



## CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE VARONÍAS

*Jordi Mestres*

*Doctor e investigador principal del IMIM-*

*Instituto Hospital del Mar de Investigaciones Médicas*

*Profesor asociado de la Universidad Pompeu Fabra*

*Miembro de la Institución Catalana de Genealogía y Heráldica*

### **Introducción a la Genealogía Genética**

La genealogía es, como su etimología indica, el estudio de la descendencia (y/o ascendencia) de una persona o familia. Tradicionalmente, la genealogía se ha basado en la recopilación de evidencias documentales, principalmente registros civiles, parroquiales y notariales, que describen las relaciones de filiación a cada generación. Hasta hace muy poco, recopilar este tipo de información podía representar un trabajo de años de consulta presencial en archivos históricos y diocesanos, y alguna que otra visita a los archivos de parroquias remotas.

En los últimos años, los esfuerzos globales de indexación y digitalización de documentación civil y sacramental han facilitado enormemente el acceso remoto de esos documentos desde cualquier punto del planeta. Por ejemplo, la Iglesia de Jesucristo de los Santos de los Últimos Días ofrece la consulta integrada, pública y gratuita de registros civiles y parroquiales de todo el mundo a través de una página web especialmente dedicada al estudio de la genealogía familiar ([www.familysearch.org](http://www.familysearch.org)). Algunos archivos diocesanos, como el de Tarragona, están en proceso de digitalizar todos sus libros parroquiales que van publicando gradualmente en internet para su acceso público y gratuito ([www.ahat.cat](http://www.ahat.cat)). En el País Vasco es público y gratuito el acceso a los índices de los libros parroquiales ([dokuklik.snae.org](http://dokuklik.snae.org)), aunque para obtener una copia digital impresa de cada registro el usuario debe abonar 3 euros. Otros archivos diocesanos, como el de Granada, admiten peticiones de consultas de sus libros parroquiales pero a un coste de 30 euros por cada expediente. En cualquier caso, ya sean de acceso público y gratuito o privado y comercial, la posibilidad de que cualquier persona pueda acceder a la información genealógica contenida en todos esos documentos ha contribuido en gran medida a incrementar significativamente el interés general por los estudios de genealogía. A todo ello hay que añadir los diversos foros disponibles en internet para publicar y comparar árboles genealógicos (como por ejemplo, [www.myheritage.com](http://www.myheritage.com) o [www.geneanet.org](http://www.geneanet.org)), lo que permite detectar conexiones remotas entre árboles de individuos sin ninguna relación de parentesco aparente, algo impensable hace sólo unos años.



Sin embargo, es importante tener siempre presente que ningún documento, civil o parroquial, representa prueba biológica de filiación. De hecho, estudios recientes realizados en varios países con individuos que afirmaban tener completa confianza de sus relaciones paterno-filiales dieron como resultado que, sorprendentemente, entre un 1% y un 2% de los casos, dependiendo del país, el padre legítimo no era el padre biológico.<sup>1</sup> En genealogía genética, esos casos se denominan “eventos de no paternidad”. Las consecuencias de estos resultados genéticos para la genealogía son tremendamente importantes. Tomemos como ejemplo un árbol genealógico mínimo que tenga unos 1000 individuos. Si asumimos una distribución similar de hombres y mujeres, el árbol tendría aproximadamente unas 500 relaciones paterno-filiales, lo que supondría que cabría esperar que entre 5 y 10 de ellas el padre legítimo que aparece en los documentos no equivaldría al auténtico padre biológico. Si extrapolamos el efecto a un árbol genealógico completo que cubra 15 generaciones, lo que nos llevaría a bien entrado el siglo XVI (el límite de lo que normalmente cubren los registros parroquiales), deberíamos esperar que entre 164 y 328 de las relaciones paterno-filiales descritas en dicho árbol fueran “eventos de no paternidad”.

En los últimos dos años, los avances tecnológicos en la realización de pruebas de ADN han permitido reducir sus costes a un nivel asequible para la población general. Esto ha permitido el desarrollo de una nueva rama de la genealogía, la llamada genealogía genética, que tiene como principal objetivo el estudio genético de linajes y relaciones de parentesco a gran escala en base a la información genética de cada individuo. Nuestro ADN está formado por 23 pares de cromosomas resultado de la combinación al azar de los cromosomas de nuestros padres. Los primeros 22 pares constituyen el denominado ADN autosómico, es decir, no sexual, mientras que el par 23 (XY para hombre y XX para mujer) es el cromosoma sexual. El uso de esta información genética está llamado a cambiar radicalmente nuestra perspectiva de las genealogías de base puramente documental. A continuación se exponen las diversas pruebas de ADN y su aplicabilidad en genealogía genética.

### **Genética de Parentesco**

Los análisis de genealogía de parentesco se basan en la comparación del ADN autosómico entre individuos ([www.23andme.com](http://www.23andme.com) o [www.familytreedna.com](http://www.familytreedna.com)). La Figura 1 ilustra cómo utilizar el grado de similitud autosómico entre individuos para asignar su grado de parentesco. Empecemos con el individuo situado en la parte inferior izquierda marcado con

---

<sup>1</sup> T. E. King, M. A. Jobling MA (2009). Founders, Drift, and Infidelity: The Relationship between Y Chromosome Diversity and Patrilineal Surnames. *Mol. Biol. Evol.* 26: 1093-1102.

la etiqueta IV\*. Cada individuo recibe la mitad de los cromosomas de su padre y la otra mitad de su madre. Por lo tanto, a nivel de ADN autosómico, el individuo IV\* compartirá un 50% con el de su padre y un 50% con el de su madre (III\*). Sus padres compartirán a su vez un 50% de su ADN autosómico con sus padres respectivos, lo que se traduce en que el individuo IV\* compartirá un 25% de su ADN autosómico con el de cada uno de sus cuatro abuelos, entre ellos, su abuela materna (II\*). Si seguimos aplicando la norma a la siguiente generación, obtendremos que el individuo IV\* compartirá un 12.5% de su ADN autosómico con cada uno de sus bisabuelos, uno de los cuáles está representado por el individuo I.

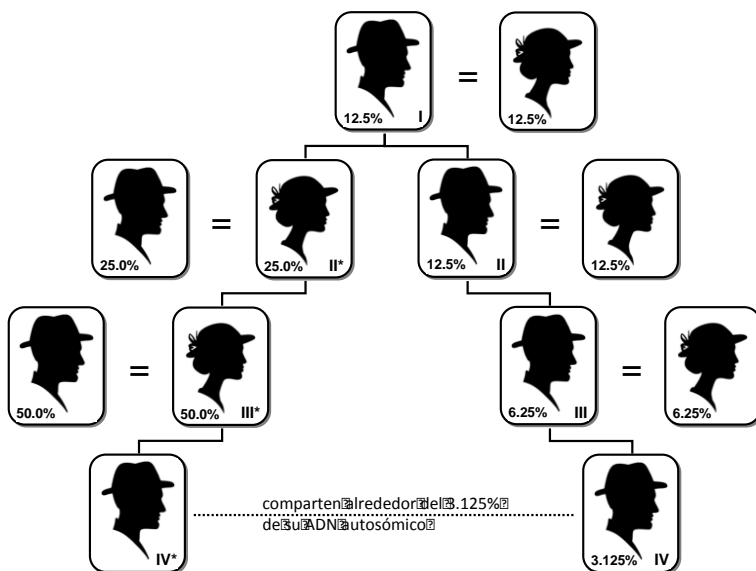


Figura 1. Relación entre el porcentaje de ADN autosómico compartido y el grado de parentesco entre individuos.

Llegados a este punto, hay que tener en cuenta que cada hijo de una pareja recibe el 50% de los cromosomas de cada uno de los padres, pero no el mismo 50%. Por esta razón, los hijos tienen características similares pero son esencialmente distintos, lo que se traduce en el hecho de que los hermanos comparten el mismo porcentaje de ADN autosómico entre ellos que entre cada uno de ellos y sus padres. Así, vemos que el individuo IV\* compartirá un 12.5% de su ADN autosómico con el individuo II, hermano de su abuela (II\*). De nuevo, aplicando la misma norma a las siguientes generaciones, obtenemos que el individuo IV\* compartirá un 6.25% de su ADN autosómico con el individuo (III), primo de su madre (III\*), y un 3.125% con el individuo IV, su primo segundo. Los individuos IV y IV\* están conectados genealógicamente por el individuo I. El individuo I es pues el ancestro común más reciente (ACMR) entre los individuos IV y IV\* y el vínculo que conecta genealogía y genética.

## Genética de Linaje

Los análisis de genealogía de linaje se basan en la identificación de marcadores genéticos individuales extraídos de la región no recombinante del cromosoma Y (ADN-Y), en el caso de hombres, o del ADN mitocondrial (ADNmt), en el caso de mujeres. Estos marcadores genéticos permiten clasificar el ADN de los cromosomas sexuales en los denominados haplogrupos<sup>2</sup> a partir de la detección de polimorfismos por cambio de un solo nucleótido (SNP) y de la determinación de microsatélites cortos que se repiten en tándem (STR). Los SNP se producen en un momento determinado de la evolución y se van acumulando con el tiempo en el ADN de cada individuo, con lo que su detección permite una agrupación más detallada de los individuos dentro de los grandes haplogrupos ([www.isogg.org/tree/](http://www.isogg.org/tree/)). Los STR, en cambio, son más propensos a mutaciones y presentan una mayor variabilidad de tamaño entre distintos individuos, con lo que la comparación entre los STR de dos individuos con los mismos SNP permite estimar su distancia genealógica. Por ejemplo, si dos individuos tienen exactamente los mismos 111 marcadores de STR (Y-STR111) hay una probabilidad del 99% que su ACMR esté en un rango máximo de 6 generaciones. La Figura 2 ilustra un caso en que dos varones tienen su ACMR de su línea patrilineal a una distancia de 4 generaciones y, por tanto, deberían tener exactamente los mismos SNP y Y-STR111. En comparación, los SNP y STR de los varones IV y IV\* de la Figura 1 tienen líneas patrilineales distintas y por tanto podrían ser completamente diferentes, a pesar de ser primos segundos.

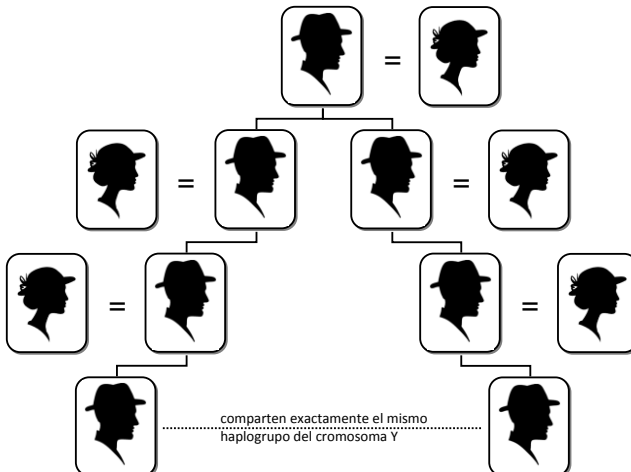


Figura 2. Relación entre el haplogrupo del cromosoma Y entre varones de distintas ramas genealógicas pertenecientes a un mismo linaje genético.

<sup>2</sup> The Y Chromosome Consortium (2002). A Nomenclature System for the Tree of Human Y-Chromosomal Binary Haplogroups. *Genome Res.* 12: 339-348.

## Ejemplos de Aplicación en Genética Nobiliaria

A lo largo de los años, las corporaciones nobiliarias han acumulado una cantidad excepcional de genealogías que cada uno de sus miembros, pasados y presentes, debió recopilar en el momento de presentar su candidatura a formar parte de ellas. Dichas genealogías suelen ir acompañadas de una amplia y detallada evidencia documental que confirma, generación a generación, su ascendencia directa a un noble ancestro y representan, por tanto, una fuente de datos excepcional para la genealogía genética. Sin embargo, muy pocos estudios de genética nobiliaria se han ejecutado hasta la fecha. Quizás el más destacable es el que tiene como objetivo determinar los haplogrupos de DNA-Y y DNAmT de los reyes y reinas europeos a partir del análisis genético de los restos de sus antepasados.<sup>3</sup> Por ejemplo, el análisis del ADN del Zar Nicolás II reveló que su cromosoma Y pertenece al haplogrupo R1b y, por lo tanto, ese sería el haplogrupo de las casas reales escandinavas y rusas, descendientes todos de la varonía de la Casa de Oldenburg.

La Figura 3 ilustra con más detalle los resultados sobre la varonía de la Casa de Wettin, del que descenden las casas reales de la Gran Bretaña, Portugal, Bulgaria y Bélgica, el haplogrupo de la cuál sería también el R1b pero con el detalle adicional de que el SNP positivo más profundo sería el Z305. En cambio el haplogrupo de los Grandes Príncipes de Kiev sería el N1c1 para los descendientes de la dinastía Rurik y el R1a1a para los descendientes de Oleg I de Chernigov.

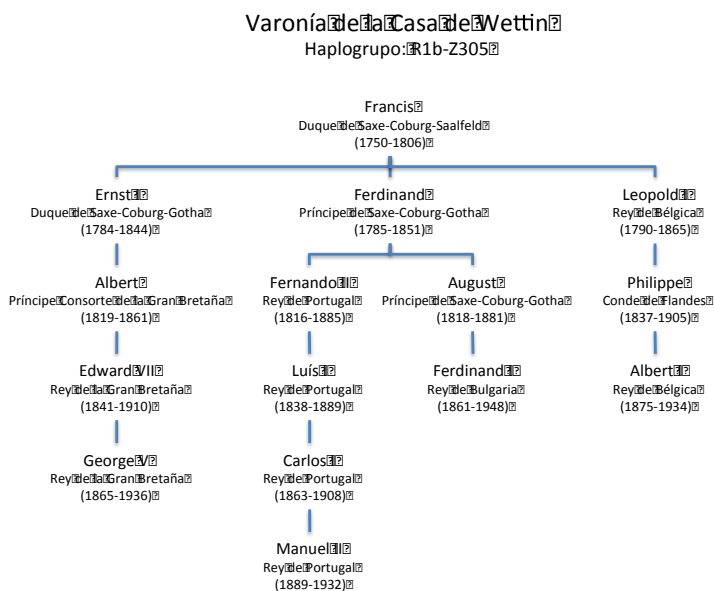


Figura 3. Caracterización genética de la varonía de la Casa de Wettin.

<sup>3</sup> <http://www.eupedia.com/forum/threads/25236-Haplogroups-of-European-kings-and-queens>



Recientemente, la Universidad de Zaragoza realizó un estudio genético de los restos de los Reyes de Aragón anteriores a la constitución de la Corona de Aragón en 1137: Ramiro I (1035-1063), Sancho Ramírez (1063-1094), Pedro I (1094-1104), Alfonso I (1104-1134) y Ramiro II (1134-1137). Los resultados revelaron que su cromosoma Y pertenece al haplogrupo R1b.<sup>4</sup> Por lo que respecta a varonías de casas nobles, los estudios genéticos actuales son extremadamente escasos. Sólo se han podido localizar los haplogrupos correspondientes a dos casas: el cromosoma Y de la Casa de Gortázar,<sup>5</sup> varonía de Vizcaya, pertenece al haplogrupo R1b-M343, mientras que el de la Casa de Meana,<sup>6</sup> varonía de Gijón, pertenece al haplogrupo R1a-Z2123.

### **Implementación en Corporaciones Nobiliarias**

Los estudios de genética de parentesco permiten establecer una relación entre el porcentaje de ADN autosómico compartido y el grado de parentesco entre individuos (Figura 1). La resolución estimada de este tipo de estudios está alrededor de 8 generaciones y su capacidad para cubrir todas las ramas de la genealogía de una persona la hace un tipo de prueba aplicable a corporaciones nobiliarias que admiten como miembros a descendientes de títulos y privilegios excepcionales que se concedieron al honorado original y a toda su sucesión, tanto por vía agnaticia como cognaticia.

Un ejemplo sería el antiguo e ilustre Solar de Tejada ([www.solardetejada.es](http://www.solardetejada.es)), en el que los diviseros deben aportar evidencia documental de su descendencia de uno de los 7 hijos de Sancho Fernández de Tejada que se asentaron en el solar (7 divisas) o de alguien que estaba ahí asentado. Dado el número de miembros de la corporación,<sup>7</sup> es muy probable que actualmente existan ya diviseros que cubran la mayoría de las ramas descendientes de miembros de hace unos 250 años, el equivalente a unas 8 generaciones. Las pruebas de ADN autosómico confirmarían, por un lado, la relación genealógica entre todas las ramas actuales y, por otro lado, sustanciarían los árboles genealógicos de los nuevos miembros. Una recomendación adicional sería incentivar a los diviseros varones de hacerse el test de Y-STR111 para catalogar la signatura genética patrilineal de las distintas ramas.

<sup>4</sup> <http://geneticaforense.unizar.es/content/investigaci3n-sobre-los-reyes-de-arag3n>

<sup>5</sup> “Gortázar: Genealogía de un apellido ilustre vizcaíno” en <http://www.gortazar.es> y <http://es.scribd.com/doc/57346586/GORTAZAR>

<sup>6</sup> L. Vilar y Pascual. Diccionario histórico, genealógico y heráldico de las familias ilustres de la monarquía española. Madrid, 1859.

<sup>7</sup> “Solar de Tejada, Asientos y Elecciones 1569-2008” en [http://www.solardetejada.es/indice\\_diviseros.pdf](http://www.solardetejada.es/indice_diviseros.pdf)



Los estudios de genética de linaje permiten trazar la varonía durante siglos. Si dos individuos muestran 10 valores distintos de los 111 que se identifican en un test de Y-STR111 se estima que hay un 99% de probabilidad que tengan un ancestro en común en un rango de 29 generaciones, es decir, aproximadamente en los últimos 900 años, con lo que la hace un tipo de prueba aplicable a corporaciones nobiliarias de varonías. Un ejemplo sería el muy noble, antiguo, e ilustre Solar de Valdeosera ([www.solardevaldeosera.com](http://www.solardevaldeosera.com)), en el que los diviseros deben aportar evidencia documental de su descendencia del hijo menor de Sancho Fernández de Tejada, Sancho, o cualquiera de sus 12 fieles caballeros galicianos (13 divisas). Una prueba de ADN-Y (Y-STR111) a sus miembros confirmaría que todos ellos pertenecen, como mucho, a 13 haplogrupos distintos y permitiría identificar aquellas divisas cuyos caballeros originarios tenían parentesco de varonía. La caracterización genética de cada divisa impondría un sello de rigor en la evaluación de nuevos expedientes que deberían aportar los resultados de los SNP más profundos de la divisa para la que solicitan el ingreso y un test de Y-STR111 certificado.

### **Discusión y Conclusiones**

La caracterización genética de genealogías ofrece complementar la legitimidad de las evidencias documentales con la veracidad de los resultados genéticos. Por lo que respecta a varonías, el Ordenamiento de Alcalá<sup>8</sup> establecía que “la hidalguía es la nobleza que viene a los hombres por su linaje”, es decir, que se adquiere y transmite por varonía. Tradicionalmente, se tiende a confundir el primer apellido de una persona que representa su varonía con el linaje al que pertenece, con lo que el poseer un determinado apellido es aceptado como prueba de esa adquisición y transmisión por varonía. Sin embargo, cabe resaltar que “apellido” no es sinónimo de “varonía”, y que un individuo con un apellido distinto al del linaje puede de hecho tener el cromosoma Y propio de la varonía. En este sentido, se pueden identificar al menos dos escenarios de los arriba denominados “eventos de no paternidad” en los que las pruebas de genética ayudarían a establecer/confirmar la varonía de sus apellidos.

Un primer escenario sería el de los hijos legítimos y naturales de un padre que adoptó el apellido de la madre al unirse en matrimonio por ser ésta la heredera del solar. Esto era, por ejemplo, una práctica habitual en el noreste de Cataluña hasta bien entrado el siglo XVIII, en donde los apellidos no estaban asociados al individuo sino al solar al que pertenecían lo que lo hace territorio ideal para la aplicación de la genealogía genética. La Casa de Gortázar

---

<sup>8</sup> Conjunto de 131 leyes, divididas en 32 títulos, promulgadas con ocasión de las Cortes reunidas por Alfonso XI en Alcalá de Henares, 1348.



mencionada anteriormente es otro ejemplo ilustrativo de la complementariedad entre genealogía y genética. En 1506, Antonia Ruiz de Gortázar casó con Martín de Villela y Meceta. Sin embargo, los hijos del matrimonio adoptarían el apellido Gortázar. El haplogrupo R1b de los Gortázar actuales corresponde pues, por varonía, al cromosoma Y del linaje de Villela. La hidalguía de los Gortázar se adquiere y transmite por la varonía de Villela.

Un segundo escenario sería el de los hijos no legítimos y naturales de padres que, en el momento de procrearlos, eran ambos libres de contraer matrimonio. En muchos de esos casos los hijos terminan adoptando el apellido de la madre soltera, con lo que se rompe la relación original entre su apellido y varonía real. En este sentido, es importante resaltar que la hidalguía la adquieren todos los hijos biológicos, sean legítimos o naturales, de tal forma que la condición de hijo natural no fue nunca obstáculo alguno para la hidalguía.<sup>9</sup> En ambos casos, la genética confirmaría la varonía natural del individuo, independientemente de su apellido y legitimidad.

La genealogía genética ya está aquí y ha llegado para establecerse y cambiar nuestra percepción tradicionalmente documental de la genealogía. Existen ya iniciativas para crear los primeros atlas genéticos de un número reducido de apellidos que van a permitir determinar tanto si personas con un mismo apellido pertenecen a linajes distintos como si personas de apellidos distintos proceden en realidad del mismo linaje (<http://www.cognoms.upf.edu>). Sin embargo, a día de hoy, no tenemos conocimiento que ninguna de las corporaciones nobiliarias actualmente vigentes haya iniciado un proyecto de caracterización genética sistemática de sus varonías ni que haya incorporado como requisito de ingreso un análisis de genealogía genética. Con una tecnología cada vez más avanzada, amplia, y precisa, y unos costes cada vez menores, la implementación de la genealogía genética en corporaciones nobiliarias es ahora sólo cuestión de voluntad.

---

<sup>9</sup> M. Pardo de Vera y Díaz en su entrada de blog de 6 de marzo de 2014. <http://heraldicaynobiliaria.blogspot.com.es/2014/03/la-hidalguia-y-la-filiacion.html>