

Genes, reyes e impostores

Una historia detectivesca tras los
análisis genéticos de reyes europeos

Carles Lalueza-Fox

C Á L A M O

Arca de Darwin

Colección dirigida por JOSÉ RAMÓN ALONSO

© Carles Lalueza-Fox, 2016

© de esta edición, EDICIONES CÁLAMO, 2016

ISBN: 978-84-16742-02-8

Dep. Legal: P-326/2016

Diseño de cubierta: GRUPO ANTENA

Corrección de pruebas: BEATRIZ ESCUDERO

Impresión: GRÁFICAS ZAMART (PALENCIA)

Printed in Spain - Impreso en España

Edita: EDICIONES CÁLAMO

Pza. Cardenal Almaraz, 4 - 1.º F

34005 PALENCIA (España)

Tfno. y fax: (+34) 979 70 12 50

contacto@edicionescalamo.es

Cualquier forma de reproducción, distribución, comunicación pública o transformación de esta obra solo puede ser realizada con la autorización de sus titulares, salvo excepción prevista por la ley. Diríjase a CEDRO (Centro Español de Derechos Reprográficos, www.cedro.org) si necesita fotocopiar o escanear algún fragmento de esta obra.

ÍNDICE

9	Genética, genealogía y linajes reales
27	La calabaza del rey Luis XVI
45	Naundorff el impostor
53	El pelo de María Antonieta
61	El corazón del Delfín
67	La cabeza momificada de Enrique IV
81	El pelo de Napoleón y el relicario de Vivant-Denon
93	La pierna de alguien
99	El corazón de San Luis
111	El genoma de la calabaza
129	¿Vuelve Naundorff?
133	Ricardo III, el rey villano
145	La genohistoria

GENÉTICA, GENEALOGÍA Y LINAJES REALES

Los invisibles pero extrañamente sólidos lazos de sangre, mantenidos en estructuras familiares más o menos extensas, han tenido un papel crucial en la historia reciente (y probablemente también lejana) de la humanidad, y son todavía referencias importantes en sociedades tradicionales. La información de quién es quién y por qué lo es ha determinado, dentro del ámbito local, desde alianzas matrimoniales hasta relaciones de confianza y de poder, así como derechos y obligaciones. Sin duda, existen pocos ejemplos como los de las familias de la nobleza y la realeza europea, en los cuales esta información está disponible desde hace siglos. Al contrario que la mayoría, que perdemos nuestras raíces en la bruma del anonimato de la historia, cualquier persona de una casa real europea puede retrotraer su linaje sin riesgo a equivocarse hasta varios centenares de años atrás.

La nobleza y la realeza constituyen líneas hereditarias (y por tanto, combinaciones particulares de genes) que se han intentado mantener aisladas del resto de la sociedad. A lo largo de decenas de generaciones, los nobles se han cruzado preferentemente entre sí, a veces de forma reiterada y decididamente imprudente desde un punto de vista biológico. Es célebre la consanguinidad acumulada de los Habsburgo, que culminó en

el rey español Carlos II, quien pasó a la historia con el más bien triste sobrenombre de el Hechizado. Se le calcula una consanguinidad cercana al 25 %; es decir, el equivalente a ser un hijo de un incestuoso cruzamiento entre hermanos. Esta cifra asombrosa significa que en una cuarta parte de su genoma, la copia paterna y la materna de cada cromosoma mostrarían exactamente la misma secuencia por descender de un antepasado común. De hecho, el 95,3 % de sus genes podían remontarse a únicamente cinco antepasados. Y es que, desde 1550 en adelante, nadie procedente de otra familia se casó en la familia real española. Solo hay que rastrear algunos antepasados cercanos del rey para comprender la situación: el padre de Carlos II, Felipe IV, era el tío de su madre, Mariana de Austria; su bisabuelo, Felipe II, era también el tío de su bisabuela, Ana de Austria; y su abuela, María Ana de Austria, era simultáneamente su tía, ya que era hermana de Felipe IV. En vez de tener 32 retatara-



Carlos II el Hechizado

buelos como cualquier persona con antepasados no consanguíneos (el número de antepasados obviamente se dobla en cada generación: dos progenitores, cuatro abuelos, ocho bisabuelos, etc.), ¡Carlos II únicamente tenía catorce!

El infortunado Carlos II tenía una larga lista de problemas físicos: serias dificultades para hablar e incluso para comer, debilidad en las piernas, frecuentes fiebres y mareos, trastornos gastrointestinales, retención de líquidos, problemas en los ojos, esterilidad y un cierto retraso mental. El rey no aprendió a hablar hasta los cuatro años, y no caminó hasta los ocho. La autopsia memorable que siguió a su muerte en 1700 fue filtrada a la corte por el marqués de Ariberti, quien dijo del cuerpo del rey: «No tenía ni una gota de sangre; el corazón apareció del tamaño de un grano de pimienta; los pulmones, corroídos; los intestinos, putrefactos y gangrenados». Es evidente que los genes responsables de las condiciones clínicas de Carlos II deben de encontrarse en aquellas regiones cromosómicas idénticas en las dos copias procedentes de ambos progenitores. Sin duda, la secuenciación de este monarca proporcionaría información útil de tipo biomédico para las enfermedades que lo afectaban.

De todas maneras, esta reproducción restringida a un mismo colectivo no significa que nobles y reyes no hayan tenido a bien de repartir sus exclusivos genes entre las clases menos favorecidas, mediante el proceso, sexualmente sesgado por parte masculina, de generar hijos naturales, reconocidos o no por los progenitores. Se sabe que el rey Felipe IV tuvo nada menos que 29 hijos naturales (aparte de 16 más de sus dos esposas legítimas, muchos de los cuales murieron al poco de nacer). Algunos de estos bastardos reales alcanzaron gran preeminencia; baste recordar las responsabilidades militares de Juan de Austria, hijo natural de Carlos V y de Bárbara Blomberg, o de James Fitz-

James, primer duque de Berwick, hijo natural de Jacobo II de Inglaterra y de Arabella Churchill. No es un fenómeno del pasado remoto; Alfonso XIII tuvo al menos cinco hijos fuera del matrimonio; el último de ellos, Leandro Alfonso Ruiz Moragas, nacido en 1929, fue autorizado por la justicia española a añadir el apellido Borbón a su nombre en 2003.

Por la parte contraria –la femenina– la infusión no regulada de genes era mucho más difícil de llevar a cabo (debido a la vigilancia de la intimidad real y a la menor libertad de acción de las reinas) y estaba socialmente sancionada. Aun así, corrieron rumores, por ejemplo, de que el Delfín de Francia, conocido como Luis XVII –aunque nunca reinó–, era hijo de la reina María Antonieta y de Axel de Fersen, quienes entonces, en el albor de la Revolución francesa, parecían mantener un idilio amoroso. En la línea española, se dijo que Alfonso XII era hijo de alguno de los numerosos amantes de la reina Isabel II (presumiblemente José María Ruiz de Arana o el militar Puigmoltó), debido a la presunta homosexualidad de su esposo –y primo hermano al mismo tiempo– Francisco de Asís de Borbón (1822-1902), de quien se decía que tenía más amantes masculinos que la propia reina. Increíblemente, parece ser una tradición familiar, porque del padre de Francisco de Asís, Francisco de Paula de Borbón (1794-1865), ya se rumoreó que era hijo del valido Godoy, quien por entonces era el amante de la reina María Luisa de Parma (esposa de Carlos IV). Recientemente, análisis genéticos de diversos descendientes actuales de Juan de Gante (1340-1399), hijo de Eduardo III de Inglaterra, y de los presuntos restos del rey Ricardo III de Inglaterra (1452-1485) han revelado no una, sino dos falsas paternidades en dicho linaje real (la segunda con toda probabilidad tuvo lugar en tiempos más recientes, en algún descendiente de William Somerset [1784-1851], hijo del quinto duque de Beau-

Juan de Gante

fort), pero la primera puede comprometer la legitimidad de toda la Casa Tudor.

Los porcentajes de falsas paternidades en la población europea actual rondan, según varias estimaciones y según países, entre el 1-2 y el 10 %. Sin embargo, es probable que este fenómeno estuviera más controlado entre la nobleza, debido en parte a la falta de privacidad en que esta vivía. En consecuencia, los genes nobles tienden a infundirse en la población general como si fueran una bolsa de té en agua hirviendo, pero no al revés: los genes plebeyos permanecen en el pueblo. Esta unidireccionalidad, mantenida durante centenares de años, sin duda acentúa la singularidad genética de los pedigrís reales europeos, que han estado reproductivamente restringidos durante siglos. Es bastante posible que, desde un punto de vista genético, representen de forma bastante imperfecta al promedio de los individuos que los tienen como jefes de Estado. Estudios recientes

basados en los apellidos y el estatus social en diversos países (Chile, China, Inglaterra, Corea del Sur, Estados Unidos, India, Japón y Suecia) han demostrado que la pérdida o ganancia de estatus (lo que los autores denominan movilidad social) es un fenómeno mucho más restringido y lento de lo que se creía, que se alarga durante siglos. El resultado final es que las mayores fortunas tienden a caer y las clases bajas a subir hacia el promedio, pero el proceso puede durar 350 o 400 años en completarse. En una sociedad tan igualitaria como la sueca, se pudo comprobar que personas con apellidos originarios de la nobleza tenían en 2008 unos ingresos brutos que eran un 44 % superiores al apellido sueco más frecuente, Andersson. Entre aquellos que finalizaron sus tesis de máster en la Universidad de Uppsala entre 2002 y 2012, los apellidos nobles estaban sobrerrepresentados entre un 60 y un 80 % respecto al promedio de la población general. Dado que es improbable que los recursos económicos familiares pervivan durante centenares de años, los autores proponen factores hereditarios tales como habilidades para prosperar socialmente para explicar estas tendencias sorprendentes. Aunque el estudio no incluye las casas reales europeas, podemos sospechar que dicho rasgo se manifiesta en estas de forma más marcada, y que dichos linajes muestran niveles todavía menores de movilidad social. En este caso, sin embargo, habría que investigar si algunos factores propios, como la existencia de redes sociales muy consolidadas y exclusivas, podrían explicar esta tendencia al mantenimiento de estatus sociales elevados.

Las líneas de nobleza europea son más largas que la mayoría de linajes plebeyos, pero tampoco tienen más que unos pocos centenares de años. Muchas de ellas (como los Borbones y los Orleans) derivan de ramificaciones de la Casa de los Capeto, que se remontan a Hugo Capeto, rey de los francos entre

987 y 996. A su vez, los Capetos se remontan a los llamados Robertinos, una familia noble del período carolingio, entre la que destaca Roberto el Fuerte (820-866), quien murió luchando contra los invasores vikingos. El rey de España Felipe VI es descendiente de ambos personajes, Hugo Capeto y Roberto el Fuerte (los Borbones, por cierto, reemplazaron a los Habsburgo en España, el otro gran linaje real europeo, hoy extinguido). Los Capetos y sus linajes derivados dieron, entre otros –a veces por líneas ilegítimas–, 36 reyes de Francia, 9 de Portugal, 11 de Nápoles, 4 de Sicilia, 12 de Navarra, 4 de Polonia, 2 de Albania, 10 de España, 20 de Portugal, 4 de Hungría, 2 de Brasil e innumerables duques, condes y marqueses de todas las regiones de Europa. Sin duda, un éxito social y reproductivo que Hugo Capeto, elegido por los nobles como Rex Francorum en 987 a la muerte de Luis V, el último rey carolingio, no hubiera podido soñar.

Este marco temporal es muy corto como para que la población general haya experimentado grandes cambios genéticos. Esto está relacionado en parte con la gran interconexión que tienen todos nuestros antepasados. Ya hemos dicho que el número de antepasados se dobla en cada generación, y que un cálculo superficial nos da que en tiempos de Roberto el Fuerte, cada uno de nosotros tendría unos 2^{55} antepasados (tomando unos veinte años como intervalo entre generaciones). Este valor absurdamente elevado equivale a multiplicar por unos 5 millones de veces el número de personas de la humanidad actual. Esta imposibilidad numérica es debida a que en realidad nuestros antepasados se comparten entre ellos y con los de otras personas. Al retroceder en el tiempo, las genealogías individuales empiezan a superponerse en una compleja red.

Estudios llevados a cabo con datos genómicos de europeos actuales han demostrado que, en promedio, dos europeos to-

mados al azar, procedentes de dos poblaciones vecinas, comparten entre dos y doce antepasados en los últimos 1.500 años. Cuando retrocedemos en el tiempo mil años más, el número de antepasados compartidos aumenta hasta 100. El fenómeno es menor en las grandes penínsulas del sur de Europa, como la italiana o la ibérica, donde probablemente se ha recibido el influjo de diversas migraciones, algunas procedentes del norte de África. Pero aun así, dos individuos cualesquiera procedentes de dos extremos de Europa (este-oeste o norte-sur) seguirán teniendo miles y miles de antepasados en común, especialmente a medida que retrocedemos en el tiempo, cuando los efectivos demográficos eran menores. Cualquier europeo actual tiene antepasados en cualquier europeo pasado de los últimos 1.000 años. A pesar de esta red de interconexiones, se mantiene una cierta estructura geográfica en el continente, simplemente porque estos antepasados comunes tenderán a acumularse en una misma área geográfica. Es decir, un español actual tendrá unas 100 veces más probabilidades de haber heredado material genético de un ibérico de hace 1.000 años que de un individuo contemporáneo de, por ejemplo, los Balcanes.

Esta poca movilidad es típica de las sociedades preindustriales. En mi linaje paterno, por ejemplo, el primer miembro conocido (por el censo de los fogajes de 1495) es Jaime de Lalueza, un hijodalgo que ese año contrajo matrimonio en Charo (entonces Jaro), un pueblecito del Sobrarbe pirenaico, con María Lanao. A finales del siglo XIX, mi abuelo Bernardo Lalueza nació en Abizanda, otro pueblo del Sobrarbe. En cuatro siglos y nueve generaciones, el cromosoma Y Lalueza, que es un raro haplogrupo T1a y que al ser los Lalueza infanzones —es decir, hijos de infantes, nietos de reyes— debería de corresponder quizás a los reyes de Aragón, apenas se había desplazado veinte kilómetros al sur en línea recta. Incluso si tomamos

como referencia a mi hijo Marc, nacido hace un año en Sabadell, la distancia recorrida en cinco siglos sigue sin resultar nada impresionante: apenas doscientos kilómetros.

En conclusión, no somos individuos genéticamente aislados, sino que pertenecemos a genealogías fuertemente compartidas que hace que todos nosotros estemos, en un sentido más o menos lejano, emparentados. Si dispusiéramos de nuestra información genealógica completa, descubriríamos fascinados estas conexiones distantes (o no tan distantes, a veces unas pocas generaciones aparte) con cualquier personaje relevante del pasado, odiado o admirado. Estos lazos, que a veces se pueden poner de manifiesto con investigaciones heráldicas y genealógicas, siguen teniendo una extraña solidez y ejerciendo una especie de fascinación para aquellas personas que investigan su árbol familiar. Parece como si el pasado remoto diera coherencia al presente, que por lo general se manifiesta como menos interesante.

El debate científico está en saber si las casas reales representan linajes más o menos aislados del resto de la población, o si la sangre noble, y los genes nobles, están en nuestras células y corren por nuestras venas tanto como los genes de la plebe. De momento es un debate especulativo, porque todavía no disponemos de un solo genoma completo de una casa real. Lo que sí podríamos esperar es que los linajes reales mostraran combinaciones específicas de diversas variantes genéticas en proporciones distintas (ya sea mayores o menores) a las de la población general. En este sentido, es famosa la mandíbula de los Habsburgo, un rasgo que puede rastrearse en numerosos miembros de esta familia a partir de los retratos, y que consiste en presentar la mandíbula excesivamente proyectada hacia delante, con la consiguiente mala oclusión con los dientes superiores. El caso más notable es el ya mencionado de Carlos II, que lo

mostraba tan exagerado que apenas podía masticar, hablar correctamente, ni, obviamente, cerrar del todo la boca. Su antepasado, Carlos I, ya lo presentaba. Se dice que, en su primera visita a España, un pueblerino de Calatayud le espetó: «Majestad, cerrad la boca, las moscas de este país son muy insolentes». El característico perfil mandibular puede rastrearse en las monedas hasta Federico III (1440-1493), emperador del Sacro Imperio romano y abuelo de Felipe el Hermoso, quien fue padre de Carlos I.

Aunque la mandíbula de los Habsburgo se habría acentuado a lo largo de las generaciones debido a los cruzamientos consanguíneos dentro de este linaje real, el efecto del aislamiento geográfico podría producir resultados parecidos y favorecer la aparición de rasgos físicos y de enfermedades en poblaciones aisladas cuyos miembros tuvieran que cruzarse preferentemente entre sí por falta de otras opciones.

Uno de los ejemplos más notables de población aislada es la remota isla del Atlántico sur Tristan da Cunha, que tenía a

Carlos I



principios del siglo XXI una población de 264 personas. Estas descendían esencialmente de tan solo 15 antepasados, ocho hombres y siete mujeres, llegados a la isla entre 1816 –cuando empezó la colonización formal por parte de Inglaterra– y 1908 (por cierto, en 1816 había tan solo dos pobladores previos, uno de ellos, Bastiano Poncho Comilla, originario de Mahón, Menorca). Un estudio genético reciente mostró que únicamente había cinco secuencias diferentes de ADN mitocondrial –un pequeño genoma circular que se halla dentro de los orgánulos celulares que producen energía y que se transmite de forma exclusiva por línea materna– en la isla. Curiosamente, otro estudio halló, en 2004, ocho cromosomas Y –que es la contrapartida masculina al ADN mitocondrial porque se transmite a través de los varones– siete de los cuales se correspondían con los únicos siete apellidos presentes en la isla. Una posible interpretación es que el octavo, procedente de Europa del Este, correspondiera a una aventura extramatrimonial de alguna habitante de la isla con algún marino de paso. Estas poblaciones aisladas suelen presentar altas incidencias de algún trastorno, puesto de manifiesto debido al efecto combinado de la deriva genética y la consanguinidad. En el caso de Tristan da Cunha, se trata del asma. Cerca del 21 % de la población lo sufre (más de una cincuenta de individuos), por lo que se ha utilizado en estudios genéticos que trataban de buscar las causas de esta enfermedad. Como curiosidad, el inglés hablado en la isla presenta algunas variantes de pronunciación respecto al inglés estándar, y una de las palabras modificadas es la de la propia enfermedad, que se pronuncia como «hashmere» (con una *h* fuerte al principio) en vez de «asthma».

En algunos sitios, donde el poblamiento ha sido reciente, el tamaño demográfico –no pequeño pero sí limitado– y la información genealógica no se han perdido, es posible analizar

la compleja red de interconexiones que entrelaza los individuos actuales y los ancla en un pasado compartido. Islandia, con una población cercana a los 300.000 habitantes y una colonización que empezó a partir del año 874 y duró en esencia un par de siglos, es un ejemplo inmejorable del poder de dicha información. Gracias a los esfuerzos de deCODE Genetics, una compañía privada de genética asentada en Reyjavik, por recopilar toda la información disponible en los registros parroquiales del país, es ahora posible reconstruir el árbol genealógico de cerca del 80 % de todos los islandeses que viven y de todos los que han vivido jamás. Con dicha información, es posible descubrir, por ejemplo, que todos los afectados por asma en esta isla proceden en realidad de una única pareja inicial que vivió hace trescientos años. Los que pueden acceder a la información descubren que están emparentados con cualquier otro ciudadano islandés en el que puedan pensar, ya sea su presidente, la cantante Björk, el premio nobel Halldór Laxness, o incluso su propia pareja. Como es un poblamiento no muy lejano en el tiempo, estos vínculos pasados ya olvidados familiarmente suelen remontarse a unas pocas generaciones, quizás seis u ocho. En poblaciones más grandes y más antiguas, como la española, sin duda nos proyectaríamos más atrás en el tiempo, pero quizás no mucho más. Probablemente es una bendición psicológica no disponer de esta información, ya que descubriríamos que Montescos y Capuletos son familia en realidad, sin necesidad de esperar a que Romeo y Julieta se enamoren.

La estrategia de, digamos, aislamiento reproductivo de la nobleza ha buscado mantener un estatus social preeminente y crear vínculos de poder mediante alianzas y, sobretudo, descendencias. Lo que es escaso es valioso y, por definición, deja de ser ambas cosas cuando se vuelve accesible y se mezcla con el resto. La curiosidad por lo escaso y lo singular explica en parte la fas-

cinación por la nobleza. Aquellos que creen en la reencarnación y buscan en la regresión hipnótica posibles vidas anteriores siempre encuentran en su pedigrí príncipes aztecas, generales romanos y faraones egipcios. Nunca encuentran aquello que sería esperable con total certeza, a saber: un campesino azteca, un campesino romano y un campesino egipcio.

Este interés por la vida de los personajes de la realeza sigue vigente hoy en día, y sustenta una industria periodística (denominada «prensa rosa» o «del corazón» en España, y «yellow press» en inglés) que constituye un género en sí misma y cuyo principal objetivo es proporcionar información —generalmente no contrastada— sobre aspectos banales de la vida de personas conocidas. Dada, sin embargo, la escasez cada vez mayor de casas reales europeas, dicha fascinación ha derivado hacia cualquier persona que constituya una celebridad a nivel popular, ya sea cantante, actor-actriz o simplemente famosa por ser famosa.

El espectacular desarrollo de las técnicas genéticas ha permitido en los últimos años potenciar el conocimiento científico de personajes del pasado y obtener una información íntima que antes no estaba disponible. No solo es posible deducir el ADN de personas famosas analizando marcadores genéticos de algunos de sus descendientes vivos, sino que también es posible recuperarlo directamente de los restos esqueléticos o momificados de dichos personajes. Normalmente se trata de marcadores como el ADN mitocondrial o el cromosoma Y que se transmiten por línea exclusivamente materna y paterna, respectivamente, pero pronto dispondremos de genomas completos de algunas personas históricas famosas. Estos vínculos genealógicos escritos en el ADN de la historia y hasta ahora ocultos pueden complementarse con el análisis genómico personal que ofrece diversas compañías privadas a un módico precio y al cual puede acceder cualquier particular interesado en conocer su propio ge-

noma. Quizás la más conocida actualmente es 23andMe, una compañía norteamericana que analiza cerca de medio millón de variantes genéticas (o polimorfismos) a lo largo del genoma de sus clientes por un centenar de dólares. Estos marcadores genéticos proporcionan información sobre la predisposición a distintas enfermedades pero también a la ancestralidad del cliente; en este sentido, es capaz de discriminar de qué zona geográfica o de qué continente proviene cada fragmento de cromosoma que ha sido analizado. No solo esto, también ha creado una red social virtual que permite a todos los clientes que lo deseen compartir su información genética y ponerse en contacto con otros clientes. Es posible encontrar entre ellos familiares lejanos, primos e incluso hermanos separados y dados en adopción al nacer. Podemos cruzar nuestros datos con nuestra pareja (o con parejas potenciales) y calcular con qué características (y estas con qué probabilidades) generaremos hijos. Podemos ponernos en contacto con otras personas que tengan variantes genéticas raras que predispongan a determinadas enfermedades y compartir información sobre síntomas y terapias. Incluso podemos mirar qué medicamentos funcionarán mejor según nuestro patrimonio genético y qué dosis necesitamos para que hagan efecto. La genética ya no está circunscrita al presente y a los centros de investigación; se ha vuelto omnipresente y popular, ha salido de nuestras células y se ramifica hacia el pasado, hacia nuestros ancestros y también hacia el futuro, hacia nuestros descendientes. Podemos compartir información de nuestros genes de la misma manera que compartimos fotos y experiencias en Facebook.

Nos hallamos pues en el albor de una nueva era, la de la genómica personal, que tiene también un fuerte componente de un aspecto que podríamos llamar genética recreativa. Este enfoque casi lúdico de la información genética personal nos permite reconstruir nuestra historia familiar y personal, pero

también nos permite ahora saber con qué personaje del pasado tenemos vínculos genéticos. Estas conexiones ejercen el tipo de fascinación que explota la prensa del corazón, pero además tienen el valor añadido de que son reales. Por ejemplo, yo tengo una secuencia en mi ADN mitocondrial que es relativamente rara y se halla en cerca del 1 % de la población europea. Cuando se analizaron los restos del famoso bandolero Jesse James, descubrí que su secuencia casi coincidía con la mía: él tenía mutaciones en las posiciones 16126, 16274, 16294, 16296 y 16304 (yo las comparto todas, excepto la segunda). Es decir, en algún momento del pasado, y por línea materna, Jesse James y yo (y algunos centenares de miles de europeos actuales) compartimos un antepasado común. Pero no hay que preocuparse si el personaje nos parece impropio o vulgar; mi secuencia está muy cerca también de la del zar Nicolás II de Rusia, que tiene cambios de nucleótido fijados en tres de las mismas posiciones: 16126, 16294 y 16296.

Respecto al cromosoma Y, el mío es una variante muy poco frecuente del linaje T que se encuentra de forma residual en Europa y que quizás procede del Cáucaso en tiempos remotos. Al ser transmitido como el primer apellido, el cromosoma Y permite todo tipo de conexiones genealógicas históricas y de hecho es el marcador preferido por los blogueros dedicados a la genealogía genética. Si un apellido tuviera un único origen, todos los cromosomas Y de los varones con dicho apellido deberían coincidir, con las esperadas complicaciones de alguna falsa paternidad de vez en cuando y de alguna mutación en alguno de los marcadores que lo definan. Diversos estudios han explorado esta relación entre apellido y genética en varios países europeos. Uno realizado en Cataluña ha mostrado una gran variación entre apellidos, desde los que probablemente derivan de un único antepasado hasta los que tienen tantos linajes del

Y como personas llevan el apellido. Estos últimos casos suelen corresponder a apellidos relacionados con características físicas o geográficas como Pujol o Soler y que, por tanto, han surgido múltiples veces a lo largo del tiempo. Es interesante, sin embargo, que en algunos casos la correspondencia entre cromosoma Y y apellido sea tan elevada, que de encontrarse una muestra biológica con dicho perfil genético, por ejemplo en la escena de un crimen, con una gran probabilidad se le podría asignar un apellido al sospechoso. Un tipo de información que de buen seguro interesaría a la policía. Sin embargo, en todos los países existen apellidos increíblemente frecuentes que dominan el panorama. En nuestro país, estos son, por orden decreciente, García, López, Pérez, González, Sánchez, Martínez, Rodríguez, Fernández y Gómez. En un episodio de la famosa comedia norteamericana *The Big Bang Theory*, el protagonista Sheldon Cooper responde a la pregunta retórica de si conoce el nombre de determinada persona con un «No, pero por probabilidades podría llamarse Mohammed Li» (Mohammed es el nombre más frecuente a nivel planetario y Li el apellido más frecuente, aunque a Sheldon se le escapa que su combinación tiene que ser muy rara).

Imposible afirmar que todo esto no es fascinante. Naturalmente, una conexión genética mitocondrial con Jesse James (o con el último zar) no significa nada más allá de la anécdota, porque la información que es importante en aspectos metabólicos, inmunológicos, físicos, cognitivos o fisiológicos y que es lo que realmente modela a un ser humano en su aspecto y en su personalidad y, por tanto, lo hace parecido o diferente a otros, se halla en el genoma del interior del núcleo de las células. Este genoma nuclear es inconmensurablemente más vasto y tiene una forma de organización y de transmisión más compleja, basada en pares de cromosomas, de los cuales heredamos