

Els camins paral·lels de gens i cognoms

Francesc Calafell Majó

Institut de Biologia Evolutiva (CSIC-UPF)

Resum: El cognom s'hereta majoritàriament per via paterna; en el nostre genoma, el cromosoma Y ho fa exclusivament per aquesta via. La diversitat genètica existent en el cromosoma Y permet resseguir-ne l'origen a diferents nivells. Aquest fet permet que pugui investigar dins dels homes portadors d'un mateix cognom quins subgrups es poden establir segons la descendència d'un o diversos fundadors d'aquell cognom.

Paraules clau: gentilicis- genealogia genètica- cromosoma Y- cognoms

Resumen: El apellido se hereda mayoritariamente por vía paterna; en nuestro genoma, el cromosoma Y lo hace exclusivamente por esta vía. La diversidad genética existente en el cromosoma Y permite reseguir el origen a diferentes niveles. Este hecho permite que se pueda investigar dentro de los hombres portadores de un mismo apellido qué subgrupos se pueden establecer según la descendencia de uno o diversos fundadores de aquel apellido.

Palabras clave: gentilicios- genealogía genética- cromosoma Y- apellidos

Abstract: Surnames are mostly inherited through father's name; in our genome, the Y chromosome does it exclusively for this route. Genetic diversity in the Y chromosome allows revisiting its origins at different levels. This fact allows researching on men of the same surname, which sub-groups can be set according to the offspring of one or several founders of that surname.

Key words: gentilicis, genetic genealogy, Y chromosome, surnames

Résumé: Tandis que le nom s'hérite majoritairement par voie paternelle, dans notre génome, le chromosome Y est reçu exclusivement par cette voie. La diversité génétique qui existe dans le chromosome Y permet de retracer son origine à différents niveaux. Donc on peut faire des recherches parmi les hommes du même nom à fin d'établir les sous-groupes selon la descendance d'un ou de plusieurs fondateurs de ce nom.

Mots clés: noms des habitants d'une ville, généalogie génétique, chromosome Y, noms

El cognom s'hereta majoritàriament per via paterna; en el nostre genoma, el cromosoma Y ho fa exclusivament per aquesta via. La diversitat genètica existent en el cromosoma Y permet resseguir-ne l'origen a diferents nivells: des d'un origen remot que podem situar en grans regions del planeta (o a migracions prehistòriques o històriques), fins a poder reconèixer els descendents d'un avantpassat comú. En aquest darrer sentit, hom pot investigar dins dels homes portadors d'un mateix cognom quins subgrups es poden establir segons la descendència d'un o diversos fundadors d'aquell cognom. Aquesta possibilitat obre la porta a l'estudi sistemàtic del sistema de cognoms, i a preguntar-nos sobre la sistematització de la seva herència, la relació de la seva freqüència amb el polifiletisme o, en casos més particulars, a preguntar-nos sobre els cognoms que són antropònims germànics, o gentilicis, o lingüísticament àrabs o hebreus. Aquests són els objectius del projecte "Un atlas genètic dels cognoms catalans" (<http://cognoms.upf.edu>) que hem endegat sota els auspicis de l'Institut d'Estudis Catalans.

Herència biològica, herència social: cognoms i gens.

En el nostre sistema, cadascú posseeix dos cognoms, un que ha rebut del pare i un que ha rebut de la mare. Tradicionalment, el cognom que acaba passant de generació en generació és el patern: els néts ja no tenen cap cognom de les àvies. El nostre genoma consta de 23 parelles de cromosomes: en rebem un joc del pare i un joc de la mare, sense res que ens permeti distingir quin ve del pare i quin de la mare. Hi ha, però, dues excepcions notables: els anomenats cromosomes sexuals i l'ADN mitocondrial. Anomenem els cromosomes amb números, de l'1 al 22. Però el 23è parell de cromosomes presenta una peculiaritat: poden no ser iguals entre ells. I en comptes de fer-ho amb números, els designem amb lletres: són els cromosomes X i Y. La immensa majoria dels humans portem, o dos cromosomes X, o un d'X i un d'Y, i això ens fa, respectivament, dones o homes. Vet aquí, doncs, perquè s'anomenen cromosomes sexuals. El cromosoma Y presenta una peculiaritat: no recombina. Recapitem l'herència dels cromosomes: en tenim un doble joc (dos cromosomes 1, dos cromosomes 2, etc.), heretat un del pare i un de la mare. Cal explicar, doncs, com és que aquesta dotació es manté constant i no es duplica a cada generació. En la producció d'òvuls i espermatozoides, aquest doble joc es redueix a la meitat: cada òvul i espermatozoide només conté un cromosoma 1, un cromosoma 2,...; en el cas dels òvuls, tots contenen un cromosoma X, mentre que els espermatozoides poden portar un cromosoma X o un cromosoma Y. Curiosament, els cromosomes que van a parar a un òvul o a un espermatozoide són diferents dels que hi ha en la resta de les cèl·lules, gràcies a la recombinació. En aquest procés, es pren un tros de cromosoma matern (o patern), se li empalma un fragment de cromosoma patern, i així successivament. Per tant, els cromosomes d'un individu són un *patchwork* dels cromosomes dels quatre avis. El cromosoma Y s'escapa d'aquesta regla: recombina amb el cromosoma X, però només en els extrems. La part central del cromosoma Y passa intacta de pares a fills; el cromosoma Y d'un home és el mateix que el del seu pare, del seu avi, del seu besavi,... L'ADN mitocondrial és diferent de l'ADN dels cromosomes en diferents aspectes, però aquí ens interessa ressaltar-ne dos: tampoc no recombina, i, encara que es troba tant en homes com en dones, només s'hereta de la mare. És, doncs, la contrapartida matrilineal del cromosoma Y.

La conclusió que podem extreure del paràgraf anterior és clara: el cromosoma Y s'hereta patrilinealment, com el primer cognom. Hi ha, però, una diferència important: l'herència del cromosoma Y és estrictament biològica, mentre que l'herència del cognom és social. Diverses circumstàncies poden fer que cromosoma Y i cognom s'heretin de persones diferents. En primer lloc, la falsa paternitat; de mitjana mundial, un 1,8% de naixements han estat engendrats per homes diferents d'aquell que farà de pare de la criatura (Anderson, 2006). Aquesta xifra pot ser força variable entre societats i períodes històrics. Les adopcions també solen donar a un fill un cognom diferent que aquell que portava el seu pare biològic; són ben coneguts alguns cognoms que solien donar sistemàticament els orfenats a les criatures que acollien, com Expósito, Esposito

(al sud d'Itàlia) o Colombo (a Milà) (Martínez-González et al., 2012). Finalment, diferents circumstàncies afavoreixen la transmissió del cognom matern, com les lligades a les desigualtats en prestigi social i a l'herència de propietats, o, sovint en l'altre extrem de l'espectre social, el cas de les mares solteres en èpoques passades.

Malgrat tot, podem assumir que la norma és l'herència conjunta de cognom i cromosoma Y. De fet, abans de l'aparició de la tecnologia necessària per a l'estudi de l'ADN, s'utilitzaven els cognoms com a sucedani de la variació genètica en el cromosoma Y (Crow and Mange, 1965; Relethford, 1988). Així, es poden inferir les taxes de consanguinitat i la relació genètica entre poblacions sobre la base de la isonímia (és a dir, la similitud en les freqüències dels cognoms) (Barrai et al., 2004; Manni et al., 2005; Rodríguez-Larralde et al., 2003).

La diversitat genètica en el cromosoma Y.

Si volem estudiar conjuntament cognoms i cromosoma Y, cal que correlacionem la diversitat en ambdós sistemes. La diversitat dels cognoms és manifesta, però cal que presentem ara com dos cromosomes Y poden ser diferents entre ells. La font bàsica de la diferenciació genètica és la mutació. La maquinària cel·lular que copia l'ADN no és infal·lible i, esporàdicament i de manera aleatòria, introdueix algun canvi. El tipus més senzill de mutació és la substitució d'un nucleòtid per un altre. Els nucleòtids són les unitats de les quals es compon l'ADN. Poden ser de quatre tipus (abreujats A, C, G i T), i el nostre genoma en conté uns 3.000 milions. Si una mutació canvia un nucleòtid per un altre (cosa que passa en cada transmissió de pare a fill amb una probabilitat minúscula, de l'ordre d'un entre mil milions), i es propaga de generació en generació (pot fàcilment perdre's a l'atzar), podem trobar que, en una mateixa posició del cromosoma Y, alguns homes presentin un cert nucleòtid i altres un nucleòtid diferent. Aquesta situació és un SNP (de l'anglès Single Nucleotide Polymorphism, polimorfisme d'un únic nucleòtid, i pronunciat sovint *esnip*); se'n coneixen centenars al cromosoma Y. Cada variant en un SNP rep el nom d'*al·lel*.

L'estudi conjunt dels SNPs del cromosoma Y en diferents poblacions humanes permet d'establir-ne la seva filogeografia, és a dir, com es relacionen filogenèticament els SNPs i com es desplega aquesta filogènia en la diversitat mundial. Cada SNP neix en un context molt particular. Apareix sobre un cromosoma que ja conté uns certs al·lells per als altres SNPs. Fixant-nos en quins al·lells s'associen entre ells, podrem deduir en quin ordre van aparèixer i quina és la seva genealogia; anomenem *filogènia* a l'arbre genealògic de la diversitat genètica. Un nom més: les combinacions d'SNPs en el cromosoma Y reben el nom d'*haplogrups*. Donat que han aparegut al llarg d'un arbre genealògic, podem organitzar jeràrquicament els haplogrups en subhaplogrups, sub-subhaplogrups i així successivament. La nomenclatura dels haplogrups reflecteix aquesta jerarquia. Els haplogrups més antics, els que es troben en les branques més profundes de l'arbre, es designen amb una lletra majúscula. Així, s'anomena B l'haplogrup que conté l'al·lel derivat de l'SNP M60. En un següent nivell, utilitzem xifres. Així, l'haplogrup B1 conté M60 i M236, i el B2 M60 i M182. A continuació, usem lletres majúscules: B2a conté M60, M182 i M150, i B2b conté M60, M182 i M112. Per a cada nivell successiu, alternem números i lletres en la nomenclatura.

Cada nou haplogrup apareix en un individu d'una població concreta i, amb el pas del temps, s'escamparà dins d'aquella població i en les poblacions veïnes. Per tant, diferents poblacions presenten una diferent composició d'haplogrups (o des d'un altre punt de vista, cada haplogrup presenta una distribució geogràfica concreta). Les diferències són notables entre continents o entre grans regions d'un continent, cosa que permet de reconstruir els fluxos migratoris. Així, donat que hi ha una diferència clara en la composició d'haplogrups entre l'Europa occidental i el Nord d'Àfrica, hom ha pogut quantificar l'aportació genètica de la conquesta musulmana de la Península Ibèrica (entre un 1 i un 20% segons les regions) (Adams et al.,

2008; Calafell, 2009). En altres estudis, hem constatat l'origen a l'Índia, el pas per l'Orient Mitjà i la barreja amb països dels gitanos ibèrics (Gusmão et al., 2008), o la diferent composició de llinatges patrilineals i matrilineals europeus, africans i nadius americans de la població de Cuba (Mendizabal et al., 2008). Més enllà d'aquests esdeveniments històrics relativament recents, l'anàlisi de la distribució espacial dels haplogrups i la seva anàlisi directament sobre restes humanes trobades en jaciments arqueològics ens permet atribuir a migracions prehistòriques (com l'avenç del Neolític) l'expansió d'alguns haplogrups.

Hi ha seccions de l'ADN que presenten una estructura particular: consten d'unitats d'un a sis nucleòtids (A, CA, CAG, GATA, TATGC, TGATAA, per exemple), repetides de cinc a cinquanta vegades. Són els anomenats microsatèl·lits o STRs (Short Tandem Repeats). El nombre de repeticions és variable entre individus, fins al punt que hi ha STRs amb més de 15 al·lels diferents en la població. Aquesta gran variabilitat és deguda a una alta taxa de mutació: en passar de pares a fills, la probabilitat que un STR perdi o guanyi una unitat és de prop d'un entre mil. Aquesta diversitat fa particularment útils els STRs, ja que un conjunt estàndard de 17 STRs del cromosoma dona combinacions (*haplotips*) gairebé específiques de cada família. Com que coneixem la taxa de mutació dels STRs, podem estimar el temps que ha calgut per a poder acumular les diferències observades entre parelles d'haplotips (amb un error força gran) o entre conjunts més grans d'haplotips (amb més precisió). Aquesta propietat és clau en l'estudi genètic dels cognoms, ja que permet d'esbrinar si els haplotips de dos o més individus portadors del mateix cognom poden ser descendents del mateix fundador d'un cognom. D'entrada, donada l'antiguitat dels SNPs, si dos homes que porten el mateix cognom presenten cromosomes Y d'haplogrups diferents, podem afirmar que no descendeixen del mateix fundador del cognom. En canvi, si pertanyen al mateix haplogrup i presenten haplotips prou semblants (és a dir, si el temps que cal per a acumular les diferències observades és més recent que l'establiment de l'herència sistemàtica dels cognoms), llavors estimarem que són descendents d'un mateix fundador del cognom. Viceversa, donat un conjunt d'homes del mateix cognom, podem comptar de quants fundadors diferents provenen. Cal remarcar el sentit biològic d'aquesta fundació del cognom, ja que els homes actuals poden ser descendents d'un avantpassat medieval que institueix el cognom, o de qualsevol dels homes els fills dels quals adopten el cognom via falsa paternitat, adopció, o transmissió del cognom matern.

Cognoms i cromosoma Y

L'estudi pioner i epònim del cognom Sykes (Sykes and Irven, 2000) va revelar una baixa diversitat d'haplotips del cromosoma Y entre portadors no emparentats del cognom i va permetre estimar la taxa de no-transmissió paterna del cognom (una mesura que engloba la falsa paternitat, l'adopció i la transmissió materna) a ~ 1,6% per generació. King i Jobling (2009a) van dur a terme un estudi molt més ampli, amb una mostra de 1.678 homes portadors d'un de 40 cognoms britànics. Van identificar el nombre d'haplotips diferents i el nombre de fundadors de cada cognom, i van trobar una correlació positiva (encara que feble) entre la freqüència d'un cognom i la seva diversitat genètica interna. Per tant, el polifiletisme (l'origen múltiple d'un cognom) és un factor que pot explicar l'abundància d'un cognom determinat (per exemple, es va trobar una diversitat genètica extrema en el cognom Smith), encara que aquesta correlació es va veure entelada per l'efecte de la deriva genètica, que pot afectar atzarosament la continuïtat de la línia paterna d'un dels fundadors del cognom. També van obtenir estimes temporals mínimes per a la fundació dels cognoms, que concordaven aproximadament amb el moment històric en què els cognoms es van establir a Gran Bretanya. Altres poblacions, però, van mostrar resultats diferents. A Irlanda, McEvoy i Bradley (2006) van trobar que alguns cognoms molt freqüents, com O'Sullivan i Ryan, mostraven un sol fundador, per la qual cosa van concloure que la freqüència d'aquests cognoms pot mostrar la influència de diferències en fecunditat produïdes pel poder social i el prestigi associats en el passat amb el cognom i els seus portadors. Per tant, el cromosoma Y hauria patit els efectes de la selecció natural causats no pel seu

propi contingut genètic, sinó per un marcador cultural, el cognom, lligat al cromosoma Y. Finalment, a la vall d'Oriente, Antioquia (Colòmbia), Bedoya et al. (2006) van mostrar que l'escassa diversitat de cognoms va lligada a uns pocs cromosomes Y fundadors procedents d'Espanya i Portugal.

En un estudi previ (Martínez-González et al., 2012), vam analitzar els cromosomes Y lligats als cognoms Colom i Colombo, amb l'objectiu de determinar si una anàlisi genètica de les restes de Cristòfor Colom podria aclarir els dubtes sobre l'origen geogràfic del descobridor. Vam trobar que els Colom catalans descendien majoritàriament de quatre fundadors i els Colom valencians d'uns altres quatre, mentre que més del 80% dels Colom balears compartien haplotips molt semblants en el cromosoma Y. Per contra, els Colombo italians presentaven cromosomes Y gairebé tan diversos com els de la població general, fet que es pot explicar en part perquè, des de l'Edat Mitjana, el Ospedale Maggiore de Milà donava el cognom Colombo als orfes que acollia.

Els cognoms catalans

Què és un cognom català? Un cognom és, de fet, una paraula, i un cognom català seria, doncs, una paraula catalana que designa un llinatge patril·lineal. No es refereix, per tant, als cognoms dels habitants de Catalunya, molts dels quals tenen els seus orígens a la resta d'Espanya, al Nord d'Àfrica o Sud-Amèrica. Ni se cenyeix estrictament a Catalunya, ja que en el conjunt dels territoris de parla catalana trobem cognoms lingüísticament catalans, siguin autòctons o importats des de Catalunya en la Reconquesta.

Amb la caiguda de l'imperi romà i la desaparició dels censos municipals va desaparèixer el nom múltiple d'origen romà i s'utilitzava generalment un nom únic i personal, segons el costum germànic. A partir dels segles IX i X apareixen una sèrie de sobrenoms que complementen el nom, recuperant el sentit original del *cognomen* romà (Moll, 1982). Era una pràctica corrent afegir el nom patern en genitiu amb la preposició *de*, a imitació del costum àrab. A partir del segle XI, la noblesa va començar a acompanyar el nom personal amb el topònim de les seves possessions territorials, i les classes populars van imitar la fórmula amb topònims genèrics (Vall, Puig, Coma,...) o topònims menors de vila, masia o país de procedència. La generalització d'alguns noms de pila (com Ramon, Guillem, Bernat, Pere, Arnau i Berenguer) (Moreu-Rey, 1993) implica una major necessitat d'individualització a través del *cognomen*, que, a partir del segle XIV, esdevé cognom hereditari. Amb el concili de la província eclesiàstica Tarraconense de 1555, s'estableix l'obligació de portar els llibres parroquials de baptismes i defuncions, i es fixa la grafia dels cognoms, encara que sovint amb múltiples variants ortogràfiques (Janer, Jané, Gené, Gener; Ferrer, Farré, Ferrés, Farrés ...). Els tipus més freqüents de cognoms en català es refereixen a accidents orogràfics (Riu, Vall, Coma, Serra, Puig, Pujol), característiques de l'hàbitat (Vila, Sala), boscos i arbres (Bosch, Alsina, Roure), oficis (Ferrer, Fuster, Sabater), patrònims (Andreu, Miquel, Mir, Miró), topònims (Cardona, Barceló, Balaguer), gentilicis (Llompart, Alemany, Guasch) i sobrenoms referits a l'aspecte físic (Roig, Ros).

En l'actualitat, l'Institut Nacional d'Estadística (www.ine.es) llista, per als residents a Espanya, 74.259 cognoms amb una freqüència més gran o igual a 20 en el primer cognom, que cobreixen el 95.5% de la població empadronada. A Catalunya (www.idescat.cat), 54.949 cognoms es troben amb una freqüència més gran o igual a 8 per a la suma dels dos cognoms, i 10.033 per sobre de 120. Entre els últims, 3.994 cognoms (portats per 1.848.486 persones, el 29,3%) són lingüísticament catalans. Existeixen nombrosos casos ambigus, com Costa, Torres, Duran o Vidal, que poden ser atribuïts al català o a altres llengües peninsulars. Hem utilitzat un criteri arbitrari per a la seva classificació: atès que Catalunya, Balears i València constitueixen aproximadament el 30% de la població espanyola, a efectes del nostre estudi considerem lingüísticament català un cognom lingüísticament ambigu si almenys el 60% dels seus portadors espanyols ha nascut en un dels tres territoris.

El nostre estudi pretén entendre la dinàmica de l'origen, sistematització i difusió dels cognoms catalans. Diversos indicis indiquen que aquesta dinàmica va ser diferent en els diferents territoris peninsulars. Rodríguez-Larralde et al. (2003) et al., a partir d'una mostra de 3.625.000 titulars espanyols de línies telefòniques, van caracteritzar la diversitat de cognoms i van trobar un gradient molt pronunciat des de Catalunya, Aragó, Euskadi i Navarra cap al sud i l'oest. De fet, per al conjunt d'Espanya, la diversitat de cognoms és clarament menor que en altres poblacions europees. Així, els deu cognoms més freqüents a Espanya (García, González, Rodríguez, Fernández, López, Martínez, Sánchez, Pérez, Gómez i Martín) sumen el 18,3% de la població total, mentre que aquesta fracció és el 10,5 % a Irlanda, 9,3% a Noruega, 5,9% a la Gran Bretanya, 3,9% a Alemanya, 3,7% a Holanda, 1,6% a França i 1,5% a Itàlia (King i Jobling, 2009b), mentre que els 10 cognoms catalans més freqüents (Vila, Vidal, Serra, Martí, Ferrer, Soler, Puig, Roca, Solé i Pujol) sumen el 8,2% dels portadors de cognoms catalans. La menor diversitat dels cognoms d'arrel castellana explica que, a Catalunya, els 25 cognoms més freqüents siguin lingüísticament castellans. Aquest mateix fenomen (el contacte entre poblacions de diferent diversitat de cognoms) explica que el primer cognom més freqüent a la Garrotxa sigui Singh, atesa la immigració índia. La comparació entre les llistes de cognoms catalans i espanyols ens pot donar una pista: mentre que els 10 cognoms espanyols més freqüents són tots antropònims, només dos dels cognoms catalans més freqüents ho són, trobant-se també referències a l'entorn físic o a l'hàbitat humà, o oficis. L'expansió dels antropònims com cognoms, unida a la freqüent transmissió horitzontal entre senyors i serfs, especialment en els territoris reconquerits, caracteritzarien una dinàmica particular del sistema de cognoms d'arrel castellana.

Un atlas genètic dels cognoms catalans

Des del setembre del 2011, i amb el suport de l'Institut d'Estudis Catalans, un grup d'investigadors de l'Institut de Biologia Evolutiva (CSIC-UPF), encapçalat per Jaume Bertranpetit, David Comas i jo mateix, estem portant a terme un projecte científic d'estudi genètic dels cognoms catalans. En aquest projecte, hem seleccionat 50 cognoms, i, per a cadascun d'ells, hem recollit mostres biològiques (saliva) de 50 homes portadors del cognom i no emparentats entre ells. Així, en un total de 2500 mostres, determinarem els haplotips de STRs i els haplogrups del cromosoma Y. Tota la informació sobre el projecte i el seu avenç es pot trobar a <http://cognoms.upf.edu>. Les qüestions que pretenem abordar mitjançant l'estudi genètic dels cognoms són les següents:

1. Quina relació hi ha entre polifiletisme i freqüència? Fins a quin punt la freqüència d'un cognom ve governada pel nombre de fundadors? Quin ha estat el paper de la deriva en esborrar aquesta possible correlació? Com en el cas irlandès, pot donar-se algun cas de selecció natural deguda al cognom? Per respondre a aquestes preguntes, hem escollit cognoms dins d'un rang de freqüències, i estratificats per tipus de cognom. Vegeu-ne la llista completa a <http://cognoms.upf.edu>. El genotipatge de SNPs i STR en el cromosoma Y permet caracteritzar la diversitat genètica associada a un cognom i identificar grups d'homes descendents d'un mateix avantpassat comú. A continuació, es pot estudiar la correlació d'aquests paràmetres amb les freqüències dels cognoms (disponibles a la web de l'Institut d'Estadística de Catalunya).

2. Amb quina freqüència el cromosoma Y i el cognom no s'hereten junts? Per als cognoms més rars, és d'esperar que presentin un origen únic, i que els cromosomes Y dels seus portadors que siguin incompatibles amb aquest origen (atès que pertanyin a un altre haplogrup, o els seus haplotips siguin massa diferents) poden ser atribuïts als factors anteriorment citats (adopció, falsa paternitat, transmissió materna del cognom), ocorreguts al llarg de la història del cognom. Usant aquest raonament, McEvoy i Bradley (2006) estimen aquesta taxa en un 1,6% per generació per a Irlanda.

3. Quin és l'origen dels cognoms balears i valencians? Els cognoms valencians o balears poden tenir un origen *in situ*, o haver estat importats des de Catalunya. En la nostra mostra, incloem cognoms especialment freqüents a València (Nàcher, Raga, Albert, Pitarch, Estruch, Alemany, Taberner, Ros, Adell) o a les Balears (Melis, Maymó, Salom, Cabot, Calafell, Pons, Moragues, Guasch, Cardona, Gual, Massot, Nadal, Alemany). La comparació amb els cromosomes Y en homes catalans portadors d'aquests cognoms permetrà establir connexions que poden reflectir migracions històriques. Així, en l'estudi dels Colom (Martínez-González et al., 2012), detectem portadors del haplotip majoritari a Balears en Coloms residents a Dènia i Cullera, zones repoblades amb mallorquins després de l'expulsió dels moriscos.

4. Eren germànics els fundadors de cognoms patronímics germànics? Molts cognoms catalans eren antics noms de pila, com Andreu, Miquel, Albert, Robert. Molts d'aquests cognoms patronímics són germànics, però altres són llatins o fan referència a personatges bíblics o a sants. Proposem comparar cinc patronímics germànics (Armengol, Ricart, Gual, Albert, Robert) aparellats per freqüència amb cinc patronímics (pre)llatins (Fortuny, Adell, Reixac, Oriol, Miquel) per esbrinar si els portadors de patronímics germànics eren ells mateixos d'origen germànic. Les diferències en freqüències d'haplogrups entre poblacions ibèriques i del centre d'Europa (Adams et al., 2008; Rosser et al., 2000) (vegeu-ne una revisió a http://www.eupedia.com/europe/origins_haplogroups_europe.shtml#Y-DNA) poden ser suficients per detectar aquest origen germànic.

5. Hi ha cognoms d'origen clarament àrab o hebreu. Eren nord-africans o jueus els seus fundadors? Lingüísticament, sembla clar l'origen àrab de cognoms com Gasull, Moragues, Nàcher o Melis, o hebreu de Maymó, Estruch, Salom i Massot (Moll, 1982). Donades les diferències notables en les freqüències dels haplogrups del cromosoma Y entre europeus, magribins i jueus sefardites (Adams et al., 2008), seria possible verificar si els fundadors d'aquests cognoms eren nord-africans o jueus. Donada la seva freqüència, hem inclòs en aquest apartat el cognom Vidal, l'origen hebreu del qual és discutible. Hem exclòs explícitament els cognoms xuetes mallorquins (Aguiló, Bonnín, Cortès, Fortesa / Forteza, Fuster, Martí, Miró, Picó, Pinya, Pomar, Segura, Tarongí, Valentí, Valleriola / Balleriola i Valls), l'origen dels quals en jueus conversos va ser demostrat genèticament per Picornell et al. (1997).

6. Podem comprovar l'origen geogràfic dels cognoms gentilicis? Les diferències en freqüències d'haplogrups ens poden permetre verificar si els fundadors del cognom Danès eren danesos, els de Alemany, alemanys, o els de Guasch, gascons. En altres casos (Navarro, Soriano, Llombart [= Llombard]), les diferències genètiques serien insuficients o inexistents. Cal remarcar que existeixen altres possibles etimologies per a aquests cognoms. Danés podria provenir de *deners* (=caps de decúria), o Alemany, com Arimany, del germànic Harimann (Moll, 1982).

Gens, cognoms i documents

Com hem vist, la genealogia genètica permet assenyalar si dos homes estan emparentats per línia paterna a partir de l'estudi dels seus cromosomes Y. En canvi, la recerca tradicional en genealogia es basa en seguir el rastre documental d'una cadena de parentiu. L'aproximació genètica permet obtenir resultats prou ràpids per a un conjunt relativament gran d'individus. De fet, l'empresa Family Tree DNA (www.ftdna.com) ofereix a grups de particulars amb el mateix cognom la possibilitat d'explorar els seus vincles i de trobar subgrups formats per descendents de diferents fundadors. L'aproximació documental és molt més lenta i requereix més esforç; pot presentar llacunes espacials i temporals, i potser incorre en biaixos socials: les classes benestants solen deixar un rastre documental més extens, sovint lligat a la propietat de la terra. Però la genealogia documental produeix resultats més acurats: permet resseguir qualsevol línia (i no només estrictament la paterna o materna) i documenta el parentiu social (sovint, més rellevant que el biològic), més enllà de canvis de cognom o falses paternitats.

Ambdues aproximacions, són, evidentment, complementàries. Hom pot pensar en múltiples exemples de col·laboració. Un estudi sistemàtic, més enllà de l'anècdota personal, podria permetre quantificar la transmissió del cognom matern en diferents èpoques i donar-nos un retrat de l'estabilitat del sistema de transmissió del cognom. O, en el cas del nostre projecte, podria permetre validar alguns resultats. En alguns casos observats en l'estudi del cognom Colom, hi ha llinatges que presenten una clara distribució geogràfica, però amb alguns individus fora del que semblaria el lloc d'origen del cognom. Així, trobem un llinatge amb descendents originaris de Lleida, Agramunt, Juneda i Sant Cebrià de Rosselló. ¿Podríem trobar el camí documental que porta de la Catalunya Nord a les terres de Ponent i que refermés la validesa d'aquest llinatge inferit genèticament?

La paternitat s'escriu d'almenys tres maneres diferents: en el document públic que certifica davant la societat qui són els nostres pares, en el cognom que ens identifica i que ens marca com a membres d'una nissaga, i en els gens, que passem íntimament de pares a fills. Saber llegir tots tres llenguatges ens farà recórrer els múltiples viarans personals que conformen la història d'un poble.

Bibliografia

- Adams SM, Bosch E, Balaesque PL, Ballereau SJ, Lee AC, Arroyo E, Lopez-Parra AM, Aler M, Grifo MS, Brion M, Carracedo A, Lavinha J, Martínez-Jarreta B, Quintana-Murci L, Picornell A, Ramon M, Skorecki K, Behar DM, Calafell F, and Jobling MA (2008) The genetic legacy of religious diversity i intolerance: paternal lineages of Christians, Jews, and Muslims in the Iberian Peninsula. *Am J Hum Genet* 83:725-736.
- Anderson KG (2006) How Well Does Paternity Confidence Match Actual Paternity? Evidence from Worldwide Nonpaternity Rates. *Current Anthropology* 47:513-520.
- Barrai I, Rodriguez-Larralde A, Manni F, Ruggiero V, Tartari D, and Scapoli C (2004) Isolation by language i distance in Belgium. *Ann Hum Genet* 68:1-16.
- Bedoya G, Montoya P, Garcia J, Soto I, Bourgeois S, Carvajal L, Labuda D, Alvarez V, Ospina J, Hedrick PW, i Ruiz-Linares A (2006) Admixture dynamics in Hispanics: a shift in the nuclear genetic ancestry of a South American population isolate. *Proc Natl Acad Sci U S A* 103:7234-9.
- Calafell F (2009) El llegat genètic de la conquesta musulmana i de la diàspora morisca. *Afers* 62/63:201-214.
- Crow JE, i Mange AP (1965) Measurement of inbreeding from the frequency of marriages between persons of the same surname. *Eugen Q* 12:199-203.
- Gusmao A, Gusmao L, Gomes V, Alves C, Calafell F, Amorim A, i Prata MJ (2008) A perspective on the history of the Iberian gypsies provided by phylogeographic analysis of Y-chromosome lineages. *Ann Hum Genet* 72:215-27.
- King TE, i Jobling MA (2009a) Founders, drift, and infidelity: the relationship between Y chromosome diversity and patrilineal surnames. *Mol Biol Evol* 26:1093-102.
- King TE, i Jobling MA (2009b) What's in a name? Y chromosomes, surnames and the genetic genealogy revolution. *Trends Genet* 25:351-60.
- Manni F, Toupance B, Sabbagh A, i Heyer E (2005) New method for surname studies of ancient patrilineal population structures, and possible application to improvement of Y-chromosome sampling. *Am J Phys Anthropol* 126:214-28.
- Martínez-González LJ, Martínez-Espín E, Álvarez JC, Albardaner F, Rickards O, Martínez-Labarga C, Calafell F, i Lorente JA (2012) Surname and Y chromosome in Southern Europe: a case study with Colom/Colombo. *Eur J Hum Genet* 20:211-6.
- McEvoy B, i Bradley DG (2006) Y-chromosomes and the extent of patrilineal ancestry in Irish surnames. *Hum Genet* 119:212-9.

- Mendizabal I, Sandoval K, Berniell-Lee G, Calafell F, Salas A, Martinez-Fuentes A, i Comas D (2008) Genetic origin, admixture, and asymmetry in maternal and paternal human lineages in Cuba. *BMC Evol Biol* 8:213.
- Moll FdB (1982) *Els llinatges catalans*. Mallorca: Ed. Moll.
- Moreu-Rey E (1993) *Antroponímia: història dels nostres prenomes, cognoms i renoms*. Barcelona: Edicions Universitat de Barcelona.
- Relethford JH (1988) Estimation of kinship and genetic distance from surnames. *Hum Biol* 60:475-92.
- Rodriguez-Larralde A, Gonzales-Martin A, Scapoli C, i Barrai I (2003) The names of Spain: a study of the isonymy structure of Spain. *Am J Phys Anthropol* 121:280-92.
- Rosser ZH, Zerjal T, Hurles ME, Adojaan M, Alavantic D, Amorim A, Amos W, Armenteros M, Arroyo E, Barbujani G, Beckman G, Beckman L, Bertranpetit J, Bosch E, Bradley DG, Brede G, Cooper G, Côte-Real HBSM, de Knijff P, Decorte R, Dubrova YE, Evgrafov OV, Gilissen A, Glisic S, Gölge M, Hill EW, Jeziorowska A, Kalaydjieva L, Kayser M, Kivisild T, Kravchenko SA, Krumina A, Kucinskas V, Lavinha J, Livshits LA, Malaspina P, Maria S, McElreavey K, Meitinger TA, Mikelsaar AV, Mitchell RJ, Nafa K, Nicholson J, Nørby S, Pandya A, Parik J, Patsalis PC, Pereira L, Peterlin B, Pielberg G, Prata MJ, Previderé C, Roewer L, Rootsi S, Rubinsztein DC, Saillard J, Santos FR, Stefanescu G, Sykes B, Tolun A, Vilems R, Tyler-Smith C, i Jobling MA (2000) Y-chromosomal diversity in Europe is clinal and influenced primarily by geography, rather than by language. *American Journal of Human Genetics* 67:1526-1543.
- Sykes B, i Irven C (2000) Surnames and the Y chromosome. *American Journal of Human Genetics* 66:1417-1419.