baten genoma da (4.587 lagun denera) eta esparru geografikoak kolorez bereizten dira (geografikoki sakabanaturiko erromani eta juduak ere bai). Guztira 180 populazio inguru erakutsi badira ere, gutxi batzuen izenak ezarri dira argigarri gisa. Erromaniak geografikoki Europan kokatzen badira ere, kide gehienek genomak (zirkulu beltzean) indiar azpikontinente inguruan (Pakistan/India) kokatzen dira. Erromani batzuk ordea, beste europarrengandik mugitirik kokatzen dira (zirkulutik kanpo), bi populazioen arteko nahasketa genetikoaren adierazgarri. ISABEL MENDIZABAL.



Erromanien jatorria eta sakabanaketa. Europako puntu bakoitzak ikerketako parte-hartzaile erromanien kokapena adierazten du. Puntuaren neurriak populazio parentalaren gutxi gorabeherako tamaina irudikatzen du (aniztasun genetikoaren adierazgarri). ISABEL MENDIZABAL

Aurkikuntza hori bat dator XIX. mendean hizkuntzalariek deskribatu zuten erromaniera eta Indiako ipar-mendebaldeko hizkuntzen arteko erlazio estuarekin. Hala ere, hizkuntzen eta geneen historiak ez datoz beti bat. Hizkuntza baten hedatzea bi eratarata gerta liteke: hiztun zaharrek hizkuntza berria ikasita edo hiztunak berak mugitzearen ondorioz. Lehenengo kasuan, ordezkapen linguistikoa baina jarraitutasun genetikoa litzateke; bigarrenean, aldiz, ordezkapen linguistiko zein genetiko. Erromanien datu genetiko eta linguistikoak bat datoz Indiako ipar-mendebaldeko jatorriarekin. Aldiz, Ekialde Hurbileko hizkuntzek (pertsierak eta armenierak, besteak beste) erromani mintzairan izandako eragin sakona ez da islatzen erromanien genomatan. Itxura guztien arabera, beraz, Europarako bidean aurkituriko populazioekin izandako hartu-emanak kulturalak soilik izan ziren.

Teknika estatistiko eta eredu genetiko beraz baliatuta, 13 erromani-talderen arteko ezberdintasun genetikoak aztertu ziren jarraian. Aniztasun genetiko handiena Balkanetako taldeek erakusten dute, erromaniak Europara Balkanetatik sartu zirela iradokitzen duena. Aitzitik, Balkanetatik at dibertsitate genetiko oso urria da eta egitura berzia erakusten du: aniztasuna txikiagoa da Erdialdeko Europan, txikiagoa oraindik mendebaldeantz eta iparraldeantz egin ahala. Egitura

horrek erromanien kontinentean zabaltzean egindako ibilbidearen berri ematen digu. Talde gehienak Balkan inguruan finkatu ziren arren, gutxi batzuek iparraldeantz jo zuten, eta handik Erdialdeko Europan barreiatu ziren. Azkenik, Erdialdeko Europan barreiatu ziren. Azkenik, Erdialdeko Europan barreiatu ziren. Azkenik, Erdialdeko Europan barreiatu ziren. Azkenik, Erdialdeko Europan barreiatu ziren. Azkenik, Erdialdeko Europan barreiatu ziren.

Datazioen arabera, sakabanatzea duela 900 urte inguru hasi zen, eta sorburutik (gaur egungo Bulgariatik, ziurrenik) helmugetara, hasierako dibertsitatearen % 30eko galera atzematen da genomatan. Erromani-talde batzuek erakusten duten dibertsitate urria, ordea, ezin zaio barreiatzeari soilik leporatu. Naziak eta beren aliatuek milioi bat erromani hil zituzten Porrajmos izenez ezagutzen den holokaustoan. Kroaziaren kasua izan zen gogorrenetarikoa, bertako erromani populazio ia osoa (~% 95) suntsitu baitzuten 1940ko hamarkadan. Gertaera horrekin bat dator lagin-duriko Kroaziako erromanien erakusten duten aniztasun genetiko eskasa, eta horrek iradokitzen du beste herrialdeetako erromaniak baino populazio parental txikiago batetik datozela.

Erromanien iraganeko gertaera nagusiak genetikaren bidez argitu ahal izan diren arren, badira beste hainbat galdera zirrargarri airean. Erromaniak Punjab inguruko zein talde zehatzetatik eratorriak diren ez da gauza jakina (indoeuropar fa-

milia linguistikoaren zein adarretatik eta zein gizar-te-kastatetik, besteak beste). Bestalde, Europako erromanien indiar eta europar payoengandik jasotako ondare genetikoak zehaztu bada ere, erromanien beste europarrei egindako ekarpen genetikoak ikertzeke dago oraindik. DNAREN sekuentzia ebazteko teknologiak merkatzen ari diren heinean, gero eta gizabanako gehiagoren genomak izango dira eskuragarri. Galdera hauen eta beste hainbesteren erantzuna genetikaren bidez ematea denbora kontua baino ez da, ziur aski.

ERREFERENTZIAK

International Human Genome Sequencing Consortium. (2001). "Initial sequencing and analysis of the human genome". *Nature*, 409: 860-921.

Council of Europe; Roma and Travellers Division. (2010). http://www.coe.int/t/dg3/romatravellers/default_en.asp.

FRASER, A. (1992). *The Gypsies*. Blackwell Publishers, Oxford.

KENRICK, D. (2006). *The Gypsies During the Second World War: The final chapter*. Univ of Hertfordshire Press.

LAO, O.; LU, T.T.; NOTHNAGEL, M.; JUNGE, O.; FREITAG-WOLF, S.; CALIEBE, A.; BALASCAKOVA, M.; BERTRANPETIT, J.; BINDOFF, L.A.; COMAS, D.; HOLMLUND, G.; KOUVATSI, A.; MACEK, M.; MOLLET, I.; PARSON, W.; PALO, J.; PLOSKI, R.; SAJANTILA, A.; TAGLIABRACCI, A.; GETHER, U.; WERGE, T.; RIVADENEIRA, F.; HOFMAN, A.; UITTERLINDEN, A.G.; GIEGER, C.; WICHMANN, H.E.; RUTHER, A.; SCHREIBER, S.; BECKER, C.; NURNBERG, P.; NELSON, M.R.; KRAWCZAK, M.; KAYSER, M. (2008). "Correlation between genetic and geographic structure in Europe". *Curr Biol* 18: 1241-8.

NOVEMBRE, J.; RAMACHANDRAN, S. (2011). *Perspectives on Human Population Structure at the Cusp of the Sequencing Era*. vol 12, pp 245-274.

TAVARÉ, S.; BALDING, D.J.; GRIFFITHS, R.C.; DONNELLY, P. (1997). "Inferring coalescence times from DNA sequence data". *Genetics* 145: 505-18.

MENDIZABAL, I.; LAO, O.; MARIGORTA, U.M.; WOLLSTEIN, A.; GUSMAO, L.; FERAK, V.; IOANA, M.; JORDANOVA, A.; KANEVA, R.; KOUVATSI, A.; KUCINSKAS, V.; MAKUKH, H.; METSPALU, A.; NETEA, M.G.; DE PABLO, R.; PAMIJAV, H.; RADOJKOVIC, D.; ROLLESTON, S.J.; SERTIC, J.; MACEK, M.; COMAS, D.; KAYSER, M. (2012). "Reconstructing the population history of European Roma from genome-wide data". *Curr Biol*, 22: 2342-9.

Nire eskerrak Maria Jose Ezeizabarrenari eta Urko M. Marigortari lan hau burutzeko emandako aholkuengatik, eta baita jatorrizko ikerketan parte hartu duten erromaniei eta kolaboratzaileei ere, bereziki David Comasi (Universitat Pompeu Fabra, Bartzelona), Óscar Laori eta Manfred Kayserri (Erasmus Medical Center Rotterdam, Herbehereak). Tesia Eusko Jaurlaritzaren Hezkuntza Unibertsitate eta Ikerketa Sailaren ikertzaileak prestatzeko programaren bidez finantzatu da.