



Figura tomada de http://en.wikipedia.org/wiki/Jefferson-Hemings_controversy#/media/File:Cock_ca1804_attrib_to_JamesAkin_AmericanAntiquarianSociety.png.

Los hijos del lechero

Queletzú Aspra Polo

Una de las bromas entre mis hermanos y yo siempre fue que uno de nosotros, no diré quién, era hijo del lechero, seguramente algún lector también ha escuchado eso en esas gloriosas reuniones familiares, pero en 2005 se prendieron los focos rojos y los teléfonos empezaron a sonar. Ese año se publicó un artículo de la Universidad de Liverpool que condensó los resultados de 40 estudios alrededor del mundo sobre discrepancia de paternidad. Esto es, sobre aquellos que no son hijos de quien dice ser su padre y el resultado tiene un rango de certeza que va de 3.7 a 26 %. Claro que cualquiera se sobresalta al pensar que uno de cada cuatro ¡es del lechero! y podría ser yo ¡o tú! Sin embargo, algo que nos podría

tranquilizar es que ese porcentaje es el más frecuente cuando se hacen estudios de ADN o de grupos sanguíneos o cuando hay una disputa legal sobre la paternidad; es decir la muestra está sesgada (ver “El principio antrópico, un problema de ajuste fino”, en *Cienciorama*). Por el contrario, cuando los estudios se hacen por motivos que no tienen nada que ver con disputas legales sobre paternidad, el porcentaje es alrededor del 3.7%. Así que podemos quedar tranquilos con nuestros queridos y conocidos padres.

El Y delator

Las pruebas de paternidad se hacen estimando los STR repetidos en tándem (STR, por sus siglas en inglés,) con *kits* comerciales (ver “[La era de los experimentos elegantes](#)” en *Cienciorama*). En México las pruebas de paternidad oficiales deben ser ordenadas por un juez y deben realizarse con medidas de seguridad como citar al individuo en un laboratorio previamente determinado para la toma de muestras por parte de personal especializado. Los STR existen en los 46 cromosomas que tenemos, incluyendo los sexuales, X y Y. El cromosoma Y se utiliza para establecer linajes --familia de ascendencia o descendencia-- paternos porque el padre es el único que puede transmitir un cromosoma Y a su descendencia. Piensa esto: tu cromosoma Y es el mismo que el de tu padre y tus hermanos varones. Comparando secuencias STR del cromosoma Y podemos establecer si un varón es hijo de otro si las secuencias son iguales, aunque podría haber mutaciones se puede averiguar con cierta certeza si están emparentados.

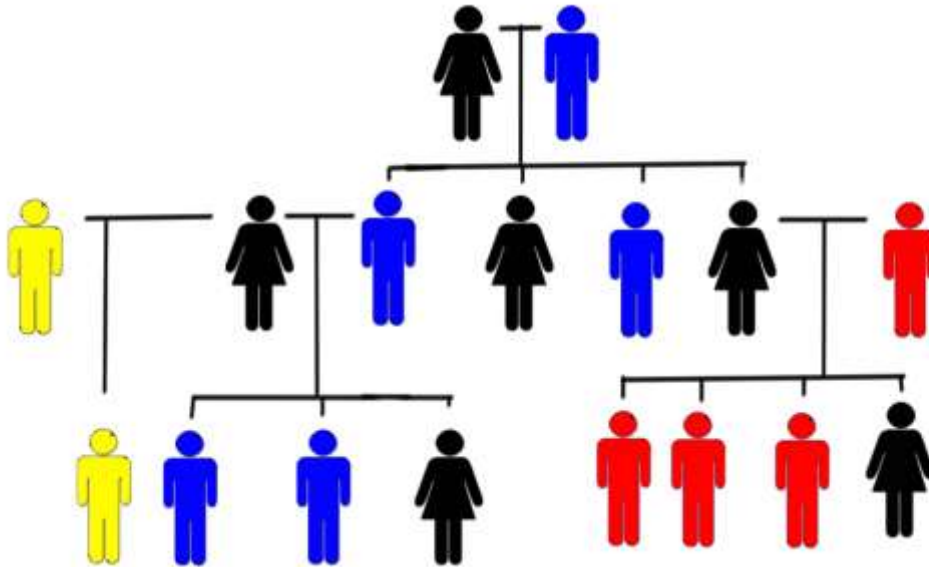


Figura 1. La figura muestra individuos varones con distintos cromosomas Y representados con colores diferentes. Dado que sólo los varones tienen cromosoma Y, son ellos quienes lo transmiten. Por ejemplo en la parte izquierda de la figura vemos que los hijos de diferentes padres tendrán diferentes secuencias (colores) en el cromosoma Y.

¡Hijo de Gengis Khan!

Espero no haber desatado sospechas desagradables, pero los análisis actuales de ADN confirman que hay de lecheros a lecheros. En 2003 un grupo de investigadores de universidades de China, Mongolia, Italia, Inglaterra y Uzbekistán identificaron más de 32 secuencias en el cromosoma Y en 2,123 hombres asiáticos, con muestras provenientes de los países que mencioné, y descubrieron que 8% de la población masculina podría descender de Gengis Khan. ¿Cómo lo descubrieron?: analizando microsatélites (ver [Los desaparecidos nos faltan a todos](#), en *Cienciorama*) que son secuencias de dos hasta una docena de nucleótidos que se repiten. Dieciséis de las secuencias que analizaron fueron microsatélites, los otros 16 fueron polimorfismos de un solo nucleótido (SNP, por sus siglas en inglés) o cambios en un solo nucleótido en secuencias que codifican para proteínas (ver “[El Proyecto HapMap en contexto](#)” en *Cienciorama*). Cada microsatélite tiene un nombre y una

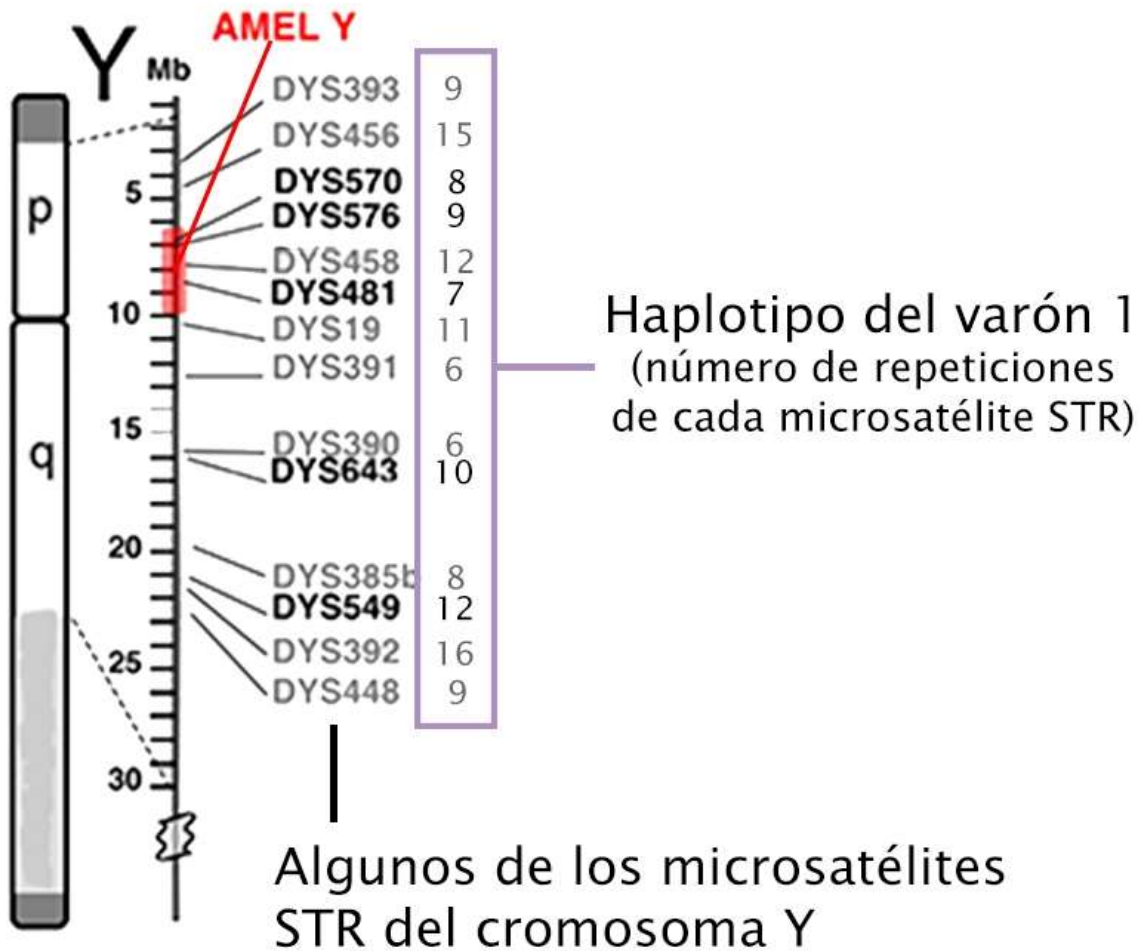


Figura 3. Los números de repeticiones de cada microsatélites STR componen el haplotipo, del varón 1. AMELY en rojo, que es el gen de la amelogenina, se utiliza para determinar si la muestra proviene de un hombre o mujer en los *kits* comerciales.

Estos patrones se pueden identificar con *kits* y se pueden obtener de una muestra representativa de una población, como lo hicieron los investigadores que estudiaron hombres asiáticos y que descubrieron que había un haplotipo que encontraban frecuentemente en esas las poblaciones que estudiaban. Por azar era difícil que existiera esa combinación, por lo que asumieron que las poblaciones en las que se encontró dicho haplotipo descienden de una población común ancestral en la que éste se encontraba en alta frecuencia. Calculando la tasa de mutación de cada uno de estos microsatélites y usando como referencia

los haplotipos relacionados dedujeron que el haplotipo más frecuente existió con alta frecuencia hace mil años. Y da la casualidad de que fue la época en la que Genghis Khan y sus familiares varones vivieron: 1162-1227. A la muerte de Genghis Khan el imperio mongol ocupaba el territorio que en el mapa se ve en rojo y concuerda con la distribución de los hombres que actualmente tienen el haplotipo en el cromosoma Y atribuible a Genghis Khan, desde China a Uzbekistán. Este estudio estima que la población masculina que lleva tal haplotipo es de aproximadamente 8% ¡y representa ¡el 0.5% de la población masculina mundial!

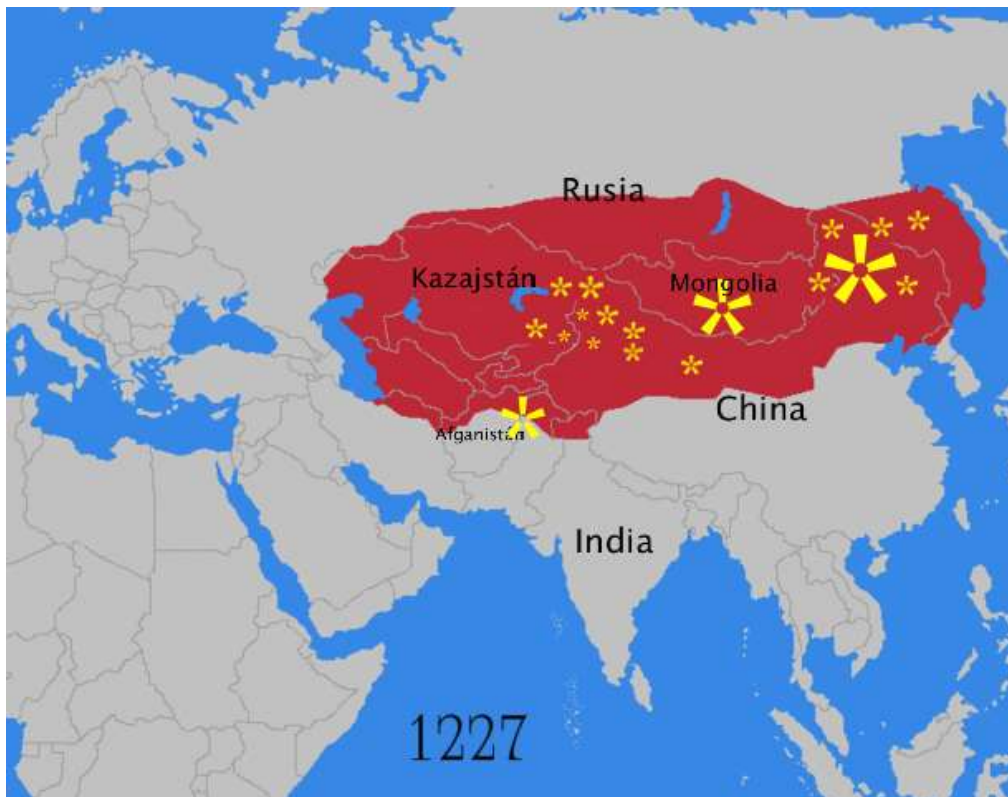


Figura 4. En rojo se muestra la extensión del imperio mongol en 1227, el año de la muerte de Genghis Khan. Los asteriscos amarillos representan la proporción de hombres que llevan el haplotipo atribuible a Genghis Khan en cada muestra de población muestreada. En Mongolia y el norte de China es donde la proporción ronda el 25%.

Los 15 sementales

En la población asiática se han hecho varios estudios sobre linajes paternos. En 2015 un equipo de investigadores de la Universidad de Toulouse, Francia, y de Leicester, Inglaterra, publicó un hallazgo interesante a partir del muestreo de más de 5 mil hombres de 127 poblaciones distintas de Asia y encontró 15 haplotipos frecuentes, aparte del de Gengis Khan, en el 37% de su población. Estos haplotipos frecuentes muestran diferentes características, algunos se originaron en los años 2100 a.C. y pertenecen a regiones que se sabe que subsistían de la agricultura, y otros se originaron entre los 300 y 1000 años d.C. un periodo en que el modo de subsistencia de los grupos nómadas era el pastoreo. Cuando existe un haplotipo del cromosoma Y muy frecuente en una población, se infiere que proviene de uno o unos cuantos varones emparentados que tuvieron un éxito reproductivo que apabullaría a cualquier semental. No perdamos de vista que en la especie humana el éxito reproductivo tiene que ver con factores culturales que permiten a ciertos hombres tener mayor fertilidad intramarital, menor mortalidad en los hijos y/o mayor número de parejas, por ejemplo los integrantes de la dinastía Qing recibían 11 kg de plata y 22 mil litros de arroz al año, lo que les facilitaba mantener muchas concubinas y alimentar y mantener saludable a toda su descendencia.

La familia real

El de Gengis Khan no es el único caso de un lechero prolífico en la historia de la humanidad y esto pasa hasta en las mejores y reales familias. En agosto de 2014 se publicaron los resultados que investigadores de la Universidad de Leicester realizaron en los restos de Ricardo III de Inglaterra, último monarca de la Casa de York. Los investigadores británicos compararon secuencias del cromosoma Y entre los restos conocidos de Ricardo III y las muestras que descendientes de Eduardo III, el tatarabuelo de Ricardo III, donaron --flechas azules--. Y ¡oh

sorpresa! se descubrió que las muestras de los descendientes del lado paterno no están genéticamente relacionadas con Ricardo III. Entre los donantes y Ricardo III hay 19 generaciones de separación --no todas están representadas en la figura 5-- y la falsa paternidad pudo haber ocurrido en cualquiera de ellas, por ejemplo donde está el asterisco rojo, el padre de *todas* las muestras. Pero hay una que produce más interés y está debajo del Conde de Somerset, John Beaufort, quien es ancestro de la familia real británica actual, lo que, como especulan algunas revistas del corazón, invalidaría la autenticidad de la realeza de la familia por algún desliz de la esposa del conde de Somerset.

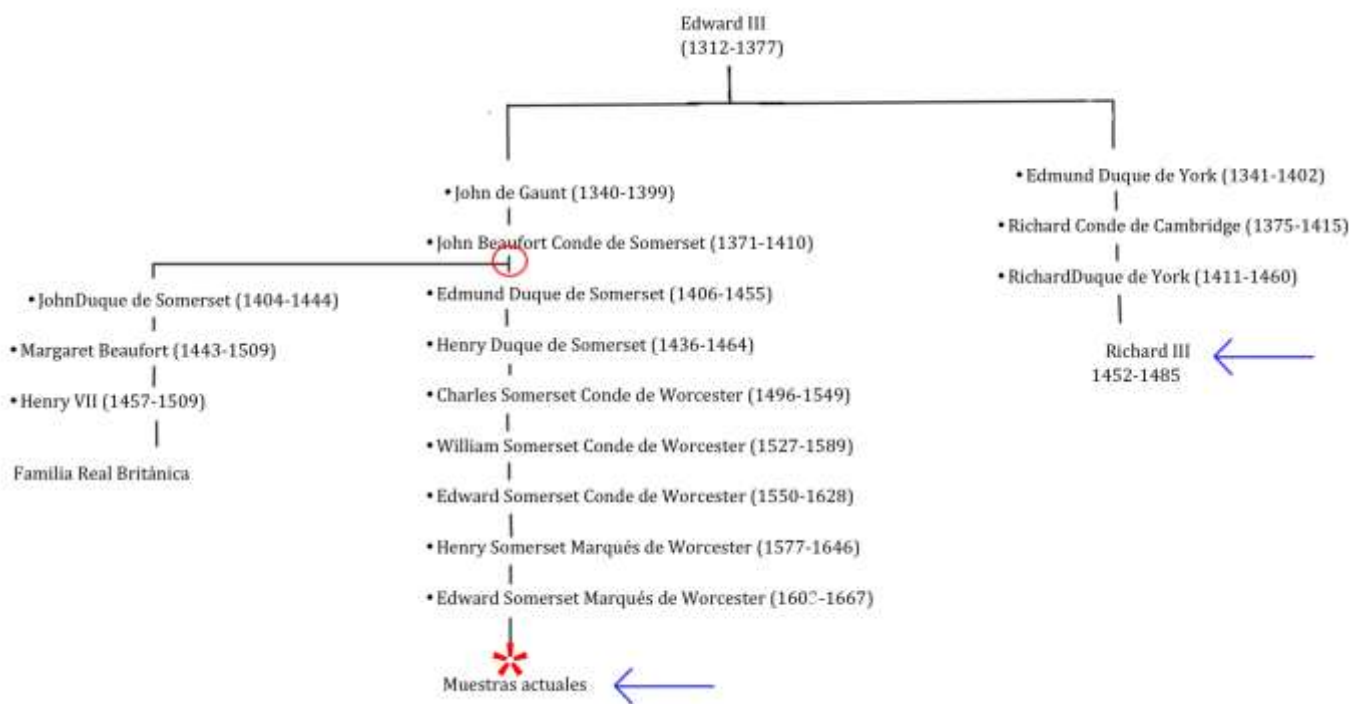


Figura 5. El árbol genealógico de Ricardo III. En rojo se señalan las posibles rupturas del linaje paterno.

El billete de 2 dólares

Thomas Jefferson fue uno de los autores de la declaración de independencia de los Estados Unidos de América y el tercer presidente de

aquel país, y se oponía a la esclavitud aunque mantuvo esclavos en su casa. Una de ellas, Sally Hemmings, convivió con Jefferson por 40 años. Hemmings tuvo varios hijos, y uno de ellos llamado Eston, era particularmente parecido a Thomas Jefferson. En 1998 un estudio llevado a cabo por Eugene A Foster en la Universidad de Virginia en EU, reveló que los descendientes varones de Eston tenían los mismos microsatélites marcadores que los familiares masculinos de Thomas Jefferson. Dado que Jefferson no tuvo hijos varones con su esposa Martha, se compararon las secuencias de los descendientes de su tío paterno Field Jefferson. Los autores del estudio concluyeron con el análisis de estos microsatélites que la opción más probable es que el padre de Eston Hemmings fue Thomas Jefferson. Así como los billetes de 2 dólares son muy raros, el haplotipo de los Jefferson también lo es, pero los detractores del estudio de Foster señalan que el padre de Eston pudo haber sido alguno de los primos lejanos de Thomas Jefferson que llevaba el mismo cromosoma Y.

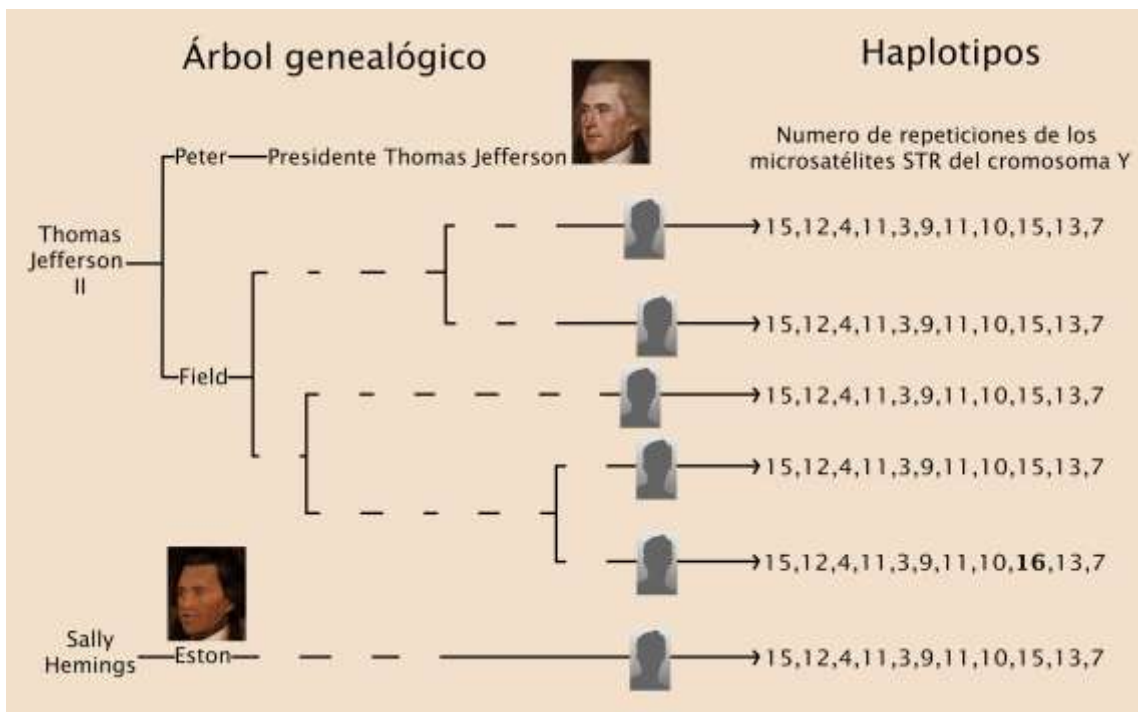


Figura 6. Árbol genealógico de los Jefferson y los haplotipos de los donantes de muestras que hicieron posible la comparación entre Eston Hemings y los Jeffersons. Tomada y modificada de Foster *et al* 1998.

Establecer linajes paternos con el cromosoma Y nos puede dar una idea de cómo se conformaban los grupos humanos y el movimiento de los mismos. Aunque puede desatar controversias que impliquen personajes históricos, siempre es importante reconocer la labor de los lecheros.

¡Feliz día del padre!

Bibliografía especializada

- 1) Bellis MA, Hughes K, Hughes S, Ashton JR., “Measuring paternal discrepancy and its public health consequences“, *J Epidemiol Community Health*, sep. 2005;59(9):749-54.
- 2) Foster EA, Jobling MA, Taylor PG, Donnelly P, de Knijff P, Mieremet R, Zerjal T, Tyler-Smith C., “Jefferson fathered slave's last child“, *Nature*. nov. 1998, 5;396 (6706):27-8.
- 3) Balaesque P, Poulet N, Cussat-Blanc S, Gerard P, Quintana-Murci L, Heyer E, Jobling MA.,” Y-chromosome descent clusters and male differential reproductive success: young lineage expansions dominate Asian pastoral nomadic populations“, *Eur J Hum Gene*, enero 2015, 14
- 4) King TE, Fortes GG, Balaesque P, Thomas MG, Balding D, Maisano Delsler P, Neumann R, Parson W, Knapp M, Walsh S, Tonasso L, Holt J, Kayser M, Appleby J, Forster P, Ekserdjian D, Hofreiter M, Schürer K.,” Identification of the remains of King Richard III“, *Nat Commun*. dic. 2014: 2;5:5631.
- 5) Zerjal T, Xue Y, Bertorelle G, Wells RS, Bao W, Zhu S, Qamar R, Ayub Q, Mohyuddin A, Fu S, Li P, Yuldasheva N, Ruzibakiev R, Xu J, Shu Q, Du R, Yang H, Hurles ME, Robinson E, Gerelsaikhan T, Dashnyam B, Mehdi SQ, Tyler-Smith C. “The genetic legacy of the Mongols“, *Am J Hum Genet*. mar. 2003.; 72(3):717-21.