

# El uso de apellidos como marcador de procesos biológicos y sociales: recientes aportes a la Demografía Histórica

Sonia E. Colantonio  
Vicente Fuster<sup>2</sup>  
Claudio Küffer<sup>1</sup>

## Resumen

Los apellidos como indicadores de relaciones genéticas entre poblaciones son de uso reciente en estudios históricos, aunque su empleo viene desde antaño en otros tipos de análisis. Ellos constituyen un marcador representativo de la herencia biológica y a la vez un indicador de la conducta cultural. Su transmisión, análoga en la mayor parte de sociedades a la herencia del cromosoma Y, y las críticas referidas al no cumplimiento del supuesto de monofiletismo (es decir que personas con el mismo apellido tienen un ancestro común), han derivado en numerosas investigaciones que correlacionan los apellidos con distintos marcadores genéticos de ese cromosoma, obteniendo resultados que sustentan empíricamente su uso en biodemografía. Simultáneamente, presentan casi siempre la ventaja de poder rastrearse generaciones atrás hasta su origen, procedimiento casi imposible con marcadores genéticos. Desde la perspectiva cultural son cada vez más diversos los hechos que se descubren a través de su uso. Ellos van desde la conducta relacionada con los procesos de elección de pareja y posterior reproducción, las pautas condicionantes de la consanguinidad, los movimientos migratorios, las prácticas de residencia y el origen étnico o geográfico de las personas. Este trabajo es una presentación del método de isonimia y una puesta al día de los recientes aportes realizados a la demografía histórica.

**Palabras clave:** apellidos, isonimia, demografía histórica, migración.

## Abstract

For long, surnames have had different applications to demographic studies. Their interest as an indicator of the genetic relationships among populations is

- 
- 1 Investigadores de la Cátedra de Antropología, Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales de la Universidad Nacional de Córdoba (Argentina). (scolanto@efn.uncor.edu)
  - 2 Investigador de la Facultad de Biología de la Universidad Complutense de Madrid.

recently increasing. Surnames constitute a marker representative of the biological heritage as well as an indicator of cultural behavior. Their transmission from one generation to the next is, in most societies, analogous to that of the Y chromosome. The criticism concerning the non-fulfillment of the monophyletic condition (people carrying the same surname have a common ancestor) has derived in numerous research in which the distribution of surnames was correlated with genetic markers of that chromosome. The results obtained support empirically the use of surnames in biodemography. In comparison with genetic markers, surnames have the advantage that they may be followed many generations back thanks to historical records. From a cultural perspective, surnames put into evidence diverse facts related to the mate choice and posterior reproduction, patterns conditioning consanguinity, migratory movements, practices of residence and to the ethnic origin. The present paper intends to expose the possibilities of the use of surnames (isonymic analysis) and provide an actualization of their recent contributions to Historical Demography

**Key words:** surnames, isonymy, historical demography, migration.

### Sumário

O uso de sobrenomes como indicadores das relações genéticas entre populações é recente, ainda que venha sendo utilizado em outros tipos de análise. Eles são um marcador representativo do legado biológico, mas também um indicador da conduta cultural. Sua transmissão, análoga na maior parte das sociedades à herança do cromossomo Y, e as críticas quanto à não complacência da presunção de monofiletismo (isto é, pessoas com o mesmo sobrenome têm um antepassado comum) tem derivado em inúmeras investigações que correlacionam os apelidos com distintos marcadores genéticos deste cromossomo, obtendo resultados que sustentam empiricamente o seu uso em biodemografia. Além disso, tem quase sempre a vantagem de poder ser rastreados gerações atrás até a sua origem, o que é quase impossível com marcadores genéticos. Da perspectiva cultural são cada vez mais diversos os fatos que são descobertos através da sua utilização. Eles vão desde a conduta com relação aos processos de escolha dos casais e posterior reprodução, as pautas condicionantes da endogamia, os movimentos migratórios, as práticas de residência e a origem étnica ou geográfica das pessoas. Este trabalho é uma apresentação do método da isonímia e uma atualização das contribuições mais recentes à demografia histórica.

**Palavras chave.** Apelidos, isonímia, demografia histórica, migração.

## INTRODUCCIÓN

El apellido, conjuntamente con el nombre, cumple un rol directo y principal de identificación de los individuos. Pero simultánea y indi-

rectamente, constituye un indicador de la pertenencia de los mismos a grupos de diversa naturaleza que se constituyen en el interior de las sociedades humanas tales como los círculos de parentesco, los grupos étnicos, geográficos, socio-económicos, de estatus, etc. Estos grupos suelen funcionar asimismo como núcleos dentro de los cuales la probabilidad de elegir pareja y la de transmitir sus genes es mayor que la de reproducirse con un individuo proveniente de otro grupo. Así, los apellidos de sus integrantes y los genes que ellos portan son en general característicos de esos círculos, por lo cual ambos tipos de datos constituyen una herramienta para estudiar comportamientos «bio-culturales» en las poblaciones.

Lo anterior tiene una necesaria relación con los comportamientos demográficos de las poblaciones, como han mostrado Manrubia y Zanette (2002), quienes establecen un modelo que relaciona nacimientos, defunciones y tamaños familiares con la distribución de apellidos, modelo que se ajusta a datos de poblaciones contemporáneas en varios países.

Distintas y numerosas contribuciones a partir del análisis de apellidos se han realizado en los últimos años en el estudio de poblaciones actuales, que abarcan desde pequeños grupos aislados (Little y Malina, 2005, Morera y Barrantes, 2004, Rudan, 2001, entre otros) hasta países enteros como Suiza (Rodríguez-Larralde et al., 1998a), Italia (Barrai et al., 1999), Francia (Mourrieras et al., 1995), Alemania (Rodríguez-Larralde et al., 1998b), Inglaterra y Gales (Mascie-Taylor y Lasker, 1985; Sokal et al., 1992), Austria (Barrai et al., 2000), Netherlands (Barrai et al., 2002), Venezuela (Rodríguez-Larralde et al., 2000), Estados Unidos (Barrai et al., 2001) y España (Rodríguez-Larralde et al., 2003), entre otros.

No obstante, quizás sean más numerosos aún los aportes que el análisis de apellidos ha hecho al conocimiento de poblaciones históricas. Su empleo ha sido tradicional en estudios demográficos como elemento marcador, por ejemplo, para la reconstrucción de familias o en el estudio de linajes, surgiendo luego desde el campo de la biología la posibilidad de su uso como indicador de ascendencia genética y de relaciones biológicas dentro y entre las poblaciones humanas. De los estudios realizados con fines de esta naturaleza resulta particularmente evidente la ventaja que, como datos, tienen los apellidos respecto de los genes. Mientras los genes pueden obtenerse en unas pocas generaciones, y con vistas a análisis retrospectivos se requieren otras estimas (por ej. sus tasas de cambio, o mutación), en muchas poblaciones los apellidos pueden ras-

trearse múltiples generaciones hacia atrás dependiendo del momento de su aparición y de la estabilización de su transmisión, como por ejemplo en Francia a partir de los siglos XII y XIII (Vernay, 2000), contribuyendo así a la reconstrucción de la «historia genética» de los grupos. Temas tales como la consanguinidad y el parentesco, patrones de distribución y origen geográfico, barreras lingüísticas, migraciones, etc., han sido tratados a partir de fuentes de datos históricos referidos a apellidos.

## APellidos como marcadores biológicos: fundamentos

Todos los estudios mencionados parten del supuesto de que los apellidos se transmiten, al igual que los genes, de padres a hijos y por tanto constituyen un «marcador» de la ascendencia biológica a partir del cual pueden estimarse indicadores de las relaciones genéticas entre individuos y entre poblaciones. En grupos donde el apellido se transmite por línea paterna (tal como el sistema Iberoamericano), la analogía se establece entre los apellidos y los genes situados en el cromosoma Y, que es el cromosoma sexual heredado por vía de los hombres.

Ahora bien, ¿cuál es el fundamento estadístico del empleo de los apellidos como genes? La primera idea se la debemos a George Darwin (hijo de Charles Darwin) cuando en 1875 sostuvo que en una población los matrimonios con una persona del *mismo apellido que no fuese pariente* son proporcionales a la frecuencia de cada apellido en la población.

A partir de esa idea original, y de acuerdo a los conocimientos actuales, puede establecerse la consiguiente secuencia:

- 1) La probabilidad de que dos personas *sean parientes* (lleven un mismo gen derivado de un antecesor común) es el denominado coeficiente de consanguinidad (F) de ese tipo de parentesco. Entre hermanos (C11) esa probabilidad es de 1/4, entre tíos y sobrinos (C12) es 1/8, entre primos hermanos (C22) es 1/16, y así sucesivamente.
- 2) La probabilidad de que cada tipo de *parientes tengan el mismo apellido* (es decir, sean isónimos) depende del tipo de cruzamiento (C11: 100%, C12: 50%, C22: 25%).
- 3) La probabilidad de que las *personas con un mismo apellido sean parientes* es la multiplicación de la probabilidad del gen común (coeficiente de consanguinidad) por la probabilidad de que tengan el mismo apellido. Por ej., la descendencia de hermano/na tiene F

de 1/4 y siempre tendrán el mismo apellido ( $1/4 \times 1/1 = 1/4$ ). Prole de tío/tía con sobrino/na tienen F de 1/8 y la mitad tendrán mismo apellido ( $1/8 \times 1/2 = 1/4$ ). La descendencia de primos tienen un F de 1/16 y tienen el mismo apellido en la proporción de 1/4 ( $1/16 \times 1/4 = 1/4$ ), y así sucesivamente para el resto de las uniones.

- 4) Para cada *tipo de parentesco la probabilidad de tener el mismo apellido* es en todos los casos la misma (1/4), razón que es siempre una constante en todos los algoritmos usados para estimaciones de parentesco mediante apellidos.

De acuerdo a lo anterior, y siguiendo a Lasker (1980) cabe aclarar que el análisis de apellidos en estudios de genética humana está limitado a inferencias en base a las probabilidades estadísticas. Por tanto, las estimaciones obtenidas tienen siempre un valor «probabilístico» cuando se habla en términos de identidad génica.

Si bien es cierto que una buena parte de los apellidos puedan tener más de un origen, puede suponerse por lo anteriormente expresado que personas con un mismo apellido tienen una alta probabilidad de provenir de un ancestro común, aunque el mismo sea lejano en el tiempo. Precisamente tal supuesto constituye un elemento básico para la utilización del método denominado de «isonimia» (igual apellido). Una larga discusión en el tiempo se dio acerca del peso del monofiletismo o polifiletismo de los apellidos, es decir que tengan respectivamente un ancestro común o varios ancestros diferentes, y no pocas veces fue puesto en duda el empleo de la isonimia para el análisis de relaciones biológicas. Como consecuencia de ello, y reconociendo a su vez la importancia del apellido para la búsqueda de ancestría, los genetistas han abordado en los últimos años la labor de relacionarlo con el cromosoma Y ya que, como se mencionado anteriormente, es homologable en su forma de transmisión.

Sykes and Irven (2000) analizaron regiones del cromosoma Y que presentan alta variación y, por tanto, las probabilidades de identidad entre ellas son escasas a menos que los individuos implicados estén relacionados por ancestría. Dichos autores tomaron una muestra aleatoria de personas con el apellido Sykes en Reino Unido, comparándolas con dos grupos control, uno de ellos tomado al azar y el otro consistente en vecinos geográficos de «los Sykes». Estudiando un conjunto de genes que se transmiten juntos en este cromosoma, encontraron que el mismo es idéntico en el 45% de la muestra, está ausente en los grupos control, y se presenta con escasas mutaciones en el otro 55% de los Sykes en el transcurso de 700 años, además de que todos ellos provenían de un mismo lugar geográfico.

co. Sus resultados constituyeron el primer sustento fuerte al supuesto de que un alto porcentaje de apellidos son monofiléticos. Un estudio simultáneo realizado en irlandeses (Hill, 2000) y con marcadores similares mostró una alta variabilidad geográfica de los mismos y la predominancia de un haplogrupo (una secuencia grande de genes derivados de un ancestro). Cuando la muestra se dividió en 4 grupos de apellidos según su origen, las diferencias entre ellos resultaron significativas —es decir que los apellidos agrupaban zonas genéticamente semejantes y separaban otras genéticamente diferentes—, y aparecieron gradientes en las frecuencias génicas que respondían a una antigua inmigración de grupos cultivadores del cercano Oriente estimada en el 4200 a.C. Similares hechos demostraron Zei et al. (2003) en Cerdeña, al examinar porciones variables del cromosoma Y que no aportan beneficio ni perjuicio a los individuos, es decir que no están sometidos a la selección natural. Dichos autores encontraron gran homogeneidad genética territorial, pero cuando los distribuyeron según el lugar de origen del apellido se revelaron significativas diferencias entre áreas geográficas histórica y culturalmente diferentes. Jobling (2001) analizó la estructura de porciones del cromosoma Y en cuatro familias colombianas, hallando correspondencia absoluta en tres de ellas que tenían el mismo apellido.

Numerosas investigaciones (Wilson et al., 2001, Presciuttini et al. 2006, King et al., 2006, McEvoy y Bradley, 2006, entre otros) abordaron la temática con posterioridad a esos trabajos pioneros, demostrando que si bien algunos apellidos pueden tener más de un origen, buena parte de los mismos cumplen con el supuesto del monofiletismo en una proporción suficiente y confiable. Aún más, en los casos puntuales en que los resultados no fueron enteramente satisfactorios, sirvieron para descubrir fenómenos de ilegitimidad en algún lugar de la secuencia ancestro-descendiente. King et al. (2006) llegaron a estimar que en grandes muestras, como mínimo 1/4 de personas del mismo apellido compartirá ancestría genética. Así, se obtuvo a partir de la comparación entre el cromosoma Y y el apellido la misma proporción que resultaba constante en el punto 4) mencionado más arriba, y que se usa en las fórmulas de isonimia. Por otra parte, y aunque este tipo de estudios se refiere al cromosoma Y, Yasuda y Furusho (1971) mostraron en la población de Japón que la isonimia con apellidos maternos da útiles valores relativos aunque la herencia matrilineal del apellido sea intermitentemente sustituida por la paterna.

Fundamentado en lo precedentemente expresado, a pesar los posibles orígenes diferentes de los apellidos, de los cambios en las líneas de

transmisión, y de los posibles errores que pueden verificarse en la grafía o en la asignación de los mismos, actualmente es confiable su uso para estimaciones —en términos probabilísticos— de relaciones biológicas dentro y entre poblaciones. Las diferentes fuentes de datos empleadas y los resultados encontrados así lo sustentan, especialmente porque la gran mayoría de las veces se revela una notable concordancia con los datos genéticos y más aún con los históricos. Así, de acuerdo a Castro de Guerra (1999) está probada la utilidad de los apellidos en inferencias acerca de la estructura de poblaciones, tanto como la de la información histórica para explicar la diversidad genética.

Por otra parte, el empleo de la isonimia presenta ventajas como la posibilidad de medir consanguinidad remota (en cada caso a partir del momento de adquisición de los apellidos), la cual es imposible de alcanzar con genealogías, puede aplicarse a grandes poblaciones, comprobar si existe elección preferencial de cónyuge de acuerdo a los apellidos y descubrir si éstos aportan selectivamente a la reproducción, o realizar estimaciones de migración a partir de una fuente diferente de datos.

## **APELLIDOS EN DEMOGRAFÍA HISTÓRICA**

En muchos de los tópicos mencionados el análisis de apellidos ha prestado importantes contribuciones a la demografía histórica. Luego de los pioneros trabajos de Crow y Mange (1965), las diversas aplicaciones de la isonimia a esa y otras temáticas publicadas hasta el año 1984 pueden encontrarse en Lasker (1985), y a partir de ese año están ejemplificadas por Brunet y Bideau (2000) y por Colantonio et al. (2003).

Este trabajo ha tenido como objetivo, además de una presentación del método de isonimia, contribuir con una relación bibliográfica de los más recientes aportes realizados a través de los apellidos al conocimiento de diversas poblaciones históricas y de sus comportamientos demográficos, distribuidas ellas en un amplio espacio geográfico y cultural.

## **CONSANGUINIDAD**

La profundidad temporal que se puede alcanzar mediante los apellidos supera ampliamente la que pueden dar las dispensas o las gene-

alogías. Las múltiples comparaciones efectuadas entre isonimia y dispensas por consanguinidad muestran, en general, tendencias similares, aunque valores de esta última sensiblemente más altos cuando se usa el método de isonimia (tal vez debido a la mencionada posibilidad de polifiletismo) y una subestimación con las dispensas o las genealogías, por la falta de profundidad temporal de estas últimas.

No obstante, cuando se cuenta con registros genealógicos completos tales como los analizados por Gagnon y Toupance (2002) para la población de Québec entre 1608 y 1800, las tendencias encontradas con genealogía e isonimia son semejantes y dan prueba de la utilidad de esta última en estudios de esa naturaleza. Un claro ejemplo lo constituye el estudio de Vernay (2000), quien analiza datos de casi 5000 matrimonios ocurridos en Francia entre 1763 y 1972, encontrando con ambos métodos una tendencia similar de la consanguinidad pero sólo desde el siglo xx. En períodos anteriores la consanguinidad por isonimia resultó alta, mientras que por dispensas fue baja al inicio y aumentó con el tiempo, evidenciando la deficiencia de los datos genealógicos para los primeros períodos con la consiguiente pérdida de las más remotas relaciones de parentesco. Similar procedimiento usaron Peña et al. (2002) en el Valle de Orozco (España), donde el componente de isonimia debido a cruzamiento preferencial por apellido mostró una búsqueda selectiva de parientes en los períodos de máxima consanguinidad estimada por dispensas, pero decayendo esta última en el siglo xx.

El descenso de la consanguinidad que se registra en el siglo xx tendría distintas explicaciones, dependiendo de las sociedades en las cuales ha sido registrado. Por un lado, es conocido que en poblaciones donde la religión Católica ha tenido considerable peso, cónyuges emparentados estaban obligados a solicitar dispensa previamente a la celebración del matrimonio. Pero mientras que con anterioridad a 1918 este requerimiento afectaba a las relaciones extendidas hasta primos terceros, a partir de ese año las regulaciones del Vaticano limitaron la solicitud de dispensa solamente a las relaciones más estrechas que primos segundos (Fuster y Colantonio, 2004).

Por otro lado, también Mathias et al. (2000) efectuaron la comparación entre resultados de dispensas e isonimia, encontrando por ambos métodos que la consanguinidad disminuye a partir de 1900, mostrando el proceso general de apertura de las poblaciones por el crecimiento y por la extensión de las vías de comunicación, que posibilitaron la constitución de un mayor número de uniones exogámicas, perdiendo así



estas poblaciones su condición de «aislados genéticos». Similar evolución de la consanguinidad se registra en los Alpes Italianos entre 1825 y 1923 (Gueresi et al., 2001), también con ambos métodos. Todavía en épocas recientes (1976 a 1997) Lasker y Mascie-Taylor (2001) verificaron que en poblados ingleses continúa declinando el componente aleatorio de la isonimia, lo que ocurre fundamentalmente a causa de la presencia de nuevos apellidos llegados por inmigración.

## AISLAMIENTO Y MIGRACIÓN

La disminución del aislamiento que surge como resultado del análisis de apellidos ha sido reiteradas veces atribuida al crecimiento del tamaño poblacional (últimamente Blanco Villegas et al., 2004, Sanna et al., 2004). Si bien el aumento del tamaño de las poblaciones es un factor decisivo a la hora de la elección del cónyuge, los estudios de isonimia —sea a través del establecimiento de relaciones de parentesco entre poblaciones o de la estimación de la diversidad y de la migración— mostraron que tal proceso ha sido condicionado fundamentalmente por un aumento de la movilidad. Mediante el cálculo de coeficientes de parentesco interpopulacionales aplicado a 13.000 matrimonios, Sanna et al. (2006) mostraron que en Cerdeña la variación en estos parentescos entre 1825 y 1946 no ha dependido del cambio en el tamaño poblacional sino del aislamiento en algunas poblaciones de altitud y de la intensificación de las relaciones entre las villas. Estimando la diversidad de apellidos en la Isla de Flores (Portugal) entre mediados del siglo XIX y el presente, Santos et al. (2005) encuentran que la diferenciación entre poblaciones ha disminuido fundamentalmente a causa de las comunicaciones entre parroquias, manteniendo una alta diversidad a pesar de una fuerte reducción del tamaño poblacional en el período.

Comparando matrices de parentesco por isonimia y matrices de migración derivadas de los datos de casi 22800 matrimonios efectuados en 85 parroquias de Italia y España con diferentes grados de aislamiento, Boattini et al. (2006) establecieron también que el incremento de la movilidad poblacional y de las tasas de migración fueron los factores condicionantes de la pérdida a través del tiempo de lo que en términos biológicos se denomina «diferenciación poblacional», es decir que el intercambio de personas —y correlativamente de genes— produce una similitud cada vez más marcada entre las poblaciones involucradas.

Otras estimas de aislamiento mediante isonimia, así como el análisis de la distribución de apellidos en cada población y de su ajuste a modelos genéticos, muestran que se puede evaluar la relación entre la deriva por aislamiento y su equilibrio por la migración (Zei et al., 1983). El análisis de los procesos precedentemente mencionados (deriva y equilibrio por migración) permite inferir la «historia genética» de las poblaciones en estudio, ya que el primero pone en evidencia el fenómeno de homogeneización interna que se produce cuando las poblaciones tienen reducido tamaño y cualquier gen tiene altas probabilidades de predominar —o de extinguirse— simplemente por razones de muestreo aleatorio debido al escaso número de habitantes, fenómeno que se acentúa cuando las poblaciones están aisladas. En cambio, la pérdida del aislamiento y el consecuente aumento de la migración posibilita la llegada de nuevos genes que aportan variabilidad genética, «equilibrando» así la pérdida de esta última producida por el aislamiento previo.

Analizando la distribución de apellidos en listados telefónicos actuales Pavesi et al. (2003) encontraron que, no obstante, algunas zonas geográficas de Sicilia han experimentado historias genéticas particulares en el tiempo, conservando algunas un antiguo patrón de relaciones por medio de su posterior aislamiento y estableciendo otras una red de fuertes interacciones entre zonas lejanas de la isla. También conductas particulares de diferenciación de las poblaciones se descubrieron en el Delta del Ebro entre 1939 y 1995 (Esparza et al., 2006), tanto a través de análisis clásicos de isonimia como de análisis de «pares repetidos» (método que toma en cuenta la repetición de una misma combinación de dos apellidos diferentes en las parejas) a causa de diferentes tasas de migración.

Otros procedimientos estadísticos aplicados a datos de apellidos han sido empleados para estimar el origen geográfico de los migrantes. Degioanni y Darlu (2001) calculan esta probabilidad aplicando métodos Bayesianos a la frecuencia de apellidos en actas de bautismo de sucesivos períodos durante 50 años.

Un tipo especial de migración, la que se estructura en base al parentesco, también ha sido históricamente analizada por isonimia. Recientemente González-Martín et al. (2002) demostraron que en Andorra (España) es precisamente esta clase de migración uno de los principales factores que explica la variación histórica de los niveles de consanguinidad.

Otra clase de migración diferencial es la que produce por sexo, aunque la misma no es fácilmente descubierta en las fuentes históricas ya

que en padrones o en actas de bautismo (a diferencia de las actas de matrimonio) raramente figura el origen de la mujer, y el mismo suele estar asociado al lugar de residencia del hombre. Los apellidos pueden sin embargo constituir un indicador fiable, sea mediante la estimación a partir de su distribución o de las combinaciones de los mismos en las parejas. Manfredini (2005) encuentra en Casalguidi (Italia) entre 1820 y 1858 un aumento de la endogamia geográfica y contradictoriamente una baja consanguinidad por isonimia, lo que el autor explica por una endogamia masculina en hogares complejos de granjeros, con un patrón de residencia patrilocal, mientras que el resto de la población, y especialmente las mujeres solteras que quedaban en los hogares, mantenían pautas de exogamia trayendo esposos foráneos y adoptando un patrón neolocal de residencia. Una migración femenina subestimada en los datos censales de Córdoba (Argentina) en 1813 fue descubierta por Colantonio et al. (2006) mediante indicadores de apellidos, encontrando coincidencia entre los resultados obtenidos con apellidos y con datos de origen geográfico para los hombres, pero una fuerte discrepancia en el caso de las mujeres. Recientemente, y con datos de padres y madres de niños nacidos en Aranjuez entre 1870-1964, Colantonio et al. (2008) encontraron a través de las combinaciones entre los cuatro apellidos (paternos y maternos) de los cónyuges un claro patrón de residencia matrilocal, a diferencia de la pauta de patrilocalidad común en gran parte de España.

Tal como en el último caso mencionado, el empleo de los datos de la población que estrictamente se reproduce en el lugar bajo estudio es importante cuando se pretende analizar la evolución genética, ya que es precisamente aquélla la que contribuirá a las próximas generaciones, hecho que ha sido escasamente tenido en cuenta cuando se trabaja con matrimonios. Dependiendo de la costumbre referida al lugar de boda y al lugar de reproducción, suelen perderse de la población todas aquellas parejas que se casan fuera (normalmente en el lugar de residencia de la mujer) y que luego vuelven a reproducirse en el sitio de residencia del esposo. Manfredini (2003) ha evaluado críticamente esta situación a través de datos de registros parroquiales y del *Status Animarum* —registro de todas las personas y hogares por visitas pastorales anuales— en dos poblaciones italianas entre 1820 y 1858, encontrando diferencias significativas en las tasas de endogamia y en el número de apellidos nuevos introducidos por casamiento en la población, demostrando la relativa confiabilidad del uso del registro de matrimonios.

## PAUTAS CULTURALES

Pero otras variables, además de la migración o el aislamiento geográfico y que pueden actuar sincrónicamente con ellos, condicionan los niveles de consanguinidad a través de la historia de las poblaciones, las que pueden ser descubiertas a través de la isonimia. En la Isla de Pascua González-Martín et al. (2006) mostraron en la población Rapa Nui, y a partir de archivos que cubren el período 1936-1997, que pautas culturales tales como el rechazo al matrimonio con parientes cercanos pueden conducir a una baja consanguinidad y a una particular estructura genética, aún en condiciones de marcado aislamiento. También un rechazo cultural a la consanguinidad ha sido encontrado por Little y Malina (2005) a partir de un censo realizado en 1978 en un aislado rural zapoteca, pero ello cuando el matrimonio se ha dado entre individuos de buena posición económica y que siguen las reglas comunitarias en cuanto a consanguinidad, herencia y residencia; los individuos más pobres, que tal vez no disponen de recursos económicos para negociar un buen matrimonio y no siguen las reglas, presentan más elevados índices de isonimia y consanguinidad.

Investigando también la influencia diferencial de otros factores, y usando isonimia entre cónyuges, pares de apellidos únicos y pares de apellidos repetidos para cuatro poblaciones rurales de Francia entre 1763 y 1972, Vernay (2000) descubrió que cada una de esas combinaciones constituye un grupo de matrimonios netamente diferenciados de los otros por sus patrones de endogamia y consanguinidad, sobre los cuales actúan diferencialmente factores como el tamaño y la movilidad poblacional. Smith y Bittles (2002) y Smith (2002) analizaron datos de matrimonios del norte de Irlanda durante la segunda mitad del siglo XIX y principios del XX, encontrando que los coeficientes de isonimia dependen de la migración y de la distribución geográfica de las denominaciones religiosas. Asimismo, dentro de un mismo grupo religioso que promueve la endogamia a su interior, tal como los judíos, Sawchuk y Herring (1989) encuentran que en Gibraltar y a través de 130 años las uniones isónimas varían diferencialmente entre el estatus socio-económico alto y el medio-bajo. Tales ejemplos demuestran los cruzamientos diferenciales que pueden tener lugar aún al interior de la misma población, cuando actúan diversos factores que condicionan la mayor probabilidad de elección del cónyuge al interior de determinados grupos.

## GRUPOS ÉTNICOS E ILEGITIMIDAD

Además, y dado que los apellidos tienen relación con la etnia, Lasker (1980) sostiene que en poblaciones heterogéneas aparecerán con alta probabilidad diferentes características genéticas en personas con diferentes apellidos. Pero se han encontrado también algunas poblaciones en las cuales diferentes grupos étnicos pueden tener comportamientos respecto a los apellidos que no respondan necesariamente a pautas de endogamia de grupo. Colantonio et al. (2006) analizaron la consanguinidad del grupo blanco en Córdoba (Argentina) en plena época de la Colonia cuando regían fuertes comportamientos discriminatorios respecto a otras etnias encontrando, contrariamente a lo que podría suponerse, una muy baja consanguinidad por isonimia en ese grupo dominante, producida seguramente por una fuerte inmigración que coexistió y contrarrestó el efecto de una fuerte endogamia de «clase». Asimismo, en poblaciones rurales de la misma región durante fines del siglo XVIII y primera mitad del XIX Colantonio et al. (2002) verificaron a través de los apellidos un patrón de relaciones de parentesco entre distintas unidades geográficas que es casi idéntico para españoles, indios y mestizos, ya sean utilizados en los cálculos los apellidos paternos, maternos, o maternos de hijos ilegítimos. A pesar de la distorsión que podría esperarse al utilizar el apellido de niños ilegítimos, en este caso el uso del apellido materno de estos niños reveló un comportamiento idéntico a los apellidos paternos y maternos de hijos legítimos. Pero otros patrones pueden aparecer de acuerdo a la legitimidad al nacimiento y al grupo de apellidos paternos o maternos que se considere. Sanabria (2001) analizó la transmisión y distribución de los apellidos durante el siglo XIX y la primera mitad del siglo XX en comunidades Quechua de Perú, observando un cambio temporal desde altos porcentajes de niños ilegítimos que llevan el apellido materno, a casi ausencia de los mismos a fines del período. Esto demuestra que así como en algunas poblaciones pueden verificarse indistintamente relaciones a través de cualquier línea, en otras los comportamientos pueden diferir si se sigue sólo una de ellas, dependiendo de las pautas culturales reinantes en cada momento histórico. La herencia patrilineal del apellido es la regla en una gran mayoría de poblaciones actuales. No obstante, en poblaciones particulares y en épocas pasadas no fue lo habitual, por cuanto es necesario conocer la historia de las reglas de su herencia en cualquier análisis isonímico. Un exhaustivo estudio de dichas reglas fue realizado por Murru-Corriga (2000) en Cerdeña, mostrando que aún en la actualidad la presencia de

antiguas costumbres de nominación causan una especie de «turbulencia» en el sistema de apellidos.

## **DISTRIBUCIÓN GEOGRÁFICA**

Como ya se ha mencionado, los apellidos no están uniformemente distribuidos a través de la geografía. La similitud observada entre los patrones espaciales de apellidos, genes y lenguas permite suponer una coevolución de tales variaciones (Zei et al., 1993) que en cada lugar es tan antigua como el momento en que se establecen los apellidos. Así, tanto con datos de poblaciones históricas cuanto actuales el método isonímico puede contribuir a la historia demográfica y genética de las poblaciones.

Tal fenómeno ha sido una vez más confirmado por De Silvestri y Guglielmino (2004) en la isla de Sicilia, donde las mayores subdivisiones encontradas a partir de los apellidos registrados en directorios telefónicos de 1997 reproducen las halladas a partir de genes, discriminando el este y el oeste de la isla, y son atribuidas a la histórica influencia griega en el este y la fenicio-cartaginesa-normanda en el oeste. Un similar eje este-oeste es encontrado por Pavesi et al. (2003). Usando registros de nacimientos de 1891 a 1940 y de teléfonos de 1975 Legay y Vernay (2000) encontraron en Francia una concentración de apellidos en áreas geográficas, y determinan el lugar de origen de los mismos, deduciendo antiguas migraciones y escasa mezcla reciente entre las poblaciones. Vernay (2001) analizó los parentescos mediante apellidos en el condado de Ardeche entre 1891-1915, estableciendo una clara diferenciación entre las poblaciones de la montaña (aislados geográficos) y del valle (zona de migraciones), con un origen geográfico único y reducido en el espacio. En Italia Caravello et al. (2002) determinaron a partir de la distribución de apellidos que las poblaciones de dos comunidades no cercanas tuvieron un origen cultural común y que provienen históricamente de la misma región geográfica. Usando registros telefónicos actuales de las islas Azores Cabral et al. (2005) mostraron mediante los apellidos una estrecha similitud tanto entre poblaciones cercanas como entre otras separadas geográficamente, relación que es corroborada también con datos históricos. Como puede verificarse a partir de los resultados previamente comentados, la historia de los apellidos ha contribuido a revelar la historia demográfica de diversas poblaciones.

## CONCLUSIÓN

Si bien esta enumeración de estudios recientes y de distintos tópicos no ha cubierto la totalidad de trabajos en los cuales el análisis de apellidos ha contribuido a la demografía histórica, los principales temas abordados han quedado planteados, y tal vez más despejadas algunas dudas sobre la confiabilidad de este tipo de análisis.

En los últimos años se ha ampliado el área de aplicación de los apellidos, así como las metodologías para su análisis. Seguramente se seguirá avanzando en relación a su uso, tanto como un dato marcador de distintos procesos poblacionales así como un tema particular de análisis en cuanto se refiere a su aparición, comportamiento y evolución.

Puede ser visto este hecho a la luz de las cuestiones planteadas por Brunet y Bideau (2000) con motivo de la conferencia sobre apellidos realizada en Lyon (Francia) en 1998, que hemos seleccionado como conclusión de este trabajo y que se resumen a continuación:

- Los apellidos estuvieron ausentes en el trabajo de los demógrafos históricos, lo que constituye una paradoja ya que casi todos los archivos históricos son nominativos, y la relación entre datos se hacen usando los apellidos.
- El apellido es el factor clave cuando se construyen biografías, se compara el comportamiento demográfico entre padres e hijos, y cuando se arman genealogías.
- Existen ya grandes bases de datos poblacionales informatizadas para países enteros.
- Finalmente, los apellidos han sido reconocidos como más que una herramienta; se han vuelto en sí mismos el objeto de los estudios.

## BIBLIOGRAFÍA

- BARRAI I.; RODRÍGUEZ-LARRALDE A.; MAMOLINI E. y SCAPOLI C. (1999): «Isonymy and isolation by distance in Italy». *Hum. Biol.* 71, pp. 947-961.
- BARRAI I. A.; RODRÍGUEZ-LARRALDE A.; MAMOLINI E., MANNI F. y SCAPOLI C. (2000): «Elements of the surname structure of Austria». *Ann. Hum. Biol.* 27, pp. 607-622.

- BARRAI I.; RODRIGUEZ-LARRALDE A.; MAMOLINI E.; MANNI F. y SCAPOLI C. (2001): «Isonymy structure of USA population». *Am. J. Phys. Anthropol.* 114, pp. 109-123.
- BARRAI I.; RODRÍGUEZ-LARRALDE A.; MANNI F. y SCAPOLI C. (2002): «Isonymy and isolation by distance in the Netherlands». *Hum. Biol.* 74, pp. 263-283.
- BLANCO VILLEGAS M. J.; BOATTINI A.; RODRÍGUEZ OTERO H. y PETTENER D. (2004): «Inbreeding Patterns in La Cabrera, Spain: Dispensations, Multiple Consanguinity Analysis, and Isonymy». *Hum. Biol.* 76, pp. 191-210.
- BOATTINI A.; CALBOLI F.C.; BLANCO VILLEGAS M. J.; GUERESI P.; FRANCESCHI M.G.; PAOLI G.; CAVICCHI S. y PETTENER D. (2006): «Migration matrices and surnames in populations with different isolation patterns: Val di Lima (Italian Apennines), Val di Sole (Italian Alps), and La Cabrera (Spain)». *Am. J. Hum. Biol.* 18, pp. 676-690.
- BRUNET G. y BIDEAU A. (2000): «Surnames: history of the family and history of populations». *History of the Family* 5, pp. 153-160.
- CABRAL R.; BRANCO C. C.; COSTA S.; CARAVELLO G.; TASSO M.; PEIXOTO B.R. y MOTA-VIEIRA L. (2005): «Geography of surnames in the Azores: specificity and spatial distribution analysis». *Am. J. Hum. Biol.* 17, pp. 634-645.
- CARAVELLO G. U.; TASSO M. y LUCCHETTI E. (2002): «Distribution of surnames and identities in the Cimbro-Mocho communities of Italy». *Anthropol. Anz.* 60, pp. 241-253.
- CASTRO DE GUERRA D. (1999): «Population structure of two black Venezuelan populations studied through their mating structure and other related variables». *Ann. Hum. Biol.* 26, pp. 141-150.
- COLANTONIO S.; FUSTER V. y MARCELLINO A. J. (2002): «Interpopulation relationship by isonymy: application to ethnosocial groups and illegitimacy». *Hum Biol.* 74, pp. 871-878.
- COLANTONIO S.; LASKER G. W.; KAPLAN B. y FUSTER V. (2003): «Use of Surname Models in Human Population Biology: A Review of Recent Developments». *Hum. Biol.* 75, pp. 785-807.
- COLANTONIO S.; FUSTER V. y MARCELLINO A. J. (2006): «Class endogamy, inbreeding and migration during the Argentinean colonial period: analysis based on individuals of European ancestry». *Anthropol. Anz.* 64, pp. 311-319.
- COLANTONIO S.; FUSTER V.; SANZ GIMENO A. y REHER D. (2008): «Factors related to inbreeding components from isonymy in an urban population: Aranjuez (Spain)». *Journal of Biosocial Science*: 40 (2), pp. 239-246.
- CROW J.F. y MANGE P. (1965): «Measurement of inbreeding from the frequency of marriages between persons of the same surname». *Eugen. Quart.* 12, pp. 199-203.
- DEGIOANNI A. y DARLU P. (2001): «A Bayesian approach to infer geographical origins of migrants through surnames». *Ann. Hum. Biol.* 28, pp. 537-545.



- DE SILVESTRI A. y GUGLIELMINO C. R. (2004): «Sicilian provinces: population subdivisions revealed by surname frequencies». *Hum. Biol.* 76, pp. 901-920.
- ESPARZA M.; GARCÍA-MORO C. y HERNÁNDEZ M. (2006): «Inbreeding from isonymy and repeated pairs of surnames in the Ebro Delta region (Tarragona, Spain)». *Am. J. Hum. Biol.* 8, pp. 849-852.
- FUSTER, V. y COLANTONIO, S. E. (2004): Socio-economic, demographic and geographic variables affecting the structure of consanguineous marriages in Spain. *Human Biology* 76, pp. 1-14.
- GAGNON A. y TOUPANCE B. (2002): «Testing isonymy with paternal and maternal lineages in the early Quebec population: The impact of polyphyletism and demographic differentials». *Am. J. Phys. Anthropol.* 117, pp. 334-341.
- GUERESI P.; PETTENER D. y VERONESI F. M. (2001): «Marriage behaviour in the Alpine Non Valley from 1825 to 1923». *Ann Hum Biol.* 28, pp. 157-171.
- GONZALEZ-MARTÍN A. (2002): «Inbreeding, Isonymy, and Kin-Structured Migration in the Principality of Andorra». *Hum. Biol.* 74, pp. 587-600.
- GONZALEZ-MARTÍN A.; GARCÍA-MORO C.; HERNÁNDEZ M. y MORAL P. (2006): «Inbreeding and Surnames: A Projection Into Easter Island's Past». *Am. J. Phys. Anthropol.* 129, pp. 435-445.
- GUERESI P.; PETTENER D. y VERONESI F. M. (2001): «Marriage behaviour in the Alpine Non Valley from 1825 to 1923». *Ann. Hum. Biol.* 28, pp. 157-171.
- HILL E. W.; JOBLING M. A. y BRADLEY D. G. (2000): «Y chromosome variation and Irish origins». *Nature* 404, pp. 351-352.
- JOBLING M. A. (2001): «In the name of the father: surnames and genetics». *Trends in Genetics* 17, pp. 353-357.
- KING T.E.; BALLEREAU S. J.; SCHÜRER K. E. y JOBLING M. A. (2006): «Genetic signatures of coancestry within surnames». *Current Biology* 16, pp. 384-388.
- LASKER G. W. (1980): «Surnames in the Study of Human Biology». *American Anthropologist*, 82, pp. 525-538.
- LASKER G. W. (1985): *Surnames and Genetic Structure*. Cambridge, UK. Cambridge University Press.
- LASKER G. W. y MASCIE-TAYLOR C. G. N. (2001): «The genetic structure of English villages: surname diversity changes between 1976 and 1997» *Ann. Hum. Biol.* 28, pp. 546-553.
- LEGAY J. M. y VERNAY M. (2000): «The distribution and geographical origin of some French surnames». *Ann Hum Biol.* 27, pp. 587-605.
- LITTLE B. B. y MALINA, R. M. (2005): «Inbreeding avoidance in an isolated indigenous Zapotec community in the valley of Oaxaca, southern Mexico». *Hum Biol.* 77, pp. 305-316.
- MANFREDINI M. (2003): «The use of parish marriage registers in biodemographic studies: two case studies from 19th-century Italy». *Hum Biol.* 75, pp. 255-264.

- MANFREDINI M. (2005): Geographical endogamy and the kin network. Socio-demographic factors and biological consequences of the marriage pattern in a 19th century Italian community. *International Conference on Kinship and Demographic Behavior*. <<http://www.iussp.org/members/restricted/publications/Utah05/manfredini.pdf>>
- MANRUBIA S. C., ZANETTE D. H. (2002): «At the boundary between biological and cultural evolution: The origin of surname distributions». *Journal of theoretical Biology* 216, pp. 461-477.
- MASCIE-TAYLOR C. G. N. y LASKER G.W. (1985): «Geographical distribution of common surnames in England and Wales». *Ann. Hum. Biol.* 12, pp. 397-401.
- MOURRIERAS B.; DARLU P.; KOCHÉZ J. y HAZOUT S. (1995): «Surname distribution in France: A distance analysis by distorted geographical map». *Ann. Hum. Biol.* 22, pp. 183-198.
- MURRU-CORRIGA G. (2000): «The Patronymic and the Matronymic in Sardinia: A Long-Standing Competition». *History of the Family* 5, pp. 161-181.
- PRESCIUTTINI S.; TONI C.; EPIRO D.; SPINETTI I.; MARRONI F.; ROCCHI A. y DOMENICI R. (2006): Y-chromosome haplotypes and male isonymy: Genetic and genealogical study in a small town of Tuscany (Buti, Italy). *International Congress Series*, v. 1288, pp. 225-227.
- MATHIAS R. A.; BICKEL C. A.; BEATY T. H.; PETERSEN G. M.; HETMANSKI J. B.; LIANG K. y BARNES K. C. (2000): «A study of contemporary levels and temporal trends in inbreeding in the Tangier Island, Virginia, population using pedigree data and isonymy». *Am. J. Phys. Anthropol.* 112, pp. 29-38.
- PAVESI A.; PIZZETTI P.; SIRI E.; LUCCHETTI E. y CONTERIO F. (2003): «Brief communication: coexistence of two distinct patterns in the surname structure of Sicily». *Am. J. Phys. Anthropol.* 120, pp. 195-9.
- PEÑA J. A.; ALFONSO-SANCHEZ M. A. y CALDERON R. (2002): «Inbreeding and demographic transition in the Orozco Valley (Basque Country, Spain)». *Am. J. Hum. Biol.* 14, pp. 713-20.
- RELETHFORD J. H. (1986): «Microdifferentiation in historical Massachusetts: a comparison of migration matrix and isonymy analyses». *Am. J. Phys. Anthropol.* 71, pp. 365-75
- RODRIGUEZ-LARRALDE A.; SCAPOLI C.; BERETTA M., NESTI C.; MAMOLINI E. y BARRAI I. (1998a): «Isonymy and genetic structure of Switzerland. II. Isolation by distance». *Ann. Hum. Biol.* 25, pp. 533-540.
- RODRÍGUEZ-LARRALDE A.; BARRAI I., C.; NESTI C.; MAMOLINI E. Y SCAPOLI C. (1998b): «Isonymy and isolation by distance in Germany». *Hum. Biol.* 70, pp. 1041-1056.
- RODRÍGUEZ-LARRALDE A.; MORALES J. y BARRAI I. (2000): «Surname frequency and isonymy structure of Venezuela». *Am. J. Hum. Biol.* 12, pp. 352-362.
- RODRIGUEZ-LARRALDE A.; GONZALES-MARTIN A.; SCAPOLI C. y BARRAI I. (2003): «The names of Spain: a study of the isonymy structure of Spain». *Am. J. Phys. Anthropol.* 121, pp. 280-92

- RUDAN I. (2001): «Ancestral kinship and cancer in Lastovo Island, Croatia». *Hum Biol.* 73, pp. 871-84.
- SANABRIA H. (2001): «Exploring kinship in anthropology and history: Surnames and Social Transformations in the Bolivian Andes». *Latin American Research Review* 36, pp. 137-155.
- SANNA E.; IOVINE M. C.; MELIS M. y FLORIS G. (2004): «Evolution of marital structure in 20 Sardinian villages from 1800 to 1974». *Anthropol. Anz.* 62, pp. 169-184.
- SANNA E.; IOVINE M. C.; MELIS M. y FLORIS G. (2006): «Lasker's coefficient of isonymy between and within 16 Sardinian villages in the periods 1825-1849, 1875-1899, and 1925-1949». *Am. J. Hum. Biol.* 18, pp. 621-629.
- SANTOS C.; ABADE A.; CANTONS J.; MAYER F.; ALUJA M.P. Y LIMA M. (2005): «Genetic structure of Flores island (Azores, Portugal) in the 19th century and in the present day: evidence from surname analysis». *Hum Biol.* 77, pp. 317-341.
- SAWCHUK A. y HERRING D.A. (1989): «A socioeconomic analysis of secular trends in isonymy in the jewish community of Gibraltar: 1820 to 1939». *International Journal of Anthropology* 4, pp. 209-218.
- SMITH M.T. (2002): «Genetic Structure of the Ards Peninsula, Northern Ireland: Evidence from Civil Registers of Marriage 1840-1911». *Hum. Biol.* 74, pp. 507-524.
- SOKAL R.; HARDING R.; LASKER G.W. y MASCIE-TAYLOR C. G. N. (1992): «A spacial analysis of 100 surnames in England and Wales». *Ann. Hum. Biol.* 19, pp. 445-476.
- SYKES B. Y IRVEN C.(2000): «Surnames and the Y Chromosome». *Am. J. Hum. Genet.* 66, pp. 1417-1419.
- VERNAY M. (2000): «Trends in inbreeding, isonymy, and repeated pairs of surnames in the Valserine Valley, French Jura, 1763-1972». *Hum. Biol.* 72, pp. 675-92.
- VERNAY M. (2001): «Repartition géographique des patronymes et structure génétique: le département de l'Ardèche au début du Xxe siècle». *C.R. Acad.Sci.Paris, Sciences de la vie* 324, pp. 589-599
- YASUDA N. y FURUSHO T. (1971): «Random and non-random inbreeding revealed from isonymy study. I. small cities in Japan». *Am. J. Hum. Genet.* 23, pp. 305-316.
- ZEI G.; BARBUJANI G.; LISA A.; FIORANI O.; MENOZZI P.; SIRI E. y CAVALLI-SFORZA L. (1993): «Barriers to gene flow estimated by surname distribution in Italy». *Ann. Hum. Genet.* 57, pp. 123-140.
- ZEI G.; GUGLIELMINO MATESSI R.; SIRI E.; MORONI A. y CAVALLI-SFORZA L. (1983): «Surnames in Sardinia. I. Fit of frequency distributions for neutral alleles and genetic population structure». *Ann. Hum. Genet.* 47, pp. 329-352.
- ZEI G.; LISA A.; FIORANI O., MAGRI C., QUINTANA-MURCI L., SEMINO O. y SANTACHIARA-BENERECETTI A. S. (2003): «From surnames to the history of Y chromosomes: the Sardinian population as a paradigm». *European J. Hum. Genet.* 11:802-807.