

MUNIBE (Antropología y Arqueología)	Suplemento N.º6	289-294	SAN SEBASTIAN	1988	ISSN 0027 - 3414
-------------------------------------	-----------------	---------	---------------	------	------------------

Diversas aproximaciones a la estima de la consanguinidad de una población. El caso del valle de Salazar (Navarra).

D.I. TOJA *
L. PALACIOS-ARAUS *
C. GARCIA-MORO *

PALABRAS CLAVE. Pirineo Navarro, Consanguinidad, Dispensas, Isonimia, Migraciones.

RESUMEN

En este estudio se contrastan diversos métodos para la estima de los niveles de consanguinidad de la población del Valle de Salazar (Navarra) en los tres últimos siglos. Los métodos utilizados son: la estima de la consanguinidad a partir de las dispensas eclesiásticas, a partir de la isonimia, y en función de los datos de migración. Los resultados indican que: 1) La evolución de los niveles de consanguinidad calculados por los diversos métodos es casi paralela, aunque haya un desfase en los datos calculados a partir de la migración. 2) A pesar de lo anterior, los valores deducidos por cada método son claramente distintos, siendo los menores los obtenidos de las dispensas, aunque estas diferencias son menores que las encontradas en la mayoría de las poblaciones. 3) La consanguinidad acumulada en función de la migración alcanza valores muy altos, lo que indica la existencia de un lastre consanguíneo en la población difícil de identificar por estudios puntuales. 4) Para los dos primeros siglos estudiados los niveles de consanguinidad hallados por cualquier método son menores de lo que cabría esperar en función del tamaño de la población (por deriva), este hecho parece deberse a una actitud de rechazo de la población hacia los matrimonios consanguíneos, actitud común entre las poblaciones católicas europeas de la época.

SUMMARY

Three different methods for the estimation of the inbreeding levels in the population of Salazar Valley (Navarre, Spain) during the three last Centuries are contrasted in this paper. These methods are: the calculation of coefficient a from ecclesiastical dispensations; the calculation of F from isonimy; and the calculation of the cumulated F due to migrations. The main conclusions of the study are: 1) The evolution of inbreeding levels estimated from three ways is enough parallel. 2) However, the values obtained from each way differ between them, although the differences are the littlest found in any population 3) The inbreeding coefficient due to population size (by genetic drift) is clearly greater than those three until the last century, what means a change in the attitude in front of consanguineous marriages.

El estudio de la consanguinidad de las poblaciones humanas puede abordarse de muy diferentes maneras, si bien, en general, suele concretarse en la obtención de un valor o valores que indiquen la incidencia de la consanguinidad en una población y momento determinados, con el fin de deducir de tales valores la repercusión genética de la reproducción de individuos emparentados entre sí. En este trabajo se presentan los resultados del cálculo de algunos de estos valores en la población del Valle de Salazar (Navarra).

El Valle de Salazar es una comarca situada en el NE de Navarra, en la cuenca alta del río del mismo nombre, tributario del Irati. Es una comarca pirenaica, rodeada de montañas que alcanzan los 2.000 m. de altitud, con la población repartida en 16 núcleos que se distribuyen, generalmente a lo largo del río, entre los 650 y los 950 m. de altitud. La

población, que alcanzó un tamaño máximo de unos 4.400 habitantes en el siglo pasado, no alcanza en la actualidad los 2.000. La economía se basa en la agricultura, ganadería y explotación forestal, aunque en el pasado tuvo una importancia casi única el pastoreo en régimen trashumante. La comarca está dotada de un cierto grado de autonomía administrativa, y gran parte de las tierras son de propiedad comunal.

Los registros parroquiales del Salazar están bastante completos, y han permitido estudiar la estructura matrimonial desde comienzos del S. XVII (Toja, 1987). Sin embargo, dado que los datos de migración son bastante fragmentarios en la primeras épocas, en este estudio se utilizarán sólo los datos a partir del año 1676 hasta la actualidad. Todos los datos utilizados provienen de dichos registros, pues los archivos de la Archidiócesis de Pamplona apenas conservan expedientes matrimoniales. Los datos se han tomado por períodos de 25 años, que en los cuadros y figuras se representan por las tres últimas cifras de su año inicial. Entre 1676 y 1982 se han registrado 7.594 matrimonios, de los que 489 tenían

* Laboratorio de Antropología. Facultad de Biología
Universidad de Barcelona
Diagonal, 645 - 08028 BARCELONA (España)

mención de haber sido dispensados de parentescos consanguíneos. En realidad estos 489 matrimonios habrían recibido 533 dispensas: concretamente 36 de ellos tenían dispensa doble y 4 triple.

Los matrimonios consanguíneos salacencos no son especialmente numerosos, pues otras poblaciones pirenaicas (VALLS, 1983; PALACIOS-ARAUS, 1986) presentan porcentajes claramente superiores. Pero la frecuencia de consanguíneos no es tampoco de las menores. La distribución temporal y espacial de las dispensas de consanguinidad es bastante variable. En cuanto a su distribución espacial, no se ha encontrado ninguna relación significativa entre su frecuencia y cualesquiera parámetros geográficos o demográficos. Por esta razón, en este estudio nos concentramos en el análisis de la evolución temporal de los niveles de consanguinidad.

El estudio de los niveles de consanguinidad se ha hecho mediante el coeficiente a de Bernstein. La evolución que muestran los valores del coeficiente sigue el modelo más frecuente en las poblaciones católicas europeas, es decir, una fase de bajos valores con un aumento muy gradual hasta el tercer cuarto del Siglo XIX, seguida por una fase de aumento espectacular hasta principios del presente siglo, y una fase final de disminución, que, en el caso salacenco, resulta también muy brusca (Figura 1A).

La explicación de esta evolución se centra en la combinación de dos factores: por un lado, la saturación demográfica de la comarca, y por otro, un aumento de la permisividad eclesial hacia los enlaces consanguíneos, particularmente los que implican un parentesco más próximo. No es claro como actúa el primer factor, pero es, indudablemente, el único factor ambiental con el que se puede ligar la evolución de los coeficientes de consanguinidad, no sólo en el Salazar, sino en otras poblaciones comparables (PETTENER, 1985; TOJA et al., 1986; etc.). El caso es que, coincidiendo con el máximo auge de la población se da en la comarca un cambio de actitud hacia los matrimonios entre parientes. El segundo factor es de una influencia muy clara, puesto que la mayor parte del aumento de la consanguinidad se debe a la contribución de los matrimonios de consanguinidad cercana, particularmente los realizados entre primos hermanos. La existencia de una mayor permisividad se evidencia, entre otros detalles, por la mayor rapidez en la tramitación de los expedientes (TOJA, 1987), pero hay que poner de relieve que este factor de nada habría servido sin el cambio de actitud de la población hacia los matrimonios consanguíneos.

La consanguinidad medida mediante el coeficiente a (consanguinidad aparente), presenta el grave inconveniente de estar limitada a unos pocos parentescos, los más cercanos. Por ello, se han hecho intentos de evaluar la consanguinidad lejana, es de-

cir, aquella implicada por parentescos más lejanos que el de primos terceros. Estos parentescos, si bien presentarían una consanguinidad específica muy baja, serían extraordinariamente numerosos en las poblaciones de tipo «isolate», es decir, de tamaño limitado y escasa renovación génica por efecto de la migración. Quizá el método más adecuado para la estima de la consanguinidad incluyendo la lejana sea el isonímico, basado en la paralelismo del comportamiento hereditario de genes y apellidos (CROW y MANGE, 1965).

Las características de las distribuciones de apellidos del Salazar pueden considerarse buenas por la aplicación del método isonímico de estima del coeficiente de consanguinidad, pues soslayan con bastante holgura las condiciones limitantes de dicho método (polifiletismo, mutaciones de apellidos, etc.). Además, al estar dentro del ámbito de las poblaciones en que constan dos apellidos por persona, la adecuación para este tipo de estudios aumenta. La metodología cuyos resultados se indican en este estudio es la adecuada a tal tipo de poblaciones (BERTANPETIT, 1981; BERTANPETIT y TORREJON, 1983).

Al hacer el cálculo correspondiente, las isonimias esperadas superan a las observadas con poquísimas excepciones. Así, al considerar la evolución temporal, se aprecia que las esperadas superan a las observadas en todos los períodos salvo en los finales. Este es un indicio de que la población salacenca ha mantenido, por lo menos en gran parte de su historia, una actitud reticente a los matrimonios isónimos, y, por ende, a los consanguíneos.

La estima del valor de F que se utiliza es el promedio de los coeficientes correspondientes a los cuatro tipos cruzados de isonimia. Este valor evoluciona de un modo paralelo a los valores de a (Figura 1B). Esta evolución depende, en última instancia, de las oscilaciones de uno de los componentes de F , concretamente F_n , puesto que el otro, $F_{n'}$, muestra una evolución muy regular, indicando una estabilidad bastante grande de las distribuciones de apellidos salacencos a lo largo del tiempo. El hecho de que F_n presente valores negativos durante gran parte del período estudiado, corrobora la tesis de una actitud contraria a los matrimonios isónimos durante esos períodos.

La relación entre los valores de F y los de α es clara, si bien, como sucede en la mayor parte de las poblaciones, F es siempre considerablemente mayor que α ($\alpha/F = 0.47$). Pero las diferencias entre los valores de ambas estimas de la consanguinidad son, en el caso del Salazar, de las menores que se pueden encontrar. En las poblaciones españolas estudiadas sólo otras dos, también pirenaicas (TOJA et al. 1986; PALACIOS-ARAUS, 1986), presentan mayores cocientes α/F , y no mucho mayores. Si se tiene en

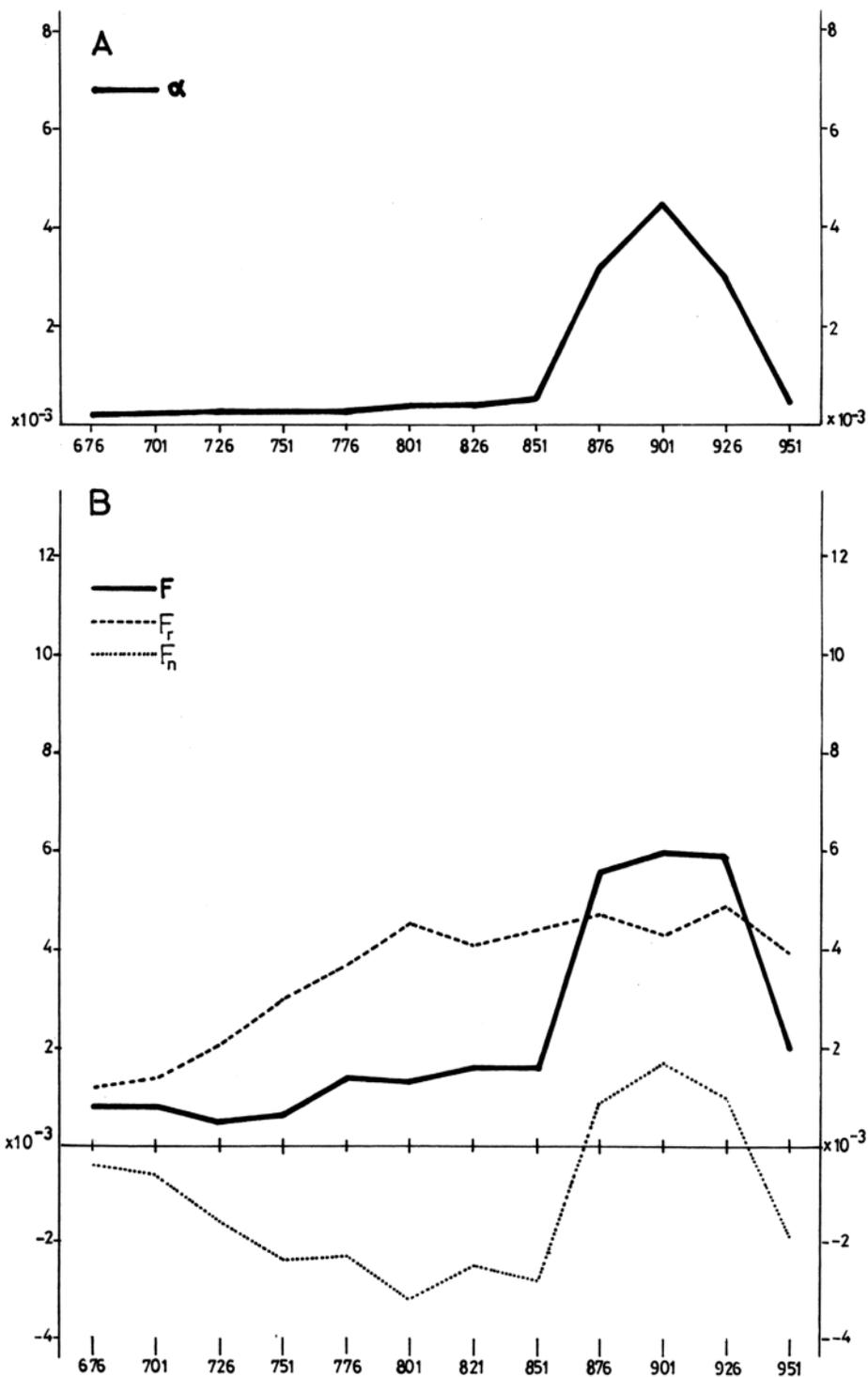


Figura 1. Evolución de los coeficientes de consanguinidad aparente (A) y por isonimia (B) en la población del Valle de Salazar.

cuenta que estas poblaciones han sido estudiadas sólo durante el Siglo XX y se hace el cálculo correspondiente para el Salazar, se obtienen resultados comparables a los de aquéllos ($\alpha/F = 0.57$ durante el último siglo), y superiores a los de cualquier otra población citada en la literatura. Este aspecto, además de corroborar la adecuación de las distribuciones de apellidos salacencos para la aplicación del método refuerza también la idea de que isonímico, las poblaciones con dos apellidos por persona resultan favorables para este tipo de estudios.

El principal inconveniente de la estima de la consanguinidad a partir de las dispensas o de la isonimia es que en ambos casos se da una visión puntual del fenómeno de la consanguinidad, pues sólo se tiene en consideración a los matrimonios que en una generación o período determinado presentan una relación evidente. Sin embargo, es de esperar que en toda población existan matrimonios entre individuos emparentados no evidentemente, matrimonios cuya frecuencia relativa será tanto mayor cuanto más pequeña sea la población y menor su reno-

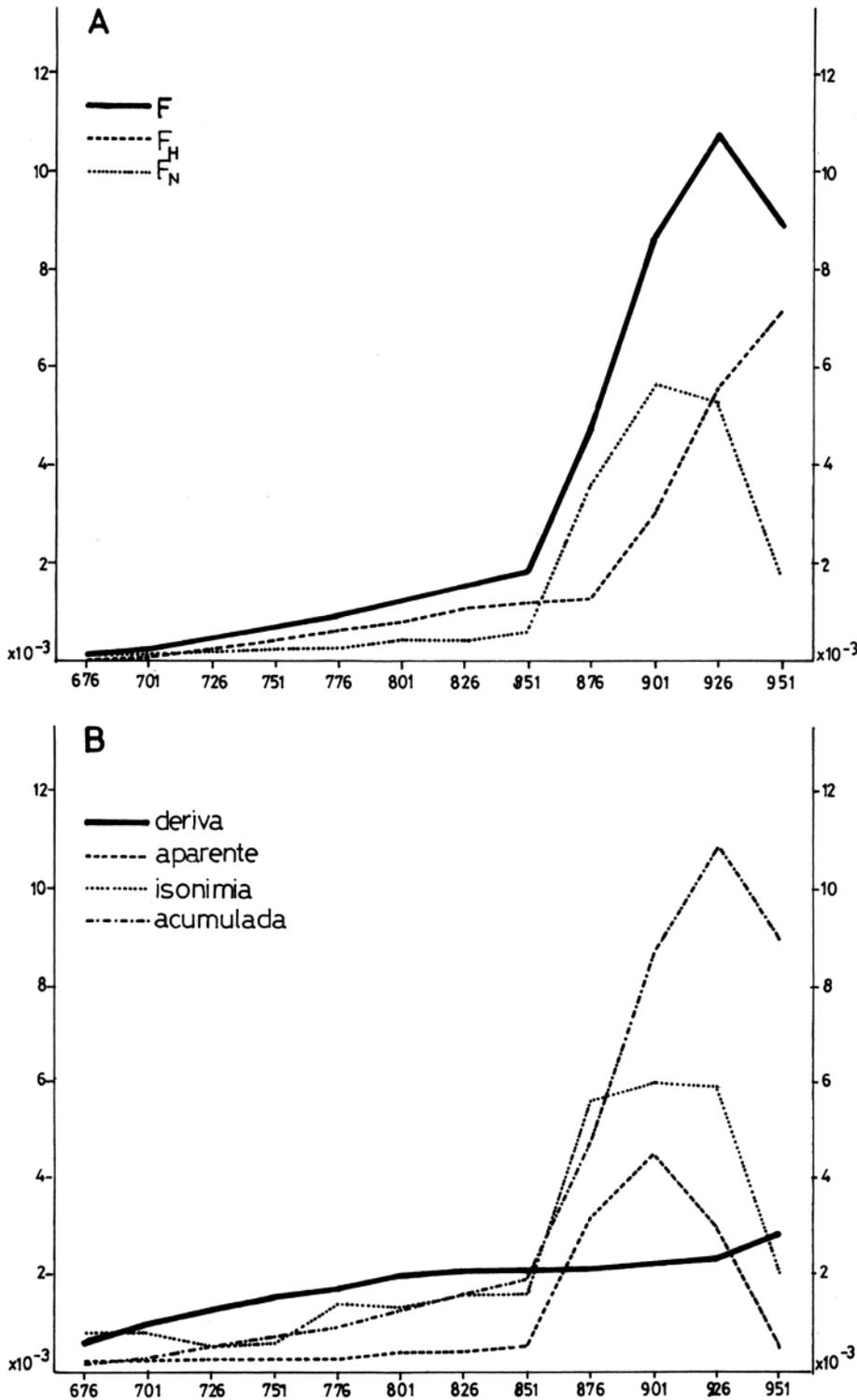


Figura 2. Evolución de los coeficientes de consanguinidad, de la población del Valle de Salazar: (A), acumulados en función de la migración. (B), comparación de los distintos métodos.

vación por inmigración (CAVALLI-SFORZA y BODMER, 1971). Al no ser evidente, esta consanguinidad no puede ser favorecida o rechazada, y se irá acumulando de generación en generación mientras la población se mantenga aislada. Así, se puede concebir el modelo de un sistema en el cual la variabilidad genética de la población se ve disminuida por la consanguinidad y aumentada por la inmigración. Este modelo, desarrollado por PALACIOS-ARAUS (1986), presupone la división de la población efectiva en tres subpoblaciones: la 1, constituida por los individuos

autóctonos sin parentesco evidente; la 2, formada por los individuos autóctonos con parentesco reconocido (en este caso, con dispensa); y la 3, formada por los individuos inmigrados. La consanguinidad de la población en una generación dada puede expresarse según la fórmula:

$$F_t = F_H + F_N = P_{sp1} F_{t-1} + P_{sp2} (F_{t-1} + (1 - F_{t-1})F_t^*)$$

donde P_{sp1} y P_{sp2} son las probabilidades de pertenecer a las poblaciones 1 y 2, F_{t-1} es la consanguinidad de la población total en la generación anterior

Tabla 1. Coeficiente de consanguinidad

PERIODO	APARENTE	POR ISONIMIA			ACUMULADA			POR DERIVA
	α	F_n	F_t	F	F_H	F_N	F	F
676	0.15	1.2	-0.4	0.8	--	0.12	0.12	0.56
701	0.14	1.4	-0.6	0.8	0.10	0.14	0.24	0.93
726	0.23	2.1	-1.6	0.5	0.27	0.24	0.51	1.28
751	0.25	3.0	-2.4	0.6	0.45	0.27	0.72	1.54
776	0.26	3.7	-2.3	1.4	0.63	0.28	0.91	1.74
801	0.41	4.5	-3.2	1.3	0.80	0.46	1.26	1.98
826	0.38	4.1	-2.5	1.6	1.08	0.43	1.51	2.07
851	90.54	4.4	-2.8	1.6	1.22	0.64	1.86	2.09
876	3.20	4.7	0.9	5.6	1.28	3.52	4.80	2.14
901	4.51	4.3	1.7	6.0	3.01	5.71	8.72	2.20
926	2.98	4.9	1.0	5.9	5.56	5.25	10.81	2.36
951	0.44	3.9	-1.9	2.0	7.14	1.79	8.93	2.86

Todos los coeficientes aparecen multiplicados por 1000

y F_t^* es la consanguinidad que aportan los parentescos reconocidos de esta generación. Esta fórmula, de un modo simplificado, puede explicarse diciendo que F_t es el resultado de la suma de la consanguinidad heredada de la generación anterior (F_H) y de la consanguinidad nueva (F_N). El modelo utiliza también otras simplificaciones, como suponer una duración de generación de 25 años, la inexistencia de solapamiento entre las generaciones y un valor cero para la consanguinidad de la población anterior a 1676.

Los resultados de la aplicación del método pueden apreciarse en la Figura 2A. Aun teniendo en cuenta las restricciones del modelo, estas estimas indican que la consanguinidad heredada de una a otra generación en la población es, cuando menos, tan importante como la aparente, y que sólo la rotura total del aislamiento ha podido impedir que la consanguinidad total de la población alcanzara valores exorbitantes. Sin embargo, la evolución de la consanguinidad acumulada es paralela, si bien lógicamente desfasada en una generación, a las de la consanguinidad aparente y de la estimada por isonimia.

Otro aspecto interesante de la evolución de la consanguinidad se ha abordado al calcular la consanguinidad por deriva, es decir, la consanguinidad esperable para la población en función exclusivamente de su tamaño (FALCONER, 1981). El resultado, contrastado con las evoluciones de la consanguinidad aparente, por isonimia y de la acumulada (Figura 2B) indica que, hasta mediados del Siglo XIX, la consanguinidad de la población era menor de la que justificaría su tamaño, para pasar rápidamente a superar este nivel. Este hecho corrobora fuertemente la hipótesis de que la población salacencina sufrió un cambio radical de su actitud hacia los enlaces consanguíneos en la época señalada, cambio de actitud que comparte con la mayoría de las poblaciones católicas europeas (TOJA, 1987), y del que hasta ahora no se encuentra explicación satisfactoria.

BIBLIOGRAFIA

BERTRANPETIT, J.
 1981. Medida de la consanguinidad a partir de la isonimia en poblaciones de dos apellidos por persona. *Revista Mexicana de Estudios Antropológicos XXVII(1)*: 307-313.

BERTRANPETIT, J.; TORREJON, J.
 1983. Implicaciones antropológicas del análisis de apellidos. *Actas del III Congreso Español de Antropología Biológica*, I: 14-22.

CAVALLI-SFORZA, L.L.; BODMER, W.F.
 1971. *The Genetics of Human Populations*. W.H. Freeman Co. San Francisco.

CROW, J.; MANGE, A.
 1965. Measurement of inbreeding from the frequency of marriages between persons of the same surnames. *Eugenics Quarterly*, 12: 199-203.

FALCONER, D.S.
 1981. *Introducción a la genética cuantitativa*. Continental. México.

PALACIOS-ARAUS, L.
 1986. *Consanguinidad en el Pirineo Aragonés Oriental (1573-1986)*. Tesina de Licenciatura. Universidad de Barcelona.

PETTENER, D.
 1985. Consanguineous marriages in the Upper Bologna Apennine (1565-1980); microgeographic variations, pedigree structure and correlation of inbreeding secular trend with changes in the population size. *Human Biology* 57: 267-288.

TOJA, D.I.
 1987. *Estructura matrimonial de las poblaciones de dos Valles pirenaicos*. Tesis Doctoral. Universidad de Barcelona.

TOJA, D.I.; PALACIOS-ARAUS, L.; GARCIA-MORO, C.; BERTRAN-PETIT, J.

1986. Análisis de la consanguinidad en el Pallars Sobirà (1854-1966). *Trabajos de Antropología* 20 (2): 239-266.

VALLS, A.

1983. Contribución al conocimiento de la consanguinidad en España. III: Antropogenética de la estructura matrimonial en una población pirenaica (Ansó, Huesca), 1712-1982. *Actas del III Congreso Español de Antropología Biológica*, I: 107-126.