



**BOLETÍN
DE LA ACADEMIA
NACIONAL DE HISTORIA**

Volumen C Nº 207
Enero-junio 2022
Quito-Ecuador

ACADEMIA NACIONAL DE HISTORIA

Director	Dr. Franklin Barriga Lopéz
Subdirector	Dr. Cesar Alarcón Costta
Secretario	Ac. Diego Moscoso Peñaherrera
Tesorero	Dr. Eduardo Muñoz Borrero, H.C.
Bibliotecaria archivera	Mtra. Jenny Londoño López
Jefa de Publicaciones	Dra. Rocío Rosero Jácome, Msc.
Relacionador Institucional	Dr. Claudio Creamer Guillén

COMITÉ EDITORIAL

Dr. Manuel Espinosa Apolo	Universidad Central del Ecuador
Dr. Kléver Bravo Calle	Universidad de las Fuerzas Armadas ESPE
Dra. Libertad Regalado Espinoza	Universidad Laica Eloy Alfaro-Manabí
Dr. Rogelio de la Mora Valencia	Universidad Veracruzana-México
Dra. María Luisa Laviana Cuetos	Consejo Superior Investigaciones Científicas-España
Dr. Jorge Ortiz Sotelo	Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima-Perú

EDITORA

Dra. Rocío Rosero Jácome, Msc.	Universidad Internacional del Ecuador
--------------------------------	---------------------------------------

COMITÉ CIENTÍFICO

Dra. Katarzyna Dembicz	Universidad de Varsovia-Polonia
Dr. Silvano Benito Moya	Universidad Nacional de Córdoba/CONICET- Argentina
Dra. Elissa Rashkin	Universidad Veracruzana-México
Dr. Stefan Rinke	Instituto de estudios latinoamericanos/ Freie Universität Berlin-Alemania
Dr. Carlos Riojas	Universidad de Guadalajara-México
Dr. Ekkehart Keeding	Humboldt-Universität, Berlín, Alemania
Dra. Cristina Retta Sivoletta	Instituto Cervantes, Berlín- Alemania
Dr. Claudio Tapia Figueroa	Universidad Técnica Federico Santa María – Chile
Dra. Emmanuelle Sinardet	Université Paris Ouest - Francia
Dr. Roberto Pineda Camacho	Universidad de los Andes-Colombia
Dra. María Leticia Corrêa	Universidade do Estado do Rio de Janeiro-Brasil

BOLETÍN de la A.N.H.

Vol C
N° 207
Enero-junio 2022

© Academia Nacional de Historia del Ecuador
ISSN N° 1390-079X
eISSN N° 2773-7381

Portada

El Chimborazo, óleo sobre tela
Rafael Salas, siglo XIX

Diseño e impresión

PPL Impresores 2529762
Quito
landazurifredi@gmail.com

julio 2022

Esta edición es auspiciada por el Ministerio de Educación

ACADEMIA NACIONAL DE HISTORIA DEL ECUADOR

SEDE QUITO

Av. 6 de Diciembre 21-218 y Roca
2 2556022/ 2 907433 / 2 558277
ahistoriaecuador@hotmail.com
publicacionesanh@hotmail.com

**DE EUROPA A LATINOAMÉRICA
A TRAVÉS DE LA GENEALOGÍA GENÉTICA:
ESTUDIO DE CASOS DE MIGRACIÓN
DESDE IRLANDA Y ESPAÑA¹**

Germán G. Creamer²

Resumen

Este artículo introduce brevemente el genoma humano, el ADN, y los tests del cromosoma Y y el test autosomal usado por la genealogía genética para ampliar las investigaciones genealógicas. Estos tests son especialmente útiles para estudiar los casos de las migraciones europeas a América donde la documentación de origen y destino puede ser muy limitada especialmente durante y antes del siglo XIX. El artículo muestra la aplicación de este enfoque al estudio de caso de John Denton Creamer (JDC) quien migró de Inglaterra o Irlanda a Nueva York y de allí a Ecuador durante el periodo de la presidencia de Gabriel García Moreno para participar en la construcción del ferrocarril Trasandino. La investigación genética ayuda a descubrir sus raíces irlandesas y su relación con los Cremin del clan McCarthy. Adicionalmente, este artículo, luego de introducir brevemente la evolución genética en Latinoamérica y España, explora la proyección de los resultados genéticos de una persona a una familia (Guillén) establecida en los Pirineos aragoneses por más de 700 años y su impacto regional.

1 Recibido: 09/03/2022 // Aceptado: 31/05/2022

2 Profesor asociado de negocios en el Stevens Institute of Technology, NJ, EE. UU., y profesor asociado adjunto de la Universidad de Columbia, NY. Fue académico visitante de la escuela de negocios Stern, NYU, gerente Senior en American Express, NY, gerente de planeación y estudios económicos del Banco del Pacífico, asesor económico del presidente de Ecuador, consultor para el Gobierno de Guinea Ecuatorial, PNUD, Banco Mundial, USAID, Fintechs y varios fondos de inversión (hedge funds) en NY. PhD en computación (finanzas computacionales), MSc en Ingeniería Financiera de la Universidad de Columbia, NY; M.A. y PhD en Economía de la Universidad de Notre Dame, IN y obtuvo el CFA charter en 2002. Co-administrador del grupo FTDNA R-Z255. gcreamer@gmail.com.

Palabras clave: genealogía genética, genealogía, test cromosoma Y, Creamer, Guillén, McCarthy.

Abstract

This article introduces the basic concepts of the human genome and the genetic genealogy Y- and autosomal test to complement the genealogic research. These tests are beneficial for studying the European migration to America when the documentation is minimal, especially before and during the XIX century. This article explores the case of John Denton Creamer. He migrated from London or Ireland to New York and then to Ecuador during the presidency of García Moreno to work on constructing the Trans-Andean railways. This research discovers Creamer's Irish roots and his relationship with the Cremin family of the McCarthy clan. After introducing the genetic evolution in Latin America and Spain, this research studies the genetic group of a representative of the Guillén family established in the Aragonese Pyrenees for more than seven hundred years and its regional impact.

Keywords: genetic genealogy, genealogy, chromosome Y test, Creamer, Guillén, McCarthy

1. Introducción

En los siglos XIX y XX América recibe diferentes olas de migrantes provenientes principalmente de Europa. Estas olas de migración respondieron a diferentes períodos de crisis europeas como fueron las guerras mundiales, la guerra civil española de 1936 a 1939 y la "Gran Hambruna" en Irlanda de 1845-1849 en la que se estima que murieron alrededor de 1 a 1.5 millones de personas.³ Esta crisis se agrava porque la mayoría de las tierras cultivables en Irlanda eran

3 'The Irish famine of 1846 killed more than 1,000,000 people, but it killed poor devils only' en Karl Marx, *Capital: A Critique of Political Economy - The Process of Capitalist Production*, Cosimo, NY, 2007, vol. 3, p. 774.

controladas por los ingleses luego que Oliver Cromwell reconquistó Irlanda en el periodo 1649-1653 y expropió las tierras de los irlandeses católicos como castigo por la Rebelión de 1641. En este periodo, alrededor de la mitad de la población irlandesa fue aniquilada o forzada a migrar al Caribe como esclavos.⁴

Históricamente, las grandes migraciones han sido impulsadas por factores económicos como vemos en el caso de la hambruna de Irlanda que genera una gran oferta de mano de obra barata la cual es absorbida por los países que estaban en plena revolución industrial en el S. XIX como fueron EE. UU. y Australia. Este gran movimiento poblacional derivó en problemas prácticos de registro de la población migrante. En el caso de EE. UU., la entrada al país se encareció por los requerimientos de atención al pasajero de los barcos según el Acta de Pasajeros de 1882, así como por el costo de entrada para la población de pocos recursos en muchos de los estados del Este de EE. UU. El mayor costo de migrar a EE. UU. llevó a que varios inmigrantes entraran al país ilegalmente o migraran a Canadá y de allí caminaran a EE. UU. por lo que sus datos de migración no fueron registrados. Adicionalmente, muchos de los nombres de los migrantes irlandeses se anglicanizaron al llegar a Inglaterra o EE. UU. o de igual manera, los apellidos judíos cambiaron al llegar a América para escapar de la persecución judía en Europa u obtener mejores trabajos en EE. UU. como sucedió en Nueva York entre la Primera y la Segunda guerra mundial.⁵ Este problema ha llevado a que las genealogías en América se truncasen o inicien desde el momento en que el migrante europeo llega a América. En otros casos, las genealogías son basadas en historias orales que no han podido ser documentadas adecuadamente. Aún así, la historia oral es un instrumento invaluable para el genealogista que permite ampliar y entender la investigación documental.⁶

Una alternativa para vencer esta “pared de ladrillos” a nivel genealógico, es a través de la genealogía genética. Esta disciplina

4 Micheál Ó Siochrú, *God's Executioner: Oliver Cromwell and the Conquest of Ireland*, Faber and Faber, London, UK, 2009.

5 Kirsten Fermaglich, “‘Too Long, Too Foreign ... Too Jewish’: Jews, Name Changing, and Family Mobility in New York City, 1917-1942” *Journal of American Ethnic History*, Vol. 34, No. 3, 2015, pp. 34-57.

6 Robert U. Akeret, *Family Tales, Family Wisdom: How to Gather the Stories of a Lifetime and Share Them with Your Family*, William Morrow & Co, New York, 1991.

aplica la genética al estudio genealógico analizando el genoma humano para identificar las relaciones de parentesco entre diferentes personas. En los últimos años varias compañías como 23andme⁷, Ancestry⁸, Gene By Gene⁹ (FTDNA)¹⁰ y MyHeritage¹¹ ofrecen tests genéticos que permiten acceder a parte del genoma y conectar a personas con una alta coincidencia genética lo que les ayuda a descubrir ancestros comunes, completar los árboles genealógicos y descubrir las principales líneas genéticas que predominan en cada familia.

Este artículo explora, a través de dos estudios de caso, los tests del cromosoma Y, con el apoyo del test autosomal como complemento de la genealogía sin y con documentación histórica para conocer la evolución genética de la línea paterna. La sección 2 introduce los conceptos básicos del genoma humano; la sección 3 presenta los tests Y y autosomal; la sección 4 explora el caso de John Denton Creamer el cual permite demostrar cómo usar los instrumentos de genealogía genética para reconocer el origen y posibles conexiones familiares en un caso que no cuenta con documentación genealógica validada; la sección 5 introduce brevemente la evolución genética de Latinoamérica y de la península Ibérica; la sección 6 estudia el caso de la familia Guillén en Panticosa a través de uno de sus representantes, Nicolás Guillén, del cual se tiene documentación genealógica pero el test Y permite identificar sus orígenes genéticos que trascienden los límites de la región en la que su familia ha vivido por más de 700 años y la sección 7 concluye.

2. Genoma Humano y ADN

El genoma humano es el conjunto de ADN (ácido desoxirribonucleico) que contiene la información genética necesaria para el desarrollo y direccionalidad de las actividades vitales de los seres humanos. Hay dos tipos de ADN: el ADN mitocondrial (ADNmt) que es transmitido solamente de madre a hija y el ADN nuclear que proviene de todos los ancestros y se encuentra distribuido en 23

7 23andme.com (12-10-2021)

8 Ancestry.com (12-10-2021)

9 genebygene.com (12-10-2021)

10 www.familytreedna.com (12-10-2021)

11 Myheritage.com (12-10-2021)

pares de cromosomas. El par 23 de cromosomas determina el género del individuo. Las mujeres tienen dos cromosomas X (XX), mientras que los hombres tienen un cromosoma X y uno Y (XY). Por lo que el cromosoma Y solo se encuentra en los hombres, es muy pequeño dado que tiene solamente alrededor de 70 a 200 genes, es transmitido de padres a hijos y tiende a ser muy estable ya que muestra mutaciones solo cada 2 a 4 generaciones, por lo que el test de un solo individuo representa la historia paterna de una familia completa. Tests adicionales del cromosoma Y de otros miembros de la familia de la misma generación o de generaciones cercanas generarían resultados muy parecidos. Estos resultados pueden ser complementados con los del test autosomal el cual establece el grado de parentesco.¹²

Los otros 22 pares de cromosomas son autosomales y están numerados de acuerdo con su tamaño: el cromosoma 1 es el mayor con cerca de 2,800 genes y el cromosoma 22 con cerca de 750 genes debería ser el menor, pero se ha descubierto que el cromosoma 21 es aún más pequeño.¹³

El ADN es uno de los ácidos nucleicos que fue identificado al final de los 1860s por Friedrich Miescher pero Watson y Crick en 1953¹⁴ fueron los primeros en describir su estructura molecular con la doble hélice del ADN y por ello recibieron el Premio Nobel de Medicina y Fisiología en 1962. Un componente central del ADN son las bases nitrogenadas de tipo púrica (guanina (G) y adenina (A)) y pirimidínica (citosina (C) y timina (T)). La secuencia genética del ADN propuesta por Watson y Crick combinan los siguientes pares de bases nitrogenadas púricas y pirimidínicas: G-C y A-T como se presentan en el Gráfico 1. Dado que los pares de bases nitrogenadas son fijos, es suficiente presentar la secuencia de una base del par como TGGATTTCAT y la otra base es derivada según el par: guanina con citosina y adenina con timina.¹⁵

12 Para una discusión de las pruebas de genealogía genética y las compañías que las administran ver Deborah A. Bolnick, Duana Fullwiley (et al.), "The Science and Business of Genetic Ancestry Testing", *Science*, Vol. 318, 2007, pp. 399-400.

13 El Instituto Nacional de investigación del Genoma Humano llevó adelante el proyecto del Genoma Humano (1990-2003) el cual completó la secuencia del genoma humano. Su website es una referencia importante documental y también provee una explicación básica de los términos genéticos usados en esta investigación <https://www.genome.gov/es/genetics-glossary> (12-10-2021).

14 James Watson y Francis Crick, "Molecular Structure of Nucleic Acids: A Structure for Deoxyribonucleic Acid" *Nature*, Vol. 171, No. 4356, 1953, pp.737-738.

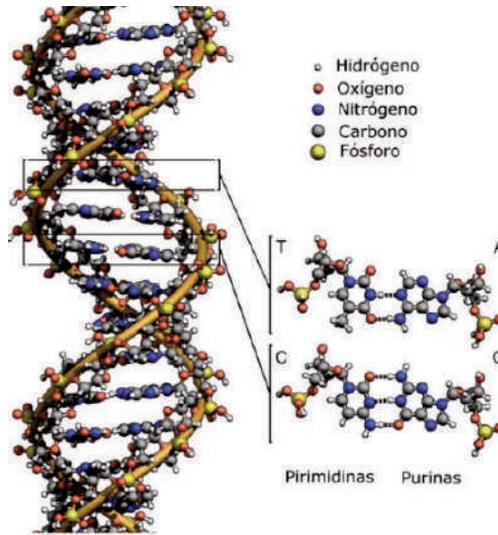


Gráfico 1. Estructura molecular del ADN: pares de bases nitrogenadas (guanina (G)-citosina (C) y adenina (A)-timina (T)) y sus estructuras químicas

Fuente: Zephyris (traducido al español por Alejandro Porto), CC BY-SA 3.0
<<https://creativecommons.org/licenses/by-sa/3.0/>>, via Wikimedia Commons (12-10-2021)

La hipótesis de la doble hélice del ADN ha permitido entender cómo se reproducen y evolucionan los seres vivos, cómo se transmite la herencia genética incluyendo las enfermedades y hasta ha llevado a una revisión de la teoría de evolución de las especies propuesta por Darwin.

3. Test de genealogía genética

3.1. Test Autosomal

El test autosomal estudia los pares 1–22 de cromosomas autosomales. Este test permite identificar parientes con ancestros co-

15 James D. Watson, Tania A. Baker (et al.), *Biología Molecular del Gen*, 7ª. Ed., Médica Panamericana, Mexico DF., 2016.

munes hasta 4 o 5 generaciones anteriores. Sin embargo, este test no puede indicar si la conexión es por el lado paterno o materno, pero es posible inferirlo si alguno de los padres o tíos también ha tomado el test y tienen coincidencias genéticas.¹⁶ El test autosomal también puede aproximar la composición étnica del individuo, aunque muchos científicos han planteado dudas acerca del valor de la aproximación étnica ofrecida por este test. Las compañías de genealogía genética muestran una diferencia importante entre sus reportes étnicos y sus bases de datos y algoritmos no son públicos por lo que es difícil verificar su validez. Adicionalmente, estas clasificaciones étnicas son basadas en pequeñas muestras de quienes han tomado el test o de estudios parciales anteriores lo cual no garantiza ni que las muestras usadas sean representativas ni que los indicadores genéticos como los polimorfismos de nucleótido único (SNP) seleccionados para distinguir a un grupo étnico sean únicos. Por ejemplo, Bolnick *et al*¹⁷ reportan que según ancestryByDNA la mayor parte de las personas de la India, del Medio Este y del Mediterráneo Europeo tienen ancestros nativos americanos ya que tienen ciertos marcadores genéticos que también están asociados con grupos nativos americanos, pero no están presentes solo en este grupo étnico. Esto puede también explicar que personas de América Latina muestran un componente nativo americano muy alto en esta prueba cuando este valor puede estar sobreestimado dado la gran mezcla de población entre personas de origen mediterráneo con las poblaciones nativas de América Latina.¹⁸

3.2 Tests del Cromosoma Y

El cromosoma Y tiene aproximadamente 57.2 millones de

¹⁶ isogg.org/wiki/Autosomal_DNA (12-12-2021).

¹⁷ Deborah A. Bolnick, Duana Fullwiley (et al.), "The Science ...", pp. 399-400.

¹⁸ Juan Camilo Chacón-Duque, Kaustubh Adhikari (et al.) "Latin Americans show wide-spread Converso ancestry and imprint of local Native ancestry on physical appearance", *Nature Communications*, Vol. 9, No. artículo: 5388, 2018.

Katarzyna Bryc, Christopher Velez (et al.), "Genome-wide patterns of population structure and admixture among Hispanic/Latino populations", *Proceedings of the National Academy of Sciences*, Vol. 107, Suplemento 2, 2010, pp. 8954-8961.

pares de bases nitrogenadas, aunque solo una porción limitada resulta útil para estudios genealógicos, pero es muy útil para reconocer la línea paterna ya que este cromosoma solo se transmite de padre a hijo. Como este cromosoma es muy estable, pequeñas diferencias entre generaciones detectadas a través de los tests del cromosoma Y, permiten establecer el grado de parentesco entre hombres que tienen un ancestro común.

El cromosoma Y se caracteriza por secuencias cortas (2 a 5) de pares de base nitrogenada (G-C y A-T), que se repiten varias veces de manera consecutiva que se conocen como polimorfismo de repeticiones cortas en tándem (STR). Los tests del cromosoma Y evalúan fundamentalmente de 10 a 111 STRs como marcadores genéticos, aunque hay muchos más disponibles. La diferencia en el número de STRs entre dos individuos es su distancia genética. Por ejemplo, si dos individuos tienen el mismo apellido y en un test de 111 STRs tienen una distancia genética de 0 indica una relación muy cercana hasta primos terceros o más cercanos. Si la distancia genética es de 1, 2 o 3, la relación probablemente no es más lejana que la de quintos, séptimos o novenos primos respectivamente.

Es posible que la mutación del cromosoma Y también se deba a una sustitución de una base del genoma (A, C, G o T) por otra, lo cual, se conoce como polimorfismo de nucleótido único (SNP) y también es posible que exista una inserción o eliminación de una o más bases la cual se conoce como InDels. Si los InDels se dan en al menos 1% de la población se considera como un SNP.

La combinación de un set de STRs o de SNPs define el haplotipo para una persona. Haplotipo (*haploid genotype*) es un set de polimorfismos o variaciones del ADN que se heredan juntas. Como cada persona tiene su propio haplotipo, la diferencia entre dos haplotipos es la distancia genética. Haplotipos similares o SNPs en común definen los haplogrupos. Los haplogrupos se refieren a los SNPs que definen un clado o un grupo genético al que pertenecen un set de haplotipos. Los tests del cromosoma Y permiten identificar los haplogrupos paternos que van de la letra A a la R combinados con números y letras minúsculas. De allí la gran importancia de rea-

lizar tests del cromosoma Y usando tests de secuencia de la próxima generación (NGS) como el Big Y-700 de FTDNA que permitan explorar nuevos SNPs y evaluar el haplotipo de un individuo lo más diferenciado posible. No obstante, una vez que un individuo conoce la rama del árbol filogenético a la que pertenece, puede solo explorar los SNPs de esa rama solamente.¹⁹

4. De Irlanda a Latinoamérica a través de la Genealogía Genética: John Denton Creamer

Para demostrar cómo la genealogía genética, a través de los tests del cromosoma Y y complementados por el test autosomal, pueden ayudar a la investigación genealógica documental, este artículo presenta el caso de John Denton Creamer (JDC) de quien no se conocen documentos validados de su nacimiento en Europa y su migración a EE. UU. aunque existen algunos registros muy probables de su caso.

La tradición oral familiar indica que JDC nació en Londres, aproximadamente entre 1825-30, su padre era un ingeniero alemán de ferrocarriles y su madre era inglesa. Al morir sus padres siendo muy joven, se trasladó junto con sus hermanos a vivir con su abuela en Nueva York donde al finalizar sus estudios también se convirtió en ingeniero de ferrocarriles.

JDC responde al llamado del presidente García Moreno y es contratado junto con un grupo de técnicos extranjeros para construir los rieles del nuevo ferrocarril en Ecuador y otros proyectos de infraestructura nacional. En ese tiempo, eran pocos los técnicos extranjeros que estaban dispuestos a establecerse en Ecuador dado su difícil acceso y su limitado nivel de desarrollo.

Hay registros de la salida de JDC de EE. UU., en calidad de pasajero del buque de vapor Roanoke con destino a la Habana en 1864, probablemente en ruta hacia Ecuador.²⁰ En ese tiempo, era muy

¹⁹ isogg.org/wiki/Y_chromosome_DNA_tests (12-12-2021)

²⁰ El registro de la salida del buque Roanoke apareció en el siguiente artículo: "Passenger Sailed", *New York Times*, 1864, Agosto 31. www.nytimes.com/1864/08/31/archives/passengers-sailed.html (accedido el 12-10-2021 por suscripción privada a base de datos del New

común que los barcos que iban a Latinoamérica desde la costa Este de EE. UU. pararan en el Caribe. También existen registros de JDC en Ecuador quien, como miembro de la comunidad estadounidense de Quito, junto con otros ciudadanos de EE. UU., firma una carta al editor del *New York Times* en 1873²¹ pidiendo un reconocimiento público al diplomático Rumsey Wing por el fin de su misión. Sin embargo, al no existir registros previos de JDC, la genealogía genética nos ayuda a descubrir el lugar de origen de la familia de JDC antes de llegar a EE.UU. y a Ecuador.

4.1. Tests del cromosoma Y

El haplotipo y el haplogrupo de JDC es R-FGC39568²² según los tests del cromosoma Y, en particular del genoma Y (Big Y-700) realizado por FTDNA²³, de su bisnieto el autor (Creamer_46114), y confirmado por su tataranieto (Creamer_6119, ver cuadro 1) al evaluar este haplotipo con la compañía YSEQ.²⁴

York Times): "In steamship Roanoke, for Havana — Mahlon D. Ford, Abm. Siegrist, A. Navarra, G. Albers, J.S. Tappan, M., Wisir, John A. Murphy, Isaac A. Rose, Chas. Regne, Alex. C. Anderson, A.A. Toledo, Ch s. A. Hynet, Jos Barker, Andrew Mitchell, John Banard, Miss Calvir P. Andrews, Miss Mary Otez, Mrs. Taher, G. Montego, Robert K. Bruce, A. McIntyre, John Gully, Wm. Blakeney, Pedro Rozas, Augustine Condina, Thomas Risk, R. James, D. Soto, P. Smith, A. Moore, T. Costa, Joseph Scofield, Daniel C. Taylor, C.L. Leonard, Jas. Saute, jr., Edward E. Crosae, A. Tener, Peter Carin, Wm. McDonald, Louis McLellan, Simon McLellan, George P. French, John French, Augustine Preville, John Beard, Robert Bow, H. Zarbell, E. Baron, Jos. Emri, Fredk. Revel, John D. Creamer, and others in steerage."

21 "The Minister to Ecuador" *New York Times*, 1873, Febrero 12 (accedido el 12-10-2021 por suscripción privada a base de datos del *New York Times*).

22 www.familytreedna.com/public/y-dna-haplotree/R?name=R-fgc39568 (12-10-2021)

La convención usada para referirse a un haplogrupo es combinar el haplogrupo principal con el SNP que define a este haplogrupo. Por ejemplo, R-FGC39568 significa haplogrupo R, SNP FGC39568.

23 www.familytreedna.com (12-10-2021)

24 www.yseq.net (12-10-2021)

Cuadro 1. Cremin y sus variaciones que son parte del haplogrupo R-FGC39568 o su antecesor R-FGC39571

Apellidos	ID	Cia.	Región	Test	DG	TACR	Relacion con JDC	SNP	SNP inferido
Creamer	Creamer_46114	FTDNA		Big Y-700			Bisnieto	FGC39568	
Creamer	Creamer_6119	YSEQ		SNP tests			Tataranieto	FGC39568	
Crimeen	Crimeen_445424	FTDNA	Rathdrum, Wicklow	Y-67	7/67	450			FGC39568
Cremin	CreminN_514621	FTDNA	Bweeng, Cork	Y-37 & SNP	8/37	720		FGC39568	
Cremin	CreminJ_524009	FTDNA	Bantry, Cork	Y-67 & SNP	6/67	390		FGC39569	FGC39571
Cremin	Cremin_879725	FTDNA	Irlanda	Big Y-700	10/111	450		FGC39571	
Crimmins	Crimmins_18961	YSEQ	Grenagh, Cork	Y-111 & SNP	8/111	360		FGC39568	
McCarthy	McCarthy_71719	FTDNA	Cork	Big Y-700	9/111	390		FGC39568	
Cremins	CreminsR_8436	YSEQ	Knocknagoshel, Kerry	SNP tests				FGC39571	

Cia.: compañía que realizo los tests, DG: distancia genética/número de marcadores evaluados.

TACR: tiempo en años al ancestro común más reciente. SNP inferido es el SNP de las coincidencias genéticas más cercanas.

El ID combina el apellido en algunos casos seguidos de la primera inicial del primer nombre con el id de la compañía en la que se condujeron los tests genealógicos.

Las regiones de origen de los casos estudiados son en Irlanda.

Fuente: ftdna.com, <http://www.mymcgee.com/tools/yutility111.html>

La evolución genética del haplogrupo R-FGC39568 se remonta hasta África, como todos los haplogrupos, y Asia en el período paleolítico. De allí, sigue a Europa del Este (R-M269) en el período mesolítico, a Europa Occidental (R-L21) en el período neolítico, al Reino Unido (R-Z255) en el período de bronce y a Irlanda (R-FGC39568) en el período moderno como se presenta en el Gráfico 2. El principal antecesor de R-FGC39568 es R-Z255 cuyo origen es celta y es conocido como el haplogrupo del mar irlandés ya que es típico de quienes han habitado a las orillas de este mar. Efectivamente, todas las familias caracterizadas por este haplogrupo y que tienen una corta distancia genética con Creamer_46114 son de origen irlandés.

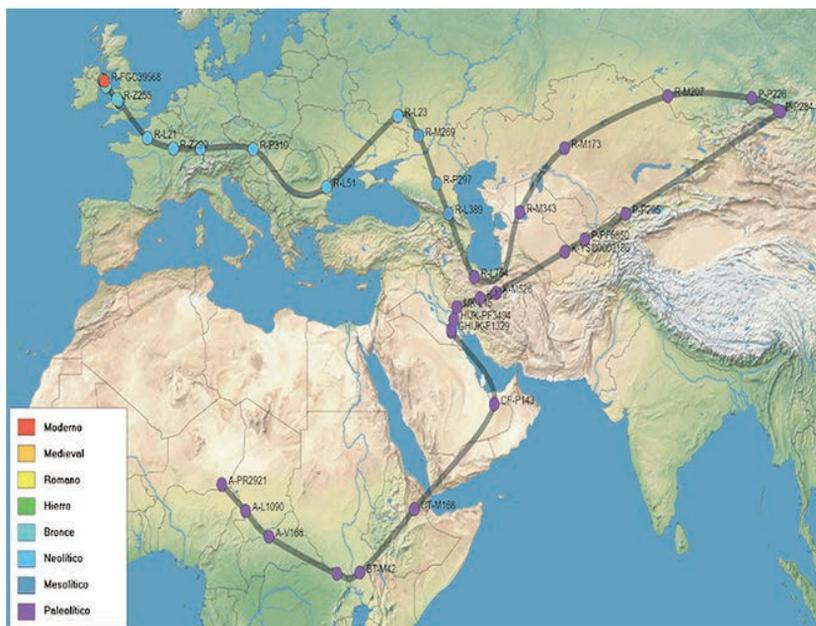


Gráfico 2. Mapa de Migración Genética del Haplogrupo R-FGC39568

Fuente: SNPTracker de Rob Paterson <http://scaledinnovation.com/gg/snpTracker.html> (12-10-2021), Datos de FTDNA y elaboración del autor.

El haplogrupo R-FGC39568 incluye dos Creamer, cuatro Cremin(s)/Crimmins tres de ellos del condado de Cork, Irlanda y un McCarthy del condado de Cork que probablemente es un Cremin. El haplogrupo previo a R-FGC39568 es R-FGC39571 e incluye tres Cremin/Cremin (ver Cuadro 1). Los apellidos Cremeans, Cremeen, Cremin, O'Cremin y Crimeen son reconocidos como apellidos del agnomento o sub-grupo Cremin del clan McCarthy de la provincia Munster, condado de Cork. El clan McCarthy ha sido uno de los clanes más grandes de Irlanda y se encuentra presente principalmente en los condados de Cork y Kerry. Este clan tiene muchas ramas familiares como la de Cremin/Crimeen. Desde principios del siglo XIX, los registros irlandeses anotaron en muchos casos los nombres de la rama familiar en lugar de usar el apellido McCarthy. En particular, en el caso de los Cremin era común que usaran el apellido McCarthy o Cremin indistintamente. Dado que los registros de los apellidos eran mantenidos por las iglesias en documentos escritos a mano, es muy posible que el mismo apellido fuese deletreado de manera diferente.

El proyecto de estudio del apellido McCarthy²⁵ incluye a los Cremin como parte de su grupo E, y algunos de los casos que son relevantes para esta investigación pertenecen al subgrupo E1 como se puede observar en su árbol filogenético.²⁶ El Gráfico 3 incluye el árbol filogenético de los Cremin que son parte del haplogrupo R-FGC39568 o su antecesor R-FGC39571.

El árbol filogenético de los Cremin (Gráfico 3) muestra que la línea paterna de JDC (Creamer_46114 y Creamer_6119) es muy cercana a Crimmins_18961 y CreminN_514621 quienes posiblemente tienen un antepasado común Cremin. Creamer_46114 muestra una gran cercanía genética con CreminN_514621²⁷ quien proviene de Bweeng²⁸, al noroeste de Cork, y con Crimmins_18961 con quien

²⁵ McCarthy Surname Study Group mccarthydna.wordpress.com (12-10-2021)

²⁶ El árbol filogenético del subgrupo E1 del clan McCarthy se encuentra en mccarthydna.wordpress.com (12-10-2021)

²⁷ Creamer_46114 y CreminN_514621 tienen los mismos marcadores STRs 391 y CDYb caracterizados por una baja tasa de mutación lo cual implica una gran cercanía genética, a pesar que la distancia genética (8) entre Creamer_46114 y CreminN_514621 no es tan baja.

²⁸ Bweeng se encuentra a cerca de 17 kilómetros del castillo Blarney, en Cork el cual fue uno

tiene la menor distancia genética (ver Cuadro 1) y el menor número de años al antepasado común más cercano (alrededor de 360 años). Crimmins_18961 proviene de Grenagh, Cork el cual solo se encuentra a alrededor de 6.2 millas de Bweeng. Creamer_46114 también tiene una baja distancia genética (9) con McCarthy_71719 quien proviene de Cork, y podría ser un Cremin.

Creamer_46114 tiene una distancia genética relevante, aunque algo más distante con los Cremins del haplogrupo R-FGC39571 quienes están en el límite entre Cork y Kerry (Bantry) o en el norte de Kerry.

Estos resultados se confirman por el test autosomal, el cual indica una conexión genética reciente entre varios descendientes de JDC como Creamer_46114 y Crimmins_18961 (2do. a 4to. primos) en el cromosoma 9 con 38.1 centimorgans y con dos de sus primos lejanos (sus ids de Gedmatch²⁹ son: M436204 y M463503) quienes tienen el mismo ancestro Cremin del noroeste de Cork. Creamer_46114 también tiene una conexión genética, aunque más distante, con varios primos de CreminsR_8436 quienes todos tienen el mismo ancestro Cremins de Knocknagoshel, en el norte del condado de Kerry. Esto puede explicarse porque los Cremin de Bweeng están también relacionados de una manera distante con los Cremins del norte de Kerry. La tradición oral de esta familia es que los Cremins de Kerry provie-

de los principales castillos del clan McCarthy y al que pertenecen los Cremin. En 950 e.c. se construye la primera estructura de madera en Blarney. En 1210 e.c. se reemplaza por una estructura de piedra y es destruida en 1446 pero es reconstruida por Cormac Laidir MacCarthy, Lord of Muskerry. Los McCarthys apoyan con 5,000 soldados a Robert the Bruce de Escocia y vencen a Edward II de Inglaterra en 1314. Robert the Bruce les da una porción de la Piedra del Destino que es donde se coronaban los reyes escoceses. Esta se convierte en la piedra de Blarney. Esta piedra es muy famosa porque supuestamente quien la besa recibe el don de la elocuencia. Durante las batallas con los ingleses en el siglo XVII, el castillo Blarney era uno de los más grandes y poderosos de la provincia de Munster. Al estar asentado sus cuatro pilares sobre una roca, lo hacen inmune a ataques por debajo de la tierra. Donough MacCarthy, el cuarto Earl de Clancarthy, se une a los jacobitas en 1688 apoyando al exilado rey inglés James II, pero es tomado prisionero por el Duque de Marlborough en la batalla de Cork en 1690. Aunque finalmente escapa de la Torre de Londres, pero fue la última vez que los McCarthy tuvieron control del castillo Blarney. <https://blarneycastle.ie/pages/castle-history> (12-10-2021) y Mark Wycliffe Samuel, "The Tower Houses of West Cork", PhD Thesis, University College London, London, UK, 1998.

29 Gedmatch.com recibe el ADN autosomal procesado por diferentes compañías y permite encontrar coincidencias genéticas entre los consumidores finales de estas compañías.

nen originalmente de Cork. El censo de Irlanda de 1911 demuestra que la mayor proporción de Cremins se encuentran en Cork (56.3 %) y, en segundo lugar, en Kerry (22.3 %).³¹

Una vez que se reconoce la conexión de JDC con los Cremin del noroeste de Cork, una pregunta importante es como se transformó el apellido de Cremin/Crimmins a Creamer. Si bien no tenemos información directa de este cambio, Patrick (originalmente Creamean) McCarthy presenta un caso similar y ayuda a ilustrar estas posibles transformaciones. Su apellido Creamean es registrado como Creamer cuando emigró de la isla Myros del suroeste del condado de Cork, a Londres alrededor de 1780-85.³²

5. Breve Evolución Genética en Latinoamérica y en la Península Ibérica

Considerando las dificultades anotadas del test autosomal para reconocer los diferentes grupos étnicos, los tests Y tienen una gran importancia ya que permiten construir el árbol genealógico del ser humano permitiendo de esta manera entender sus orígenes, movimientos migratorios, cambios culturales y su proceso de evolución.

En el caso de Latinoamérica, Chacón et al.³³ en un estudio con una muestra de 6,500 individuos de Brasil, Chile, Colombia, México, y Perú encuentran que existe un ancestro nativo americano consistente con la distribución geográfica de estos grupos, pero además el componente no-indígena es consistente con los patrones de migración de la región. Un aspecto notable en este estudio es que la muestra también presenta ancestros del sur y este del Mediterráneo probablemente derivados de los judíos conversos que escaparon la inquisición en España y aunque aparentaban practicar la religión católica mantenían la dieta y las tradiciones judías, como sucedió con los judíos sefarditas en los siglos XIV y XV. Carvajal et al.³⁴ también encuentran

31 The National Archives of Ireland, Census 1911 en www.census.nationalarchives.ie/search (10-08-2021)

32 McCarthy Surname Study Group: <https://www.familytreedna.com/groups/mccarthy-surname-study/about/background> (12-10-2021)

33 Chacón-Duque (et al.) "Latin Americans...", No. artículo: 5388, 2018.

34 Luis G. Carvajal-Carmona, Iván D. Soto (et. al), "Strong Amerind/White Sex Bias and a Pos-

que, en la región de Antioquia en Colombia, el test del cromosoma Y de la población masculina indica un 94 % de influencia europea con una probable ascendencia sefardita, 5 % africana y 1 % nativa americana, mientras que a través del test mitocondrial (ADNmt) que solo sigue la línea materna, el 90 % es nativa americana. Esto indica una mezcla entre la población migrante europea, fundamentalmente masculina, y la población nativa americana femenina.

Como estas investigaciones demuestran la influencia europea en Latinoamérica, este impacto no es monolítico sino también puede ser muy diverso dado las grandes diferencias no solo entre países sino aún dentro del mismo país como es el caso de España. Olalde et al.³⁵ estudian a 271 restos antiguos ibéricos de los cuales 176 corresponden a 2.000 a.c. El estudio muestra que hay una diferencia importante entre los cazadores-recolectores del noroeste y los del sureste antes que los cultivos se esparcieron en España. Hay contactos muy esporádicos con poblaciones del Norte de África hasta el año 2500 a.c. pero al comienzo de la edad de bronce, en el año 2000 a.c. alrededor de un 40 % del ancestro ibérico y cerca del 100 % del cromosoma Y fueron substituidos por los genes de personas provenientes de las estepas cerca del mar Caspio y Negro. Esto implica que la población masculina prácticamente fue completamente reemplazada por la masiva llegada de los hombres de las estepas. Al mismo tiempo, la población de las estepas también se esparció hacia el este en Asia y al oeste hacia Europa, llegando hasta España como este estudio demuestra. Para la edad de hierro, la influencia esteparia se extiende no solo a las regiones de habla indoeuropea sino también a las de habla no indo-europeas como el país vasco. Sin embargo, a diferencia del resto de España, la población vasca actual se asemeja a la población de la edad de hierro sin la mezcla genética que afectó al resto del país. Finalmente, el estudio muestra como la población española también tiene influencia genética del norte de África y del mediterráneo del este durante el periodo del imperio romano.

sible Sephardic Contribution among the Founders of a Population in Northwest Colombian", *American Journal of Human Genetics*, Vol. 67, No. 5, 2000, pp. 1287-1295.

35 Iñigo Olalde, Swapan Mallick (et al), "The genomic history of the Iberian Peninsula over the past 8000 years", *Science*, Vol. 363, No. 6432, 2019, pp. 1230-1234.

Estos resultados son extendidos por Villalba–Mouco et al.³⁶ quienes muestran que la población ibérica cazadora–recolectora del periodo temprano y mediano Neolítico tiene una mezcla genética entre la población ibérica y la de los cazadores–recolectores del norte de Europa que buscaron climas más calientes para protegerse del último máximo glacial y luego volver a poblar el norte de Europa.

Estos movimientos poblacionales con sus efectos genéticos se observan en la evolución del haplogrupo R-M269 el cual es característico de 40-90 % de la población de Europa Central y Occidental. Según Balaesque et al.,³⁷ R-M269 se origina en el este y de allí se expande al oeste de Europa durante el periodo Neolítico, mientras que Myers et al.³⁸ lo ubican en el período mesolítico. Siguiendo estas investigaciones y basado en la distribución de las extensiones de este haplogrupo, Valverde et al.³⁹ deducen que R-M269 se origina en el este y se mueve hacia el este y norte de Europa con el haplogrupo R-L11 el cual llega hasta toda la costa Atlántica incluyendo Portugal (ver Gráfico 4). Del norte de Europa sigue el haploptipo R-S116 que llega hasta el sur de Francia y el norte de España, el área de refugio de los glaciales franco-cantábrica. De esta zona, surge el haplogrupo R-DF27 y se extiende al norte de España, mientras que el haplogrupo R-M529/ R-L21 se extiende hacia el resto de Europa y al Reino Unido donde finalmente se origina el haplogrupo R-Z169444/R-Y5826.

36 Vanessa Villalba-Mouco, Marieke S. van de Loosdrecht (et al.), "Survival of Late Pleistocene Hunter-Gatherer Ancestry in the Iberian Peninsula", *Current Biology*, Vol. 29, No. 7, 2019, pp. 1169-1177.

37 Patricia Balaesque, Georgina R. Bowden (et al.), "A predominantly neolithic origin for European paternal lineages", *PLoS Biology*, Vol. 8, No. 1, e1000285, 2010.

38 Natalie M. Myres Siiri Rootsi (et al.) "A major Y-chromosome haplogroup R1b Holocene era founder effect in Central and Western Europe", *European Journal of Human Genetics*, 2011, Vol. 19, pp. 95-101.

39 Laura Valverde, María José Illescas (et al.) "New clues to the evolutionary history of the main European paternal lineage M269: dissection of the Y-SNP S116 in Atlantic Europe and Iberia", *European Journal of Human Genetics*, Vol. 24, No. 3, 2016, pp. 437-441.



Gráfico 4. Evolución de R-M269 hasta R-M529/ R-L21 en Europa

Fuente: Valverde et al.⁴⁰ y SNPTracker de Rob Paterson
<http://scaledinnovation.com/gg/snpTracker.html> (12-10-2021),
Datos de FTDNA y elaboración del autor.

Javier *et al.*⁴¹ encuentran que R-S116 (P312) es el haplogrupo más común en las tres poblaciones vascas: Alava (75%), Guipuzcoa (86.7%), y Vizcaya (87.3%). Adicionalmente, la población masculina muestra una alta cercanía genética con Gascuña, la región vecina francesa, y con Irlanda. La cercanía con Irlanda se da especialmente con la población de Guipuzcoa. Esta investigación apoya la tesis que durante el periodo de bronce un flujo de individuos llevando la mutación R-S116 llegaron al país vasco y reemplazaron el cromosoma paleolítico/neolítico Y de la región. Martínez et al.⁴² encuentra que,

40 Laura Valverde, María José Illescas (et al.) "New clues to the evolutionary history...", p. 439.

41 Javier Rodríguez Luis, Leire Palencia-Madrid (et al.), "The Y chromosome of autochthonous Basque populations and the Bronze Age replacement", *Scientific Report*, Vol. 11, No. artículo 5607, 2021.

42 Conrado Martínez-Cadenas, Alejandro Blanco-Verea (et al.), "The relationship between sur-

siguiendo al país vasco, el 87.5% de una pequeña muestra de la provincia de Huesca pertenece al haplogrupo R-M269, antecesor del R-S116.

6. Proyección Genética de la Familia a la Región: los Guillén de Panticosa, España

Una pregunta importante es si las características genéticas observadas en la región vasca donde predomina el haplogrupo R-S116, especialmente en Guipuzcoa, se extiende a las poblaciones vecinas como los Pirineos aragoneses, que también se mantuvieron relativamente aisladas del resto de España debido a su ubicación geográfica y a las dificultades de acceso. Para resolver esta pregunta es necesario extender el análisis del cromosoma Y a representantes de los Pirineos aragoneses y lo iniciamos con un estudio genético de Nicolás Guillén (NG), originario de Panticosa, provincia de Huesca en España, quien emigró a Ecuador a principios del S. XX, pero hay registros de su familia en la misma población desde el S. XIV. Este análisis también permite extender su genealogía e historia familiar desde el punto de vista genético.

El apellido Guillén es patronímico al provenir del nombre propio Guillermo o del germánico Wilhelm; sin embargo, en Aragón se ha desarrollado como apellido de familia de un tronco común. Se encuentran registros de la familia Guillén en Panticosa desde 1315 y sus registros se han extendido a pueblos cercanos principalmente a Tramacastilla, Pueyo, y Sallent.⁴³ Esta distribución probablemente se debe a la existencia de un antepasado común en Panticosa cuyos descendientes se desplazaron a los pueblos aledaños u otras ciudades como Zaragoza o Jara. Una de las principales razones para este desplazamiento fue la existencia del mayorazgo. Esta institución otorgaba al primogénito la mayoría de los bienes familiares para asegurar que la fortuna se mantuviese o creciese por lo menos a tra-

name frequency and Y chromosome variation in Spain", *European Journal of Human Genetics*, Vol. 24, 2016, pp. 120-128.

43 Juan J. Guillén, "Apellidos del Valle de Tena (Huesca): nuevas aportaciones", *Emblemata*, No. 8, 2002, pp. 225-295.

vés de uno de los hijos. La parte norte de la corona de Aragón y del reino de Navarra, es decir los Pirineos y sus alrededores, las provincias vascas y la región atlántica de Galicia es donde se observa su mayor presencia.⁴⁴ El mayorazgo fue eliminado por el Real Decreto de 11 de septiembre de 1820; sin embargo, en la práctica se mantuvo por muchos años usando diferentes mecanismos como transferir las principales propiedades en vida al primogénito. En el caso de la familia Guillén, el impacto del mayorazgo fue que los hijos segundones, en muchos casos, se desplazaron a otras poblaciones por razones laborales o por matrimonio.

La familia Guillén, desde que se conoce, fue la dueña de la casa-palacio del Vico o Lucas en Panticosa hasta los años 1960 cuando fue vendida luego de la muerte de Matea Guillén, la última representante en línea directa de esta familia en Panticosa. Dado que la familia Guillén tuvo un gran número de notarios y juristas desde el S. XV al XIX, esta casa toma particular importancia en la zona por que mantuvo los archivos no solo de Panticosa sino de la región.⁴⁵

Como se observa en la genealogía de la familia Guillén (ver apéndice) de cuyos fundadores desciende NG, los primeros seis notarios desde Miguel Guillén hasta Miguel Matías Guillén (nacido en 1607) fueron una sucesión de padres a hijos. En 1653-1654 se desata una plaga que diezma a la población de Panticosa y la familia de Matías Guillén (1641-1653) muere a excepción de su hijo Lucas Guillén quien es salvado por el párroco y al crecer toma posesión de la Casa de los Guillén que desde allí toma el nombre de Casa Lucas.⁴⁶ El efecto de la peste lleva a una discontinuidad en la secuencia familiar de notarios hasta que otros miembros de la familia Guillén asumieron este rol.⁴⁷

44 Andrés Barrera-González, "Domestic Succession, Property Transmission, and Family systems in the Agrarian Societies of Contemporary Spain", *The History of the Family*, Vol. 3, No. 2, 1998, pp. 221-227.

45 Manuel Gómez de Valenzuela, "El archivo de casa Lucas, en Panticosa", *Estudios*, No. 108, 2015, pp. 119-162.

46 Manuel Gómez de Valenzuela, "El Valle de Tena y las Pestes de 1450, 1566-65 y 1653-54", *Estudios*, No. 106, 2015, pp. 73-96. Esta información fue ampliada por Manuel Gómez de Valenzuela en una entrevista personal el 11 de agosto de 2016 en Panticosa, España.

47 Manuel Gómez de Valenzuela, "El archivo de casa Lucas...", p.121.

Juan Guillén y Blasco fue el primer miembro de la familia Guillén en obtener la infanzonía el 4 de mayo de 1600, convirtiéndose en hidalgo y, por tanto, miembro de la cofradía de infanzones de Panticosa. La hidalguía era un privilegio dado por el rey en algunos casos por servicios prestados o por ser un segundón en una familia noble. Además del prestigio social, los hidalgos eran exentos de impuestos, y gozaban de ciertos privilegios locales como acceso prioritario a recursos productivos. Este título solo se heredaba por la línea directa masculina de quienes mantenían el mismo apellido. Usando como referencia la infanzonía de Juan Guillén y Blasco algunos de sus descendientes en Panticosa lograron obtener también esta posición como Miguel Matías Guillén en 1659, Domingo Guillén en 1718, Bartolomé Guillén en 1654, Blas Luis Guillén en 1791, y otros Guillén que migraron a otras poblaciones como Juan y Pedro Guillén de Quinto de Ebro (Zaragoza) en 1619, Juan Domingo Guillén en La Zaida (Zaragoza) en 1720, Pedro y Miguel Guillén en Fuentes de Ebro (Zaragoza) en 1739, Pedro Nolasco Guillén y Fanlo y sus hermanos en 1803 en Zaragoza.⁴⁸

NG desciende en línea directa de Juan Guillén y Blasco por lo que su familia heredó la Casa Lucas y se mantuvo la tradición de notarios y juristas como fue el caso de Ramón Guillén quien fue juez de paz entre 1872 y 1874. Sin embargo, dado que NG no era el hijo primogénito viajó a Latinoamérica, aproximadamente a los 14 años en 1902, con por lo menos dos de sus hermanos. Su destino inicial fue Argentina donde pasó doce años y donde se quedó su hermano Dionisio, y luego vivió en Guayaquil, Ecuador por dos años. En esta ciudad, su hermano Julio se convirtió en un líder empresarial. Finalmente, NG se estableció en Quito, Ecuador en 1916, fue representante de la Singer, gerente de la fábrica textilera la Joya en Otavalo alrededor de 1924 y después del divorcio con su primera esposa Rosa María López, compró la Hacienda La Cocha en Pifo de alrededor de 700 hectáreas donde puso en práctica sus conocimientos agrícolas y disciplina de trabajo propia de los Pirineos españoles.

48 Armando Serrano Martínez, "Los Guillén, Infanzones de Panticosa", *Diario de Alto Aragón*, 10 de agosto de 2011.

6.1. Estudio Genético de los Guillén de Panticosa, España

El análisis del cromosoma Y de NG se realizó de la siguiente manera:

1. Secuencia del genoma conducido por la compañía 23andme⁴⁹ de un bisnieto en línea directa de NG. El resultado del test indico que el haplogrupo paterno de NG es R-L21.

2. Paneles de haplogrupos R1b-L21 y R1b-Z251 realizados por la compañía YSEQ⁵⁰ a un nieto en línea directa de NG. Los resultados confirman que NG se caracteriza por el SNP R-L21 y extiende el análisis concluyendo que su haplogrupo es R-Z169444/R-Y5826 según la siguiente secuencia (ver Gráfico 4):

R-M269 > R-L23 > R-L51 > R-L11/P310 > R-P312/S116 > R-M529/L21 > R-DF13 > R-Z39589 > R-Z251/S470 > R-Z16943 > R-Z16944/Y5826.⁵¹

El haplogrupo R-Z16944 tiene una edad aproximada de 3.200 años.⁵² Solo se conocen mutaciones más recientes de este haplotipo (R-L555, R-A2201 y R-BY23665/BY3015) que provienen de individuos de Irlanda e Irlanda del Norte (31) y del Reino Unido (28),⁵³ ya que correspondería al grupo que emigró al norte desde la península ibérica o a una rama más antigua que emigró directamente desde el norte de Europa. R-Z16944 desciende del haplogrupo R-DF13⁵⁴, característico del Reino Unido e Irlanda, al cual también pertenece John D. Creamer (ver sección 4). Esta cercanía con la población irlandesa es similar a la observada en el caso del pueblo vasco. R-DF13 des-

49 www.23andme.com

50 www.yseq.com

51 www.familytreedna.com/public/y-dna-haplotree/R?name=R-Z16944 (12-10-2021)

52 www.ytree.net/BlockInfo.php?blockID=470 (15-12-2021)

53 Según el proyecto FTDNA "R L21, Z290 and Subclades" <https://www.familytreedna.com/public/R-Z251?iframe=yresults> (accedido el 15-12-2021), el número de individuos por país que tienen el haplotipo R-Z16944 es el siguiente: Irlanda del Norte 16, Irlanda 15, Escocia 13, Inglaterra 11, EE. UU. 10, Reino Unido 4, Haití 1, Italia 1 y Suiza 1.

54 www.familytreedna.com/public/y-dna-haplotree/R?name=R-DF13 (15-12-2021)

ciende del haplogrupo R-L21 el cual es propio de Irlanda, Reino Unido, Francia, Alemania y en menor proporción de España.⁵⁵ A su vez, R-L21 proviene de R-S116. Como revisamos en la sección previa, el haplogrupo R-S116 llega hasta el norte de España y es el haplogrupo más común en las poblaciones vascas. Al ser este haplogrupo parte de la secuencia genética de NG, se puede inferir que esta ola migratoria también llegó a los Pirineos aragoneses, pero es posible que también se deba a una migración posterior celta a la península ibérica.

Aunque este análisis es solamente basado en el ADN de dos personas, pero como el cromosoma Y tiene una tasa de mutación muy baja, 0.00069 cada 25 años,⁵⁶ y se conoce que la familia Guillén ha existido en Panticosa por lo menos desde 1315, es posible inferir que el cromosoma Y del antepasado Guillén desde el año 1315 (desde cuando se tiene registro de los Guillén), sea el mismo o quizás sufrió muy pocas mutaciones durante este periodo. Desde ese año podemos calcular un número mínimo de 19 generaciones hasta el momento presente. Asumiendo que cada familia tuvo solamente dos hijos varones que tuvieron descendencia, lo cual es un cálculo muy conservador considerando que hasta el siglo pasado las familias eran muy numerosas, esto implicaría que hoy día habrían alrededor de medio millón (2^{19}) de descendientes del Guillén del S. XIV que tienen el mismo haplogrupo. El número exacto no es tan importante como reconocer el valor del test del cromosoma Y si se conoce que proviene de una familia que ha estado en el mismo lugar por un largo período como es el caso de los Guillén. Adicionalmente, los resultados del test del cromosoma Y se pueden aplicar a todos los descendientes masculinos en Panticosa, y en el resto del mundo asumiendo que los parientes más lejanos pueden haber sufrido ninguna o muy pocas mutaciones.

Este análisis es particularmente importante no solo para el Valle del Tena, Zaragoza y otras poblaciones donde viven muchos

55 www.familytreedna.com/public/y-dna-haplotree/R;name=R-L21 (15-12-2021)

56 Lev A. Zhivotovsky, Peter A. Underhill (et al.), "The Effective Mutation Rate at Y Chromosome Short Tandem Repeats, with application to human population-divergence time", *American Journal of Human Genetics*, Vol. 74, No. 1, 2004, pp. 50-61.

descendientes de esta línea de la familia Guillén sino también para Latinoamérica, especialmente para Ecuador y Argentina, donde existen varias generaciones de Guillén descendientes de NG en Ecuador y de su hermano Dionisio Guillén en Argentina.

Conclusiones

Este artículo muestra como la genealogía genética, en particular a través de los tests del cromosoma Y, complementados con el test autosomal, pueden cubrir los vacíos en las genealogías debido a la falta de documentación o por lo menos podrían aproximar los orígenes geográficos, étnicos y grupos familiares de los sujetos en estudio. No obstante, esto es posible si la base de datos genealógicas es lo suficientemente amplia como para incluir otros casos que permitan realizar la comparación. Es factible que ciertos SNPs no han sido adecuadamente evaluados, pero es cuestión de tiempo hasta que suficientes personas hayan completado los tests del cromosoma Y para encontrar las conexiones familiares que permitan llenar los vacíos de las genealogías tradicionales.

En el primer estudio de caso, la genealogía genética ayuda a descubrir los orígenes irlandeses de JDC. Considerando la corta distancia genética del cromosoma Y de Creamer_46114 con un McCarthy y varios Cremins de la zona de Bweeng, Cork se puede inferir que la familia Creamer de JDC era parte de la rama de la rama Cremin/Crimeen del clan McCarthy específicamente de Bweeng, del condado de Cork o de sus alrededores. De allí, se puede asumir que emigró a Londres o Nueva York.

La genealogía genética también puede contribuir al análisis histórico y a reconstruir la evolución genética de grupos familiares y poblacionales como hemos explorado en el segundo estudio de caso. Hay estudios muy numerosos acerca de la evolución genética de los países del norte de Europa, el Reino Unido e Irlanda. Sin embargo, la investigación en la península ibérica ha sido muy limitada a ciertas regiones. Este estudio puede motivar el desarrollo de un estudio más amplio genético de los Pirineos aragoneses y de otras re-

giones en España o en otras partes del mundo que como los Pirineos aragoneses se mantuvieron relativamente aisladas del resto del mundo por muchos siglos. Estos estudios permitirían entender la evolución genética de estos grupos poblacionales, sus movimientos migratorios y conexiones que puedan tener con otros grupos humanos como hemos podido observar en este trabajo entre las poblaciones de los Pirineos aragoneses, vasca e irlandesa.

Finalmente, el enfoque multidisciplinario de este trabajo combinando genealogía, genética e historia requieren un manejo analítico que las ciencias de manejo de información pueden proveer. En los estudios históricos existen muchas relaciones que solo se pueden deducir a través de una búsqueda profunda en diversas bases de datos y proyecciones de grupos genéticos o movimientos poblacionales. La integración de las técnicas avanzadas de manejo y análisis de datos con los aportes de otras disciplinas como la genética abren nuevas rutas para la investigación histórica que le permitirá asumir nuevos retos tales como dilucidar la evolución de la especie humana tanto desde un punto de vista genético como social.⁵⁷

57 El autor agradece a Nigel McCarthy, el administrador del proyecto “McCarthy Surname Study Group”, por sus sugerencias y por su interés en estudiar el grupo E que incluye a los Cremin y Creamer; a Gerard Murphy, al embajador Manuel Gómez de Valenzuela, y Pedro Creamer (+) por sus comentarios; a los miembros de las familias Creamer Guillén y Creamer Gómez, Guillermo Creamer, y Fernando Guillén que facilitaron muestras de su ADN y compartieron sus historias familiares; a Ricardo Galtier-Martí Jimenez por investigar el archivo diocesano de Jaca y preparar el componente más reciente de la genealogía de la familia Guillén en Panticosa, y a la Doctora Rocío Rosero Jácome por algunas sugerencias para la edición de este artículo.

Bibliografía

- AKERET, Robert U., *Family Tales, Family Wisdom: How to Gather the Stories of a Lifetime and Share Them with Your Family*, William Morrow & Co, New York, 1991.
- BALARESQUE, Patricia, Georgina R. Bowden (et al.), "A predominantly neolithic origin for European paternal lineages", *PLoS Biology*, Vol. 8, No. 1, e1000285, 2010.
- BARRERA-GONZÁLEZ, Andrés, "Domestic Succession, Property Transmission, and Family systems in the Agrarian Societies of Contemporary pain", *The History of the Family*, Vol. 3, No. 2, 1998, pp. 221-227.
- BOLNICK, Deborah A., Duana Fullwiley (et al.), "The Science and Business of Genetic Ancestry Testing", *Science*, Vol. 318, 2007, pp. 399-400.
- BROTO APARICIO, Santiago, "Guillén, Un linaje del Valle de Tena", *Diario del Alto Aragón*, 1 de diciembre del 2013.
- BRYC, Katarzyna, Christopher Velez (et al.), "Genome-wide patterns of population structure and admixture among Hispanic/Latino populations", *Proceedings of the National Academy of Sciences*, Vol. 107, Suplemento 2, 2010, pp. 8954-8961.
- CARVAJAL-CARMONA, Luis G., Iván D. Soto (et. al), "Strong Amerind/White Sex Bias and a Possible Sephardic Contribution among the Founders of a Population in Northwest Colombian", *American Journal of Human Genetics*, Vol. 67, No. 5, 2000, pp. 1287-1295.
- CHACÓN-DUQUE, Juan Camilo, Kaustubh Adhikari (et al.) "Latin Americans show wide-spread Converso ancestry and imprint of local Native ancestry on physical appearance", *Nature Communications*, Vol. 9, No. artículo: 5388, 2018.
- FERMAGLICH, Kirsten, "'Too Long, Too Foreign ... Too Jewish': Jews, Name Changing, and Family Mobility in New York City, 1917-1942" *Journal of American Ethnic History*, Vol. 34, No. 3, 2015, pp. 34-57.
- GARCÍA CARRAFA, Alberto y Arturo, "Guillén", *Diccionario Heráldico y Genealógico de Apellidos Españoles y Americanos*, Tomo 40, Imprenta Comercial Salmantina, Salamanca, 1931, pp. 12-17.

GÓMEZ DE VALENZUELA, Manuel, "El archivo de casa Lucas, en Panticosa", *Estudios*, No. 108, 2015, pp. 119-162.

-----, "El Valle de Tena y las Pestes de 1450, 1566-65 y 1653-54", *Estudios*, No. 106, 2015, pp. 73-96.

GUILLÉN, Juan J., "Apellidos del Valle de Tena (Huesca): nuevas aportaciones", *Emblemata*, No. 8, 2002, pp. 225-295.

"Los Guillén", *Linajes de Aragón*, Tomo 6, 1915, p. 218-219.

MARTINEZ-CADENAS, Conrado, Alejandro Blanco-Verea (et al.), "The relationship between surname frequency and Y chromosome variation in Spain", *European Journal of Human Genetics*, Vol. 24, 2016, pp. 120-128.

MARX, Karl, *Capital: A Critique of Political Economy - The Process of Capitalist Production*, Cosimo, NY, 2007, vol. 3, p. 774.

MYRES, Natalie M., Siiri Rootsi (et al.) "A major Y-chromosome haplogroup R1b Holocene era founder effect in Central and Western Europe", *European Journal of Human Genetics*, 2011, Vol. 19, pp. 95-101.

OLALDE, Iñigo, Swapan Mallick (et al.), "The genomic history of the Iberian Peninsula over the past 8000 years", *Science*, Vol. 363, No. 6432, 2019, pp. 1230-1234.

Ó SIOCHRÚ, Micheál, *God's Executioner: Oliver Cromwell and the Conquest of Ireland*, Faber and Faber, London, UK, 2009.

"Passenger Sailed", *New York Times*, 1864, agosto 31. www.nytimes.com/1864/08/31/archives/passengers-sailed.html (accedido el 12-10-2021 por suscripción privada a base de datos del New York Times).

RODRIGUEZ LUIS, Javier, Leire Palencia-Madrid (et al.), "The Y chromosome of autochthonous Basque populations and the Bronze Age replacement", *Scientific Report*, Vol. 11, No. artículo 5607, 2021.

SAMUEL, Mark Wycliffe, "The Tower Houses of West Cork", PhD Thesis, University College London, London, UK, 1998.

SERRANO MARTÍNEZ, Armando, "Los Guillén, Infanzones de Panticosa", *Diario de Alto Aragón*, 10 de agosto de 2011.

“The Minister to Ecuador”, *New York Times*, 1873, Febrero 12 (accedido el 12-10-2021 por suscripción privada a base de datos del New York Times).

VALVERDE, Laura, María José Illescas (et al.) “New clues to the evolutionary history of the main European paternal lineage M269: dissection of the Y-SNP S116 in Atlantic Europe and Iberia”, *European Journal of Human Genetics*, Vol. 24, No. 3, 2016, pp. 437-441.

VANCE, David, *Y-DNA Phylogeny Reconstruction using likelihood-weighted phenetic and cladistic data – the SAPP Program*, Academia, 2019, en: www.academia.edu/38515225 (12-08-2021).

VILLALBA-MOUCO, Vanessa, Marieke S. van de Loosdrecht (et al.), “Survival of Late Pleistocene Hunter-Gatherer Ancestry in the Iberian Peninsula”, *Current Biology*, Vol. 29, No. 7, 2019, pp. 1169-1177.

WATSON, James y Francis Crick, “Molecular Structure of Nucleic Acids: A Structure for Deoxyribose Nucleic Acid” *Nature*, Vol. 171, No. 4356, 1953, pp.737-738.

-----, Tania A. Baker (et al.), *Biología Molecular del Gen*, 7ª. Ed., Médica Panamericana, Mexico DF, 2016.

ZHIVOTOVSKY, Lev A., Peter A. Underhill (et al.), “The Effective Mutation Rate at Y Chromosome Short Tandem Repeats, with application to human population-divergence time”, *American Journal of Human Genetics*, Vol. 74, No. 1, 2004, pp. 50-61.

Archivos Documentales

Archivo Histórico Provincial de Zaragoza:

“Firma de infanzonía a instancia de Pedro Nolasco Guillén Fanlo, vecino de Zaragoza, Zaragoza, 1802. <https://dara.aragon.es/opac/app/item/?vm=nv&ob=re:1&q=Firmas+de+infanzon%C3%ADa+guillen&p=0&i=446882> (12-10-2021)

“Firma de infanzonía a instancia de Blas Guillén Bandrés, vecino de Huesca, Huesca”, 1791. <https://dara.aragon.es/opac/app/item/?vm=nv&ob=re:1&q=Firmas+de+infanzon%C3%ADa+guillen&p=0&i=446883> (12-10-2021)

Apéndice

Genealogía de la familia Guillén de la casa Lucas hasta el S. XVIII

Esta genealogía presenta el tronco principal de la familia Guillén en Panticosa que sigue dos líneas familiares descendientes de Juan Guillén y Blasco quien es el primer miembro de la familia que se convierte en hidalgo. La primera línea familiar se caracteriza por una sucesión de notarios que mantiene la casa de los Guillén conocida como casa Lucas y donde se encuentran los archivos notariales de Panticosa y de la región. Nicolás Guillén (NG) desciende de Juan Guillén y Blasco y su familia también fue dueña de la casa Lucas. La segunda línea de los Guillén se establece en Huesca.

Convenciones: * nacimiento; oo matrimonio; oo 1 primer matrimonio; oo 2 segundo matrimonio; ¿? dato desconocido; 1650? año aproximado; (N): indica que fue notario.

1. Miguel Guillén, notario por lo menos desde 1458. (N)
 - 1.1. Miguel Guillén, notario entre 1471 y 1526. (N)
 - 1.1.1. Juan Guillén. Doctor en Teología y catedrático de la Universidad de Huesca, Rector de Panticosa en 1507 y notario entre 1527 y 1569. (N)
 - 1.1.1.1. Juan Guillén. Notario entre 1559 y 1580. (N)
 - 1.1.1.1.1. Juan Guillén y Blasco "Brau"⁵⁸ *1566, dueño de la casa de los Guillén. Notario entre 1590 y 1644. Primero en obtener la infanzonía el 4-5-1600. (N) Se caso dos veces.
 - oo 1 María Navarro, proviene de familia de infanzones, matrimonio 5-11-1590
 - 1.1.1.1.1.1. Simón Guillén, presbítero
 - 1.1.1.1.1.2. Felipe Guillén, presbítero
 - 1.1.1.1.1.3. Juana Francisca Guillén
 - 1.1.1.1.1.4. María Guillén
 - 1.1.1.1.1.5. Esperanza Guillén, matrimonio 9-8-1618 con Felipe Guillén Claver, hijo de Felipe Guillén "Brau" y Catalina Claver.
 - 1.1.1.1.1.6. Miguel Matías Guillén *1607, sucesor de la casa Guillén. Notario entre 1641 y 1653 (N)

⁵⁸ Brau se le dice a los dueños del casal, quienes eran generalmente los primogénitos, como reconocimiento de su importancia social y económica en la familia.

oo Juana Francisca Claveria, matrimonio 30-6-1637.

1.1.1.1.6.1. Lucas Guillén *1639, sucesor de la casa Guillén “Lucas”. Unico sobreviviente de la peste de la peste 1653-1654, salvado por el párroco para mantener la descendencia de esta familia. Cuando crece toma posesión de la casa de esta familia Guillén que desde allí se conoce como la casa Lucas.⁵⁹

oo Ursula Guillén, matrimonio 30-4-1659

1.1.1.1.6.1.1. Pedro Simón Guillén *1666

oo Clara Guillén, matrimonio 13-10-1686, hija de Miguel Matías Guillén y Ana Elena Traval?

1.1.1.1.6.1.1.1. Miguel Matías Guillén *24-5-1689

oo Angela del Pueyo, familia de infanzones, matrimonio 7-10-1714

1.1.1.1.6.1.1.1.1. Gregorio Rosendo Guillén *1734⁶⁰

oo Melchora de Fanlo, matrimonio 26-1-1756

1.1.1.1.6.1.1.1.1.1. Antonio Guillén Fanlo

1.1.1.1.6.1.1.1.1.2. Ramón Guillén Fanlo

1.1.1.1.6.1.1.1.1.3. Pedro Guillén Fanlo *1766

1.1.1.1.6.1.1.1.1.4. Anastasio Simón Antonio Josef Guillén Fanlo *1768

1.1.1.1.6.1.1.1.1.5. José Joaquín Ramón Guillén Fanlo *1774. Fue notario por lo menos en 1804 (N)

1.1.1.1.6.1.1.1.1.6. Vicente Ramón Pascual Guillén Fanlo *1779

1.1.1.1.6.1.1.1.1.7. Pedro Nolasco Guillén Fanlo *1785, hidalgo, ministro titular del Santo Oficio de la Inquisición, reside en Zaragoza

oo Juana Caravantes García, de Ricla, hija de Esteban Caravantes y de Josefa García

1.1.1.1.6.1.1.1.7.1. José María de los Dolores Zenón Guillén Caravantes *1809, en Panticosa

oo 2 Marcela Lacasa (segunda esposa de Juan Guillén y Blasco)⁶¹

1.1. Bartolomé Guillén *1566, matrimonio con Martina Broto, vivió en las Cinco Villas

1.1.1 Bartolomé Guillén, ganó ejecutoria de Infanzonía en 4-12-1739.

1.2. Pedro Guillén *1562, continuó en el casal de la familia Guillén en Panticosa

⁵⁹ Manuel Gómez de Valenzuela, “El Valle de Tena y las Pestes...”, pp. 73-96.

⁶⁰ Esta última sección fue complementada por la investigación del archivo diocesano de Jaca por parte de Ricardo Galtier-Martí Jimenez el 7 de abril del 2017.

⁶¹ Según “Firma de infanzonía a instancia de Blas Guillén Bandrés...”, 1791, aparecen registrados en la misma casa: Gracia Guillén *1554, Catalina Guillén *1556, Miguel Guillén *1558 y Vicent Guillén.

oo Ines Claver

1.2.1. Miguel Matias Guillén *1624

oo Maria Ferrer

1.2.1.1. Miguel Matías Guillén

1.2.1.2. María Pascuala Guillén

1.2.1.3. Pedro Miguel Guillén

1.2.1.4. Surania Guillén

1.2.1.5. Juan Antonio Guillén, infanzón

oo María Juana Guillén Abós. Este matrimonio une dos ramas y dos haciendas de los Guillén

1.2.1.5.1. Pablo Faustino Guillén

oo Engracia Bandrés, hija de Pascual Bandrés y Miguela Lacuna

1.2.1.5.1.1. Blas Luis Guillén *1746, reside en Huesca, obtiene infanzonía en 27-7-1791

oo Josefa Zapater

1.2.1.5.1.1.1. Diega María Guillén *1781

1.2.1.5.1.1.2. Manuel Blas Silvestre Lorenzo Guillén *1778

1.2.1.5.1.1.3. Esteban Domingo Blas Guillén *1786

1.2.1.5.1.1.4. Francisco Antonio Lamberto Guillén *1789

Fuentes: Santiago Broto Aparicio, “Guillén, Un linaje del Valle de Tena”, *Diario del Alto Aragón*, 1 de diciembre del 2013.

“Los Guillén”, *Linajes de Aragón*, Tomo 6, 1915, p. 218-219.

Alberto y Arturo García Carrafa, “Guillén”, *Diccionario Heráldico y Genealógico de Apellidos Españoles y Americanos*, Tomo 40, Imprenta Comercial Salmantina, Salamanca, 1931, pp.12-17.

“Firma de infanzonía a instancia de Pedro Nolasco Guillén Fanlo, vecino de Zaragoza, Zaragoza, 1802. <https://dara.aragon.es/opac/app/item/?vm=nv&ob=re:1&q=Firmas+de+infanzon%C3%ADa+guillen&p=0&i=446882> (12-10-2021).

“Firma de infanzonía a instancia de Blas Guillén Bandrés, vecino de Huesca, Huesca”, 1791. <https://dara.aragon.es/opac/app/item/?vm=nv&ob=re:1&q=Firmas+de+infanzon%C3%ADa+guillen&p=0&i=446883> (12-10-2021).



La Academia Nacional de Historia es una institución intelectual y científica, destinada a la investigación de Historia en las diversas ramas del conocimiento humano, por ello está al servicio de los mejores intereses nacionales e internacionales en el área de las Ciencias Sociales. Esta institución es ajena a banderías políticas, filiaciones religiosas, intereses locales o aspiraciones individuales. La Academia Nacional de Historia busca responder a ese carácter científico, laico y democrático, por ello, busca una creciente profesionalización de la entidad, eligiendo como sus miembros a historiadores profesionales, entendiéndose por tales a quienes acrediten estudios de historia y ciencias humanas y sociales o que, poseyendo otra formación profesional, laboren en investigación histórica y hayan realizado aportes al mejor conocimiento de nuestro pasado.

Forma sugerida de citar este artículo: Creamer, Germán, "De Europa a Latinoamérica a través de la genealogía genética: estudio de casos de migración desde Irlanda y España", *Boletín de la Academia Nacional de Historia*, vol. C, N°. 207, enero – junio 2022, Academia Nacional de Historia, Quito, 2022, pp.609-640