

Informe compuesto de muestra — ejemplo ilustrativo

Ejemplo ilustrativo. Este informe combina datos reales de haplogrupos Y (linaje R-DF81 → R-Y13238 → R-BY202926) y datos reales de mtDNA (linaje H3c2 → H3c2a → H3c2a1) en un individuo hipotético. La persona compuesta es ficticia; los datos de haplogrupos, las estimaciones de edad de los linajes y la metodología son reales. Esto ilustra la profundidad del informe que Genetic History entrega cuando existe cobertura curada de YFull para el linaje de un cliente.

Este informe combina el análisis independiente del linaje paterno Y-ADN y el análisis del linaje materno de ADN mitocondrial. Cada sección a continuación — paterna y materna — constituye un informe completo e independiente por sí mismo; el mismo contenido se entregaría si un cliente solicitara solo un linaje. Ambas secciones tienen una lectura divulgativa (Parte 1) y una base científica con citas de artículos (Parte 2).

Parte 1 — Su linaje paterno: una historia a través de 4.500 años de historia ibérica

Su linaje paterno es una historia escrita en el cromosoma Y — un fragmento de ADN que se transmite casi sin cambios de padre a hijo, generación tras generación, a lo largo de miles de años. Rastrearlo hacia atrás en el tiempo es como pasar las páginas de un álbum familiar muy extenso, salvo que las fotografías son diminutas diferencias ortográficas de una sola letra en el ADN (denominadas SNP) y cada página abarca muchos siglos. Este informe le acompaña a lo largo de lo que sabemos sobre su linaje paterno, comenzando hace aproximadamente 4.500 años en la Península Ibérica y extendiéndose hasta la actualidad.

Los inicios de la Edad del Bronce (hace unos 4.500 años)

Hace aproximadamente 4.500 años — en el límite entre lo que los arqueólogos denominan Calcolítico y Edad del Bronce — el hombre que hoy identificamos como fundador de su rama del linaje R-Z195 vivía en algún lugar de Europa Occidental, muy probablemente en el noreste de la Península Ibérica (las actuales Aragón, Cataluña y Valencia). Formó parte de una ola de profundos cambios poblacionales. Estudios recientes de ADN antiguo han demostrado que en torno a esa época, poblaciones que portaban ascendencia procedente de las estepas de Europa Oriental — descendientes de comunidades pastoriles que apacentaban animales por vastas praderas abiertas — se extendieron por la Península Ibérica. En tan solo unos pocos siglos, habían reemplazado casi el 100 % de los linajes del cromosoma Y previamente presentes en la Península. El linaje Y que usted porta hoy en día forma parte de esta transformación.

Estos recién llegados aportaron nuevas tecnologías — cerámica decorada de estilo Campaniforme (Bell-Beaker), metalurgia avanzada, caballos — y una organización social en la que la línea masculina de herencia revestía gran importancia. Los arqueólogos que trabajan en yacimientos como El Argar en el sureste peninsular (activo desde alrededor del año 2200 a. C.) han descubierto enterramientos que conservan pedigríes paternos de cinco generaciones: padres, hijos, nietos, bisnietos y tataranietos depositados juntos en tumbas de élite. La sociedad era virilocal — esto es, las mujeres se trasladaban a vivir con las familias de sus maridos — y el linaje masculino permanecía estable a lo largo de las generaciones. El tipo de efecto fundador producido por esta estructura es exactamente el que hizo que su rama de R-Z195 se expandiera tan ampliamente por la Península Ibérica durante los siglos siguientes.

El Bronce Final y la Edad del Hierro (~3.400 a ~2.300 años atrás)

Hacia el año 1400 a. C., su linaje paterno se había estrechado hasta un fundador más reciente — el antepasado de todos los portadores de R-DF81. Sus descendientes se extendieron por la Península Ibérica durante el Bronce Final y entrando en la Edad del Hierro. Cuando llegamos al año 800 a. C., formaban parte del mundo celtibérico — un complejo cultural famoso por sus armas de hierro, sus poblados en altura y sus guerreros que más tarde resistirían a los ejércitos romanos. Los autores griegos y romanos recordarían a los celtiberos como algunos de los combatientes más feroces del Mediterráneo occidental.

Hacia el año 300 a. C., su linaje se había estrechado aún más, hasta el antepasado de R-Z2556. El mundo estaba a punto de cambiar de nuevo. La Segunda Guerra Púnica (218–201 a. C.) llevó a los ejércitos romanos a la Península Ibérica y, en menos de dos siglos — para el año 19 a. C. — Roma había conquistado la totalidad de la Península y la había reorganizado como la provincia de Hispania. Sus antepasados paternos eran ya súbditos romanos, pagaban impuestos en moneda romana, caminaban por calzadas romanas y (con el tiempo, cuando la ciudadanía romana se extendió por todo el imperio) servían en las legiones romanas.

La Hispania tardorromana y visigoda (~1.650 años atrás)

Alrededor del año 350 d. C. — durante el Imperio Romano tardío — su linaje se estrechó una vez más, dando lugar al fundador de R-Y13238. Esta es la era en la que el cristianismo se estaba convirtiendo en la religión dominante del Mediterráneo, en la que los ejércitos romanos en la frontera empezaban a reclutar aliados germánicos (conocidos como federados) y en la que las estructuras de la Antigüedad tardía estaban siendo lentamente reformuladas. A comienzos del siglo V, los pueblos germánicos — suevos, vándalos y, especialmente, visigodos — se asentaban dentro de la Península Ibérica. El reino visigodo que emergió perduraría casi tres siglos (418–711 d. C.) y dejaría una huella duradera en las leyes, lenguas y políticas de la Península.

Los estudios genéticos de este periodo muestran algo interesante: junto al asentamiento visigodo se desarrollaba también un proceso más lento y prolongado de «homogeneización» mediterránea — flujo génico desde el norte de África y el Mediterráneo oriental que ya había comenzado durante el Imperio Romano y que continuó a lo largo de la Antigüedad tardía. Su antepasado paterno en esta era vivió en un mundo romano en sus instituciones, cada vez más cristiano en su religión y demográficamente conectado con el mundo mediterráneo más amplio.

La era de la Reconquista (~850 años atrás)

Alrededor del año 1170 d. C. — cuatro siglos y medio después del inicio de la Reconquista — su linaje se estrechó hasta el fundador de R-BY202926. Se trataba de un hombre que vivía durante la Plena Edad Media en la Península Ibérica. La Península en ese momento estaba dividida entre los reinos cristianos del norte (Castilla, León, Navarra, Aragón, Portugal) y al-Ándalus musulmán en el sur. Ciudades como Toledo habían caído recientemente ante los ejércitos cristianos; Córdoba y Sevilla caerían en el siglo XIII. Su antepasado en este periodo pudo haber sido un agricultor, un artesano, un soldado, un clérigo — alguien cuya historia específica se ha perdido pero cuyo cromosoma Y usted porta hoy.

Un hallazgo llamativo de los estudios de genomas medievales: a pesar de las turbulencias políticas de la Reconquista — las conquistas, los movimientos de población, los famosos tratados de partición — el paisaje genético real de la Península se vio mucho menos perturbado que en eventos posteriores. Estudios recientes de esqueletos medievales ibéricos describen «el escaso impacto de la Reconquista en el paisaje genético». Los cambios profundos ya habían ocurrido. La sustitución por ascendencia esteparia ocurrida en la Edad del Bronce, cuatro milenios antes, había sido un evento mucho más transformador que cualquier conquista medieval.

La era colonial y posterior (~500 a ~300 años atrás)

Cuando Colón llegó a las Américas en 1492, el mapa político de la Península Ibérica cambió rápidamente. Isabel y Fernando — los Reyes Católicos — habían completado la Reconquista con la caída de Granada el mismo año. En el plazo de una generación, los barcos españoles trasladaban hombres — soldados, sacerdotes, colonos — al otro lado del Atlántico hacia el Caribe, México, Perú y Colombia. Muchos de ellos llevaron consigo su linaje paterno.

Los estudios genéticos de las poblaciones actuales en América Latina muestran contribuciones muy fuertes del cromosoma Y ibérico en lugares como Antioquia (noroeste de Colombia) y la costa caribeña de Colombia. En algunas poblaciones antioqueñas se ha documentado incluso un componente asociado a la población sefardí, lo que sugiere las contribuciones de familias judeoconversas que huyeron tras la expulsión de 1492 hacia las colonias españolas. Su linaje paterno forma parte de esta historia de la diáspora colonial.

Lo que vemos hoy en el árbol de investigación de YFull

En el árbol de investigación de YFull, las muestras que portan R-Y13238 y su descendiente R-BY202926 están documentadas desde Bizkaia (en el País Vasco), desde Huesca (en Aragón, al pie de los Pirineos) y desde el panel de referencia de la Población Ibérica en España (IBS) del Proyecto 1000 Genomas. Los rastros de la diáspora incluyen una muestra de Lima (Perú) y otra de Córdoba (Colombia). Cada una de ellas es una rama distinta del mismo árbol genealógico en el que usted se sitúa.

Lo que esto significa

La historia de su cromosoma Y paterno no es la historia de una persona concreta con nombre — es la historia de una larga línea de padres e hijos que se extiende a lo largo de casi doscientas generaciones. Cada generación tomó decisiones, vivió guerras y cosechas y hambrunas y celebraciones, y transmitió su cromosoma Y — ligeramente modificado por mutaciones nuevas ocasionales — a sus hijos. La versión que usted porta hoy es el resultado de todas esas decisiones acumuladas durante cuatro milenios y medio. La investigación basada en publicaciones científicas resumida en la Parte 2 a continuación ofrece la base científica completa de todo lo descrito en esta sección.

Parte 2 — Base científica (detalle de nivel investigador)

Resumen general

Este informe cubre un linaje paterno Y-DNA trazado a través de la cadena **R-DF81 → R-Z2556 → R-Y13238 → R-BY202926** del haplogrupo R1b de Europa Occidental. La cadena está documentada en el árbol de investigación de YFull a través de poblaciones ibéricas y de la diáspora colonial latinoamericana, con estimaciones filogenéticas de edad (TMRCA = antepasado común más reciente, por sus siglas en inglés) que abarcan el origen del linaje predecesor R-Z195 en la Edad del Bronce (~4.500 años antes del presente), pasando por el horizonte tardorromano / visigodo (~1.650 años antes del presente) en R-Y13238 y la Reconquista de la Plena Edad Media (~850 años antes del presente) en R-BY202926.

Linaje paterno (Y-DNA)

El linaje paterno comienza con **R-Z195** (con edad de formación aproximada de 4.500 años antes del presente según la datación filogenética de YFull), uno de los principales sublinajes de la expansión R1b-M269 → R1b-DF27 de Europa Occidental. **Solé-Morata et al. 2017** (*Sci Reports* 7:7341) reporta la edad de R-Z195 en 4.570 ± 140 años antes del presente — coherente con la estimación de edad de formación de YFull — e identifica la Península Ibérica, en particular el noreste peninsular (Aragón, Cataluña, Valencia) y el País Vasco, como el lugar de origen más probable. Las frecuencias actuales de Z195 en esas regiones alcanzan el 0,29-0,41, descendiendo rápidamente a valores menores hacia Portugal y Francia; la estructura geográfica de los subhaplogrupos dentro de R1b-DF27 se describe como «reminiscente de la división celta/ibérica prerromana, o de los reinos cristianos medievales».

El contexto poblacional-genómico más amplio para esta expansión queda establecido por **Olalde et al. 2019** (*Science* 363:1230-1234), cuyo transecto temporal de ADN antiguo sobre 271 ibéricos antiguos documenta la sustitución de aproximadamente el 40 % de la ascendencia autosómica de la Península Ibérica — y **casi el 100 % de sus cromosomas Y** — por personas portadoras de ascendencia esteparia hacia aproximadamente el año 2000 a. C. El recambio del cromosoma Y queda corroborado por **Villalba-Mouco et al. 2021** (*Sci Advances* 7:eabi7038), que documenta el surgimiento del grupo de El Argar hacia el año 2200 cal a. C. acompañado de «un recambio completo de los linajes del cromosoma Y junto con la llegada de la ascendencia relacionada con las estepas» en el sureste de la Península Ibérica. La sociedad de la Edad del Bronce de El Argar queda además caracterizada por **Villalba-Mouco et al. 2022** (*Sci Reports* 12:22415) como organizada de manera virilocal y patrilineal, con pedigrís paternos que se extienden hasta cinco generaciones — proporcionando contexto para las dinámicas de efecto fundador que produjeron la expansión de R-Z195. **García-Fernández et al. 2022** (*Sci Reports* 12:20708) confirma «la rápida radiación del haplogrupo R1b-DF27 en España» durante la transición a la Edad del Bronce mediante secuenciación con enriquecimiento de diana del cromosoma Y de 237 muestras R1b-DF27.

De R-Z195 desciende **R-DF81** (con edad de formación ~3.400 años antes del presente, TMRCA ~2.800 años antes del presente según YFull). Solé-Morata 2017 identifica un sublinaje L176.2 de Z195 con TMRCA de 2.960 ± 230 años antes del presente — coincidencia estrecha con la estimación de YFull para R-DF81, lo que sugiere que R-DF81 cae dentro del sublinaje L176.2 o se relaciona estrechamente con él. Esto sitúa a R-DF81 en la frontera Bronce Final → Edad del Hierro, contemporáneo con el complejo cultural celtibérico documentado en los registros arqueológicos de las poblaciones ibéricas de esta era.

R-DF81 desciende a su vez a **R-Z2556** (TMRCA ~2.300 años antes del presente según YFull) — Edad del Hierro tardía, contemporánea con la conquista romana de Hispania (218 a. C.-19 a. C.) — y luego a **R-Y13238** (TMRCA ~1.650 años antes del presente), situando el linaje en el horizonte tardorromano hasta el visigodo temprano (~350 d. C.). La firma genética de este periodo en la Península Ibérica queda documentada por Olalde 2019, que observa que «al menos a partir del periodo romano, la ascendencia de la Península fue transformada por flujo génico procedente del norte de África y del Mediterráneo oriental», y por **Oteo-García et al. 2025** (*Genome Biology* 26:48) sobre la Península oriental medieval, que describe «un fenómeno preexistente de homogeneización pan-mediterránea durante el Imperio

Romano» previo al periodo islámico. **Hernández et al. 2019** (*Annals of Human Biology* 46(1):63–76) reporta estimaciones temporales más recientes que las publicadas previamente para sublinajes R1b-M269 a partir de una muestra de 414 varones andaluces, coherentes con el horizonte tardorromano / visigodo para la rama R-Y13238. La huella genética del periodo visigodo en Iberia queda documentada además por Olalde 2019: cuatro individuos del siglo VI d. C. en el sitio de **Pla de l'Horta** (NE peninsular), interpretados como visigodos, presentan ascendencia desplazada hacia poblaciones del norte y centro de Europa respecto a la población local de L'Esquerda. El haplogrupo mitocondrial **C4a1a** observado — también presente en la Baviera altomedieval — refuerza el vínculo con grupos de origen centro-europeo / oriental coherente con las migraciones germánicas posteriores a la disolución del Imperio Romano de Occidente.

En el árbol de investigación de YFull, R-Y13238 está documentado en aproximadamente quince muestras procedentes de poblaciones ibéricas y latinoamericanas. Cuatro son muestras públicamente documentadas del Proyecto 1000 Genomas: **HG01182**, **HG01395** y **HG01506** del panel de referencia IBS (Población Ibérica en España), y **HG02002** de Lima (Perú). Las restantes son contribuciones comerciales a la base de datos de YFull, distribuidas por múltiples comunidades autónomas españolas, incluidas Bizkaia (País Vasco) y Huesca (Aragón, al pie de los Pirineos), e incluyendo casos de la diáspora desde Córdoba (Colombia).

Por debajo de R-Y13238, la rama **R-BY202926** (TMRCA ~850 años antes del presente según YFull) corresponde a la era de la Reconquista de la Plena Edad Media. El paisaje genético de este periodo queda iluminado por **Rodríguez-Varela et al. 2024** (*Sci Advances* 10:eadp8625), el estudio «Five Centuries of Consanguinity, Isolation, Health, and Conflict in Las Gobas» sobre 33 individuos de una necrópolis de los siglos VII–XI en el norte de España, que documenta «relaciones familiares intrincadas y continuidad genética dentro de una población consanguínea» y señala que no se detectó un aumento significativo de ascendencia norteafricana o medio-oriental desde la conquista islámica en esta comunidad del norte, posiblemente porque la población permaneció relativamente aislada. Oteo-García 2025 documenta además que «**la Reconquista tiene un escaso impacto en el paisaje genético**» del este peninsular — lo que sugiere que las turbulencias demográficas del periodo medieval tardío fueron menos transformadoras que la sustitución por ascendencia esteparia de la Edad del Bronce que estableció originalmente R-Z195 en la región.

El componente de la diáspora de la era colonial de la cadena R-DF81 → R-BY202926 — representado en el árbol de YFull por muestras de Lima (Perú) y Córdoba (Colombia) — queda contextualizado por **Carvajal-Carmona et al. 2000** (*Am J Hum Genet* 67:1287–1295) sobre el noroeste de Colombia, que documentó contribución sefardí y de cromosoma Y ibérico más amplio a los fundadores de una población de Antioquia (Colombia), y por **Nguidi et al. 2026** (*American Journal of Biological Anthropology*; PMC13062887) sobre la costa caribeña de Colombia, que reporta linajes paternos europeos predominantemente en poblaciones del interior del Departamento de Bolívar junto con linajes maternos amerindios. El marco de Solé-Morata 2017 se extiende específicamente a las poblaciones hispanas admixturadas de América Latina mediante **Villaescusa et al. 2019** (*Forensic Sci Int Genet Suppl Ser* 7(1):524–525) sobre R1b-DF27 en poblaciones hispanas admixturadas.

Las estimaciones de edad sobre R-Z195, R-DF81, R-Z2556, R-Y13238 y R-BY202926 derivan de la metodología de datación filogenética de YFull (YTree v14.02.00, abril de 2026); la estimación de edad de Solé-Morata 2017 para Z195 (4.570 ± 140 años antes del presente) coincide con la estimación de edad de formación de YFull (~4.500 años antes del presente).

Linaje paterno Y-DNA

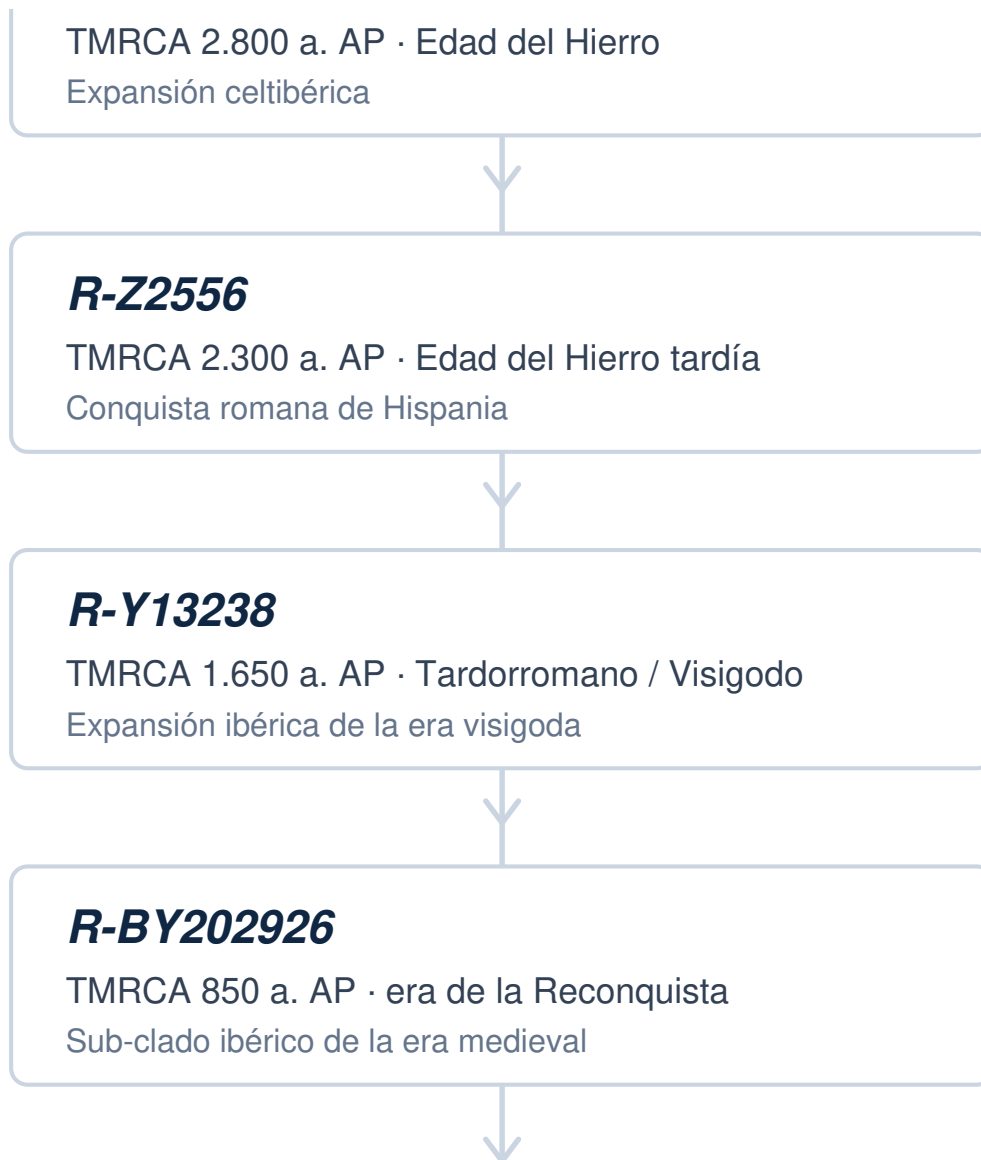
Cadena R-DF81 · provenance Península Ibérica

R-Z195

TMRCA 4.500 a. AP · Edad del Bronce

Sustrato ibérico preindoeuropeo

R-DF81



→ *Portadores modernos multi-regional españoles + latinoamericanos*

muestras del Proyecto 1000 Genomas + muestras comerciales agregadas por rama (árbol YFull)

Contexto temporal

- **Edad del Bronce (~4.500 años antes del presente).** Origen de R-Z195; Solé-Morata 2017 fecha Z195 en 4.570 ± 140 años antes del presente. Olalde 2019 documenta el reemplazo de casi el 100 % de los cromosomas Y de la Península Ibérica por personas portadoras de ascendencia esteparia hacia aproximadamente 2000 a. C.; Villalba-Mouco 2021 corrobora esto como «un recambio completo de los linajes del cromosoma Y junto con la llegada de la ascendencia relacionada con las estepas» vinculado al surgimiento del grupo de El Argar en el sureste de la Península Ibérica (~2200 cal a. C.).
- **Bronce Final → Edad del Hierro (~3.400 a ~2.800 años antes del presente).** R-DF81 se forma y alcanza su TMRCA — probablemente dentro del sublinaje L176.2 de Z195 (TMRCA 2.960 ± 230 años antes del presente según Solé-Morata 2017), o estrechamente relacionado con él, en el horizonte cultural celtibérico.
- **Edad del Hierro y conquista romana (~2.800 a ~2.300 años antes del presente).** R-Z2556 alcanza su TMRCA en el umbral de la conquista romana de Hispania. Hernández 2019 (muestra de 414 varones andaluces) reporta estimaciones temporales más recientes para sublinajes R1b-M269, coherentes con este horizonte para las ramas descendientes; Olalde 2019 documenta la difusión de la ascendencia esteparia

durante la Edad del Hierro tanto en regiones ibéricas de habla indoeuropea como no indoeuropea. Olalde 2019 cuantifica este patrón de manera precisa: en 15 individuos de la costa mediterránea hablantes de **lenguas ibéricas no indoeuropeas**, la ascendencia esteparia aumenta entre **10-19 %** durante la Edad del Hierro. En 3 individuos de **La Hoya** (norte peninsular, zona celtibérica indoeuropea), el aumento alcanza **28-43 %**. La difusión esteparia, por tanto, no se acompañó automáticamente de cambio lingüístico — un dato que resulta particularmente relevante para entender la persistencia del euskera en una región donde sí se documenta el flujo génico estepario.

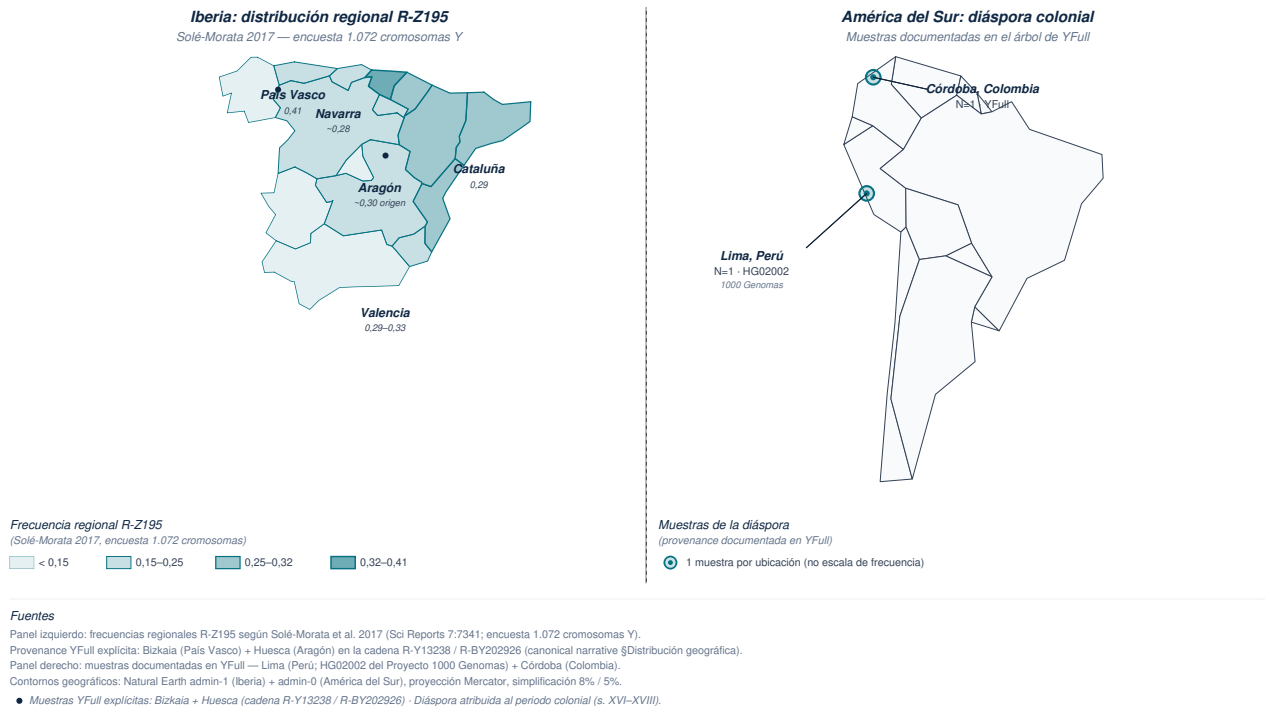
- **Tardorromano / Visigodo (~1.650 años antes del presente)**. TMRCA de R-Y13238. Olalde 2019 documenta que «al menos a partir del periodo romano, la ascendencia de la Península fue transformada por flujo génico procedente del norte de África y del Mediterráneo oriental»; Oteo-García 2025 enmarca esto como «un fenómeno preexistente de homogeneización pan-mediterránea durante el Imperio Romano».
- **Reconquista / Plena Edad Media (~850 años antes del presente)**. TMRCA de R-BY202926. Rodríguez-Varela 2024 documenta la continuidad genética de los siglos VII-XI dentro de una comunidad medieval consanguínea del norte ibérico en Las Gobas, sin que se detecte un incremento significativo de ascendencia norteafricana o medio-oriental desde la conquista islámica en esa población. Oteo-García 2025 reporta que «la Reconquista tiene un escaso impacto en el paisaje genético» del este peninsular. La estimación TMRCA para este periodo deriva de la datación filogenética de YFull; la evidencia basada en publicaciones científicas ancla el contexto demográfico, no un evento Y específico de la Reconquista.
- **Edad Moderna y colonial (~500-300 años antes del presente)**. Subclados Y descendientes de R-BY202926 se extienden a través del periodo de expansión colonial. Carvajal-Carmona 2000 documenta contribución del cromosoma Y ibérico (incluidos marcadores asociados a la población sefardí) a los fundadores de una población del noroeste de Colombia. Oteo-García 2025 documenta que la Expulsión de los Moriscos posmedieval (1609 d. C.) tuvo un impacto demográfico sustancial en el este peninsular a través del desplazamiento masivo de población.

Distribución geográfica

El linaje paterno está documentado en múltiples comunidades autónomas españolas en el árbol de investigación de YFull, incluidas Bizkaia (País Vasco) y Huesca (Aragón, al pie de los Pirineos), con cuatro muestras públicamente documentadas del Proyecto 1000 Genomas procedentes del panel de referencia IBS y una de Lima (Perú). El linaje continúa hasta América Latina colonial con muestras documentadas de Córdoba (Colombia). La distribución regional más amplia del linaje predecesor R-Z195 — según la encuesta de 1.072 cromosomas de Solé-Morata et al. 2017 — sitúa las frecuencias más altas (0,29-0,41) en el País Vasco y la Península Ibérica oriental (Cataluña, Valencia), siendo Aragón la región que muestra la mayor diversidad interna, lo que indica el lugar de origen más probable. La estructura geográfica de los subhaplogrupos dentro del agrupamiento R1b-DF27 más amplio muestra dominios «reminiscentes de la división celta/ibérica prerromana, o de los reinos cristianos medievales» (Solé-Morata 2017). Las frecuencias de la diáspora latinoamericana de R1b-DF27 en poblaciones hispanas admixturadas quedan documentadas por Villaescusa et al. 2019, y un análisis Y-cromosómico de relevancia forense de Ecuador multiétnico (Villaescusa et al. 2020) confirma la persistencia de los sublinajes R1b ibéricos en las poblaciones latinoamericanas de la era colonial.

Distribución geográfica del linaje paterno R-Y13238

Provenance ibérica regional + diáspora colonial sudamericana



Referencias (Y-DNA)

- Carvajal-Carmona, L. G., Soto, I. D., Pineda, N., et al. (2000). *Strong Amerind/White Sex Bias and a Possible Sephardic Contribution among the Founders of a Population in Northwest Colombia*. *American Journal of Human Genetics* 67(5), 1287–1295. DOI: [10.1016/s0002-9297\(07\)62956-5](https://doi.org/10.1016/s0002-9297(07)62956-5).
- Fernández-López de Pablo, J., Gutiérrez-Roig, M., Gómez-Puche, M., et al. (2019). *Palaeodemographic modelling supports a population bottleneck during the Pleistocene–Holocene transition in Iberia*. *Nature Communications* 10, 1872. DOI: [10.1038/s41467-019-09833-3](https://doi.org/10.1038/s41467-019-09833-3).
- García-Fernández, C., Lizano, E., Telford, M., et al. (2022). *Y-chromosome target enrichment reveals rapid expansion of haplogroup R1b-DF27 in Iberia during the Bronze Age transition*. *Scientific Reports* 12, 20708. DOI: [10.1038/s41598-022-25200-7](https://doi.org/10.1038/s41598-022-25200-7).
- Hernández, C. L., Pita, G., Cavadas, B., et al. (2019). *Paternal lineages in southern Iberia provide time frames for gene flow from mainland Europe and the Mediterranean world*. *Annals of Human Biology* 46(1), 63–76. DOI: [10.1080/03014460.2019.1587507](https://doi.org/10.1080/03014460.2019.1587507).
- Nguidi, M., Amory, C., Xavier, C., et al. (2026). *Contrasting Maternal, Paternal, and Biparental Ancestry of Populations From the Caribbean Coast of Colombia*. *American Journal of Biological Anthropology*. DOI: [10.1002/ajpa.70242](https://doi.org/10.1002/ajpa.70242). PMC13062887.
- Olalde, I., Mallick, S., Patterson, N., et al. (2019). *The genomic history of the Iberian Peninsula over the past 8000 years*. *Science* 363(6432), 1230–1234. DOI: [10.1126/science.aav4040](https://doi.org/10.1126/science.aav4040).
- Oteo-García, G., Cabrera-Pérez, F., García-Pérez, R., et al. (2025). *Medieval genomes from eastern Iberia illuminate the role of Morisco mass deportations in dismantling a long-standing genetic bridge with North Africa*. *Genome Biology* 26, 48. DOI: [10.1186/s13059-025-03570-1](https://doi.org/10.1186/s13059-025-03570-1).
- Solé-Morata, N., Villaescusa, P., García-Fernández, C., et al. (2017). *Analysis of the R1b-DF27 haplogroup shows that a large fraction of Iberian Y-chromosome lineages originated recently in situ*. *Scientific Reports* 7, 7341. DOI: [10.1038/s41598-017-07710-x](https://doi.org/10.1038/s41598-017-07710-x).
- Rodríguez-Varela, R., Ammerpohl, O., Ruiz, J., et al. (2024). *Five centuries of consanguinity, isolation, health, and conflict in Las Gobas: A Northern Medieval Iberian necropolis*. *Science Advances* 10, eadp8625. DOI: [10.1126/sciadv.adp8625](https://doi.org/10.1126/sciadv.adp8625).
- Villaescusa, P., Blázquez, P., Martínez-Jarreta, B., Jiménez, S., Álvarez-Gila, O., y Pancorbo, M. M. de (2019). *The impact of haplogroup R1b-DF27 in Hispanic admixed populations from Latin America*. *Forensic Science*

International: Genetics Supplement Series 7(1), 524-525. DOI: [10.1016/j.fsigss.2019.10.062](https://doi.org/10.1016/j.fsigss.2019.10.062).

- Villaescusa, P., Seidel, M., Nothnagel, M., et al. (2020). *A Y-chromosomal survey of Ecuador's multi-ethnic population reveals new insights into the tri-partite population structure and supports an early Holocene age of the rare Native American founder lineage C3-MPB373*. Forensic Science International: Genetics 46, 102427. DOI: [10.1016/j.fsigss.2020.102427](https://doi.org/10.1016/j.fsigss.2020.102427).
- Villalba-Mouco, V., Oliart, C., Rihuete-Herrada, C., et al. (2021). *Genomic transformation and social organization during the Copper Age–Bronze Age transition in southern Iberia*. Science Advances 7, eabi7038. DOI: [10.1126/sciadv.abi7038](https://doi.org/10.1126/sciadv.abi7038).
- Villalba-Mouco, V., Oliart, C., Rihuete-Herrada, C., et al. (2022). *Kinship practices in the early state El Argar society from Bronze Age Iberia*. Scientific Reports 12, 22415. DOI: [10.1038/s41598-022-25975-9](https://doi.org/10.1038/s41598-022-25975-9).
- Referencias del árbol Y-DNA de YFull: [R-Z195](#), [R-DF81](#), [R-Z2556](#), [R-Y13238](#), [R-BY202926](#).
- Muestras del Proyecto 1000 Genomas citadas en el linaje R-Y13238: HG01182, HG01395, HG01506 (panel de referencia IBS), HG02002 (Lima, Perú).
- Estimaciones filogenéticas de edad (TMRCA, edad de formación) según la metodología de datación YTree v14.02.00 de YFull a fecha de abril de 2026.

Parte 1 — Su linaje materno: una historia a través de 8.800 años de historia ibérica

Su linaje materno es una historia escrita en ADN mitocondrial — un pequeño fragmento de ADN, separado del resto, presente en cada una de sus células. El ADN mitocondrial se hereda únicamente por vía materna (su padre no le transmitió ningún fragmento) y se transmite casi sin cambios de madre a hija (y a hijo) a lo largo de cientos de generaciones. Rastrearlo hacia atrás es como leer una crónica de mujeres: madres, abuelas, bisabuelas, retrocediendo a través de los siglos. Este informe describe lo que sabemos sobre su linaje materno, comenzando al final de la última Edad de Hielo y extendiéndose a lo largo de casi 9.000 años de historia ibérica.

Las antepasadas de la Edad de Hielo (~15.000 a ~12.000 años atrás)

Su linaje materno se remonta a un linaje denominado haplogrupo H — uno de los linajes mitocondriales europeos más comunes en la actualidad. Hace unos 15.000 años, cuando la última Edad de Hielo estaba terminando, las antepasadas del haplogrupo H se refugiaban en lo que se conoce como el refugio franco-cantábrico — la región que abarca los Pirineos occidentales, el País Vasco en el norte de España y el sur de Francia. La mayor parte de Europa en aquella época estaba cubierta por capas de hielo o resultaba demasiado fría para la habitación humana; la Península Ibérica y el sur de Francia fueron de las pocas zonas habitables. A medida que el clima se fue suavizando, las poblaciones se expandieron desde este refugio y repoblaron Europa central y septentrional. Su linaje materno forma parte de esta historia.

El sublinaje H3 — la rama del haplogrupo H a la que usted pertenece — presenta sus frecuencias más altas concretamente centradas en la Península Ibérica y áreas circundantes, con frecuencias que disminuyen al desplazarse hacia el noreste y el sureste. Este patrón, identificado en un estudio fundacional de Achilli y colaboradores en 2004, es una de las firmas genéticas más nítidas de la repoblación postglacial de Europa desde el refugio suroccidental. Cuando los investigadores estudian el haplogrupo H hoy en día, los linajes maternos con las raíces ibéricas más profundas son precisamente los que con mayor probabilidad pertenecen a una rama como H3.

La llegada de la agricultura del Neolítico (~8.800 años atrás)

Hace alrededor de 8.800 años, el sublinaje H3 se diversificó dando lugar a la rama H3c — el linaje predecesor de su rama. Esta época coincide aproximadamente con la llegada de la agricultura neolítica — trigo, cebada, ovejas, cabras, vacas, cerámica — a la Península Ibérica desde el Mediterráneo oriental. Las poblaciones cazadoras-recolectoras y los agricultores entrantes se mezclaron progresivamente durante los milenios siguientes, pero por el lado materno, las poblaciones ibéricas conservaron una continuidad parcial preneolítica.

Hacia hace unos 4.400 años, su linaje se había diversificado en la rama H3c2. Hacia hace unos 1.650 años, había emergido el sublinaje H3c2a — y es ahí donde la historia de su linaje se vuelve especialmente específica.

El corazón vasco (~4.000 años atrás y siguientes)

H3c2a — el linaje materno que usted porta — ha sido identificado en investigaciones publicadas como uno de los seis haplogrupos maternos autóctonos de la región franco-cantábrica — esto es, el País Vasco y áreas adyacentes del norte de España y el sur de Francia. El estudio de 2012 de Behar y colaboradores, titulado «The Basque Paradigm» («El paradigma vasco»), documentó este patrón en 420 genomas mitocondriales; los otros cinco son H1j1, H1t1, H2a5a1, H1av1 y H1e1a1. Estos haplogrupos — incluido el suyo — son las firmas genéticas de poblaciones que han habitado de manera continua la región vasca durante miles de años, mucho antes de la llegada de los pueblos indoeuropeos a Europa Occidental.

El estudio de Behar calculó que los linajes vascos autóctonos — incluido H3c2a — se expandieron hace aproximadamente 4.000 años y que se habían separado del acervo genético materno europeo más amplio hace aproximadamente 8.000 años, en una época anterior a la llegada indoeuropea. Dicho de manera más sencilla: su linaje materno ya estaba en el País Vasco antes de que las lenguas indoeuropeas alcanzaran Europa Occidental. Los propios vascos también se distinguen lingüísticamente — el euskera es una lengua no indoeuropea, descrita a menudo como lengua aislada (es decir, una lengua sin parientes conocidos) — y la evidencia mitocondrial sugiere una continuidad profunda entre la población vasca actual y los habitantes preindoeuropeos de la región franco-cantábrica.

El periodo romano y la Hispania visigoda (~1.650 años atrás)

El sublinaje H3c2a alcanzó su antepasado común más reciente alrededor del año 350 d. C., en el Imperio Romano tardío. Para entonces, sus antepasadas maternas habían vivido en el corazón vasco durante miles de años; cuando los ejércitos y administradores romanos llegaron en el siglo I a. C., en términos genéticos, no desplazaron a la mayoría de las poblaciones autóctonas (aunque hubo episodios localizados de violencia y esclavización, p. ej., los Túrdulos), sino que predominantemente integraron a las poblaciones existentes bajo instituciones romanas. La continuidad genética hispano-romana persistió incluso tras los cambios de control político (Olalde 2019). A lo largo de los cuatro siglos siguientes de dominio romano y los tres siglos del reino visigodo posterior, los linajes maternos vascos autóctonos — incluido H3c2a — se transmitieron de forma continua de madre a hija sin interrupción.

Un estudio de 2024 sobre una necrópolis de los siglos VII-XI en Las Gobas, en el norte de España — que cubre 33 individuos de esta época precisa — encontró exactamente lo que cabría esperar: «relaciones familiares intrincadas y continuidad genética dentro de una población consanguínea» y «sin ascendencias norteafricanas o medio-orientales significativas» — incluso después de la conquista islámica del sur de la Península Ibérica en 711 d. C. La comunidad del norte ibérico de Las Gobas permaneció relativamente aislada, al igual que las poblaciones vascas en general. Su linaje materno continuó a través de comunidades de este tipo.

La era de la Reconquista (~850 años atrás)

Alrededor del año 1170 d. C. — durante la Plena Edad Media y la Reconquista — su linaje se estrechó una vez más, dando lugar a la fundadora de H3c2a1. Se trataba de una mujer que vivía en el corazón vasco o cerca de él, en el periodo en que los reinos cristianos se expandían hacia el sur y el mapa político de la Península Ibérica se redibujaba. Ciudades como Toledo habían caído recientemente ante los ejércitos cristianos; la gran Escuela de Traductores de Toledo producía estudiosos que llevarían el conocimiento traducido del árabe sobre la filosofía griega de vuelta a la cristiandad latina. Su antepasada materna en aquella época — separada de usted por unas treinta y cuatro generaciones — formaba parte de aquel mundo.

Estudios recientes de genomas medievales del este peninsular describen «el escaso impacto de la Reconquista en el paisaje genético» — esto es, a pesar de las turbulencias políticas, la continuidad genética real de las poblaciones era robusta. La población vasca, en particular, siguió conservando sus linajes maternos autóctonos, incluido H3c2a1.

La Edad Moderna y posterior (~500 a ~300 años atrás y después)

Una rama paralela de H3c2a — H3c2a2, que se separó de H3c2a hace alrededor de 300 años — se extiende hasta la Edad Moderna. Dos muestras de H3c2a también están documentadas en poblaciones actuales de Estados Unidos, en un conjunto de datos forense del NIST de 2020 titulado «Platinum-Quality Mitogenome Haplotypes from United States Populations» — reflejo de portadores históricos de la diáspora iberoamericana. En los últimos siglos, su linaje materno ha viajado desde el corazón vasco hacia el mundo atlántico más amplio.

Lo que esto significa

La historia de su ADN mitocondrial materno es la historia de una larga línea de mujeres — madres, hijas, madres, hijas — que se extiende a lo largo de cientos de generaciones hasta el refugio postglacial del suroeste de Europa. Su linaje es uno de los seis haplogrupos maternos específicamente autóctonos de la región vasca, con una continuidad genética

parcial documentada desde tiempos preneolíticos a través del periodo medieval y hasta hoy. Los vascos han sido reconocidos durante siglos por su singularidad lingüística y cultural en Europa; la evidencia genética — incluido el linaje que usted porta — respalda la larga continuidad de esta singularidad. La investigación basada en publicaciones científicas resumida en la Parte 2 a continuación ofrece la base científica completa de todo lo descrito en esta sección.

Parte 2 – Base científica (detalle de nivel investigador)

Resumen general

Este informe cubre un linaje materno mtDNA trazado a través de la cadena **H3c2** → **H3c2a** → **H3c2a1** del haplogrupo H. La cadena está documentada en el árbol de investigación de YFull a través de poblaciones ibéricas — concentrada de manera abrumadora en la región franco-cantábrica / vasca — con estimaciones filogenéticas de edad que abarcan el origen profundo de H3 (~11.000 años antes del presente, según Achilli 2004) en el final del Pleistoceno tardío hacia el inicio del Holoceno, pasando por H3c2a (~1.650 años antes del presente) en el horizonte tardorromano / visigodo y H3c2a1 (~850 años antes del presente) en la Reconquista de la Plena Edad Media.

Linaje materno (mtDNA)

El linaje materno se traza a través del haplogrupo H, el haplogrupo mitocondrial europeo más frecuente. El subclado H3 fue identificado por **Achilli et al. 2004** (*The molecular dissection of mtDNA haplogroup H*, Am J Hum Genet 75(5):910-918) como portador de picos de frecuencia concretamente centrados en la Península Ibérica y áreas circundantes, con disminuciones hacia el noreste y el sureste — distribución atribuida a la repoblación postglacial de Europa desde el refugio glacial franco-cantábrico, fuente de las expansiones tardiglaciares de cazadores-recolectores desde aproximadamente hace 15.000 años. La edad de coalescencia de H3 en aquel estudio se estima en ~11.000 años antes del presente.

Dentro de H3, la cadena desciende a través de **H3c** (TMRCA ~6.800 años antes del presente) y **H3c2** (TMRCA ~4.400 años antes del presente) hasta **H3c2a** (TMRCA ~1.650 años antes del presente) y **H3c2a1** (TMRCA ~850 años antes del presente). H3c2a es uno de los seis haplogrupos maternos identificados por **Behar et al. 2012** (*The Basque Paradigm*, Am J Hum Genet 90(3):486-493) como autóctonos de la región franco-cantábrica — esto es, parece haber surgido y persistido principalmente dentro de poblaciones de habla vasca y áreas adyacentes del norte de España y el sur de Francia, junto con H1j1, H1t1, H2a5a1, H1av1 y H1e1a1. El conjunto de 420 genomas de Behar sitúa la expansión de estos haplogrupos autóctonos en aproximadamente hace 4.000 años antes del presente y su separación del acervo genético materno europeo más amplio en aproximadamente hace 8.000 años antes del presente — antes de la llegada indoeuropea a la región. La presencia de H3c2a en vascos autóctonos modernos se confirma y amplía de forma independiente por el conjunto de 178 mitogenomas de calidad forense de **García et al. 2020** (*Forensically relevant phylogeographic evaluation of mitogenome variation in the Basque Country*, Forensic Sci Int Genet 46:102260). El marco del sustrato preneolítico franco-cantábrico se corrobora además mediante **Cardoso et al. 2013** (*PLOS One* 8:e67835), que identificó tres haplogrupos adicionales — **U5b1f**, **J1c5c1** y **V22** — como autóctonos de la región franco-cantábrica vasca. Junto con los seis haplogrupos H de Behar 2012 (H1j1, H1t1, H2a5a1, H1av1, H3c2a, H1e1a1), conforman un sustrato pre-neolítico que representa al menos el 35 % de la variación mitocondrial actual de la zona — confirmando la continuidad parcial documentada por Behar 2012 mediante un dataset ampliado (548 individuos + 76 mitogenomas secuenciados).

Las muestras de H3c2a en el árbol de investigación de YFull se concentran en el núcleo franco-cantábrico: Navarra, Gipuzkoa, Bizkaia, Álava y La Rioja en la vertiente española, y los Pirineos Atlánticos en la vertiente francesa, con la afiliación al euskera explícitamente registrada en la mayoría de las muestras. Un número reducido de muestras H3c2 aparece fuera de este núcleo en Barcelona, Salamanca y Granada — registradas en el conjunto de datos de referencia comparativa de **Silva et al. 2021** (*Biomolecular insights into... eleventh-century Al-Andalus*, Sci Rep 11:18121), lo que indica una difusión modesta del linaje hacia la Península Ibérica más amplia. El sublinaje H3c2a1 (TMRCA ~850 años antes del presente según la estimación filogenética de YFull) emergió dentro de H3c2a durante el periodo de la Plena Edad Media; el sublinaje paralelo H3c2a2 (TMRCA ~300 años antes del presente) se extiende hasta la Edad Moderna. Otras dos muestras de H3c2a están documentadas en poblaciones de Estados Unidos a través del conjunto **Taylor et al. Platinum-Quality Mitogenome Haplotypes from United States Populations** (referencia mitogenómica de calidad forense del NIST), reflejo de portadores históricos de la diáspora iberoamericana del linaje.

Linaje materno mtDNA

Cadena H3c2a · núcleo autóctono franco-cantábrico

H3

TMRCAs 8.800 a. AP · Mesolítico–Neolítico
Pico de frecuencia ibérica (Achilli 2004)



H3c

TMRCAs 6.800 a. AP · Neolítico
Rampa centrada en Iberia



H3c2

TMRCAs 4.400 a. AP · Edad del Bronce
Separación preindoeuropea (~8.000 a. AP; Behar 2012)



H3c2a

TMRCAs 1.650 a. AP · autóctono franco-cantábrico
Per Behar 2012: 1 de 6 haplogrupos autóctonos



H3c2a1

TMRCAs 850 a. AP · era de la Reconquista (estimación YFull)
Portadores españoles modernos documentados (Behar 2012)



→ *Portadores modernos españoles*

Behar 2012 (420 genomas) + García 2020 (178 mitogenomas vascos)

Contexto temporal

- **Tardiglacial y Mesolítico (~15.000 a ~12.200 años antes del presente).** El refugio franco-cantábrico fue la fuente de las expansiones postglaciales que repoblaron Europa central y septentrional (Achilli et al. 2004); la raíz materna H3 cae dentro de esta ventana.
- **Mesolítico al Neolítico (~11.000 a ~8.800 años antes del presente).** H3 se formó hacia ~11.000 años antes del presente en el refugio franco-cantábrico y se expandió por la Península Ibérica y áreas adyacentes; H3c marca la diversificación neolítica hacia ~8.800 años antes del presente.
- **Edad del Bronce (~4.500 a ~4.000 años antes del presente).** El TMRCA de H3c2 cae dentro de la ventana de la Edad del Bronce. Behar et al. 2012 fecha la expansión de los haplogrupos H franco-cantábricos autóctonos, incluido H3c2a, en aproximadamente hace 4.000 años antes del presente.
- **Tardorromano / Visigodo (~1.650 años antes del presente).** TMRCA de H3c2a. El sublinaje H3c2a queda anclado en la frontera tardorromana / visigoda, donde la clasificación franco-cantábrica autóctona de Behar 2012 se prolonga en la era de la Hispania romana provincial.
- **Reconquista / Plena Edad Media (~850 años antes del presente).** TMRCA de H3c2a1. El sublinaje H3c2a1 emergió dentro de H3c2a durante el periodo de la Plena Edad Media; la estimación TMRCA deriva de la datación filogenética de YFull.
- **Edad Moderna (~500-300 años antes del presente) y posterior.** H3c2a2 (TMRCA ~300 años antes del presente) se extiende a lo largo de la Edad Moderna. Dos muestras H3c2a en el árbol de YFull procedentes de poblaciones de EE. UU. (Taylor et al., conjunto NIST Platinum-Quality Mitogenome Haplotypes) reflejan portadores históricos de la diáspora iberoamericana.

Distribución geográfica

El linaje materno presenta un perfil geográfico fuertemente franco-cantábrico / vasco-autóctono. H3c2a se concentra en Navarra, Gipuzkoa, Bizkaia, Álava y La Rioja en la vertiente española, y en los Pirineos Atlánticos en la vertiente francesa, con la afiliación al euskera explícitamente registrada en la mayoría de las muestras (Behar et al. 2012; García et al. 2020). Fuera de este núcleo, un número reducido de muestras H3c2 aparece en la Península Ibérica más amplia (Barcelona, Salamanca, Granada — panel de referencia comparativa de Silva et al. 2021). Otras dos muestras H3c2a están documentadas en poblaciones de Estados Unidos a través del conjunto NIST Platinum-Quality Mitogenome Haplotypes de Taylor et al., reflejo de portadores históricos de la diáspora iberoamericana del linaje. Este perfil — núcleo fuertemente vasco-autóctono con difusión modesta hacia la Península Ibérica más amplia y documentación limitada de la diáspora estadounidense — es coherente con los patrones documentados de continuidad genética vasca desde tiempos preneolíticos hasta la era moderna (Behar 2012; Cardoso 2013; García 2020).

Referencias (mtDNA)

- Achilli, A., Rengo, C., Magri, C., et al. (2004). *The molecular dissection of mtDNA haplogroup H confirms that the Franco-Cantabrian glacial refuge was a major source for the European gene pool.* American Journal of Human Genetics 75(5), 910-918. PMID: 15382008.
- Behar, D. M., Harmant, C., Manry, J., et al. (2012). *The Basque Paradigm: Genetic Evidence of a Maternal Continuity in the Franco-Cantabrian Region since Pre-Neolithic Times.* American Journal of Human Genetics 90(3), 486-493. DOI: [10.1016/j.ajhg.2012.01.002](https://doi.org/10.1016/j.ajhg.2012.01.002). (Ver muestras en [YFull paper 125](#).)
- Cardoso, S., Valverde, L., Alfonso-Sánchez, M. A., et al. (2013). *The Expanded mtDNA Phylogeny of the Franco-Cantabrian Region Upholds the Pre-Neolithic Genetic Substrate of Basques.* PLoS ONE 8(7), e67835.
- García, O., Alonso, S., Huber, N., Bodner, M., Parson, W. (2020). *Forensically relevant phylogeographic evaluation of mitogenome variation in the Basque Country.* Forensic Science International: Genetics 46, 102260. DOI: [10.1016/j.fsigen.2020.102260](https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2020.102260).
- Silva, M., Oteo-García, G., Martiniano, R., et al. (2021). *Biomolecular insights into North African-related ancestry, mobility and diet in eleventh-century Al-Andalus.* Scientific Reports 11, 18121. DOI: [10.1038/s41598-021-95996-3](https://doi.org/10.1038/s41598-021-95996-3). (Citado aquí para el conjunto de datos de referencia comparativa; el tema principal del artículo no está relacionado con el linaje H3c2. Ver muestras en [YFull paper 548](#).)
- Taylor, C. R., Kiesler, K. M., Sturk-Andreaggi, K., Ring, J. D., Parson, W., Schanfield, M., et al. (2020). *Platinum-Quality Mitogenome Haplotypes from United States Populations.* Genes 11(11), 1290. DOI: [10.3390/genes11111290](https://doi.org/10.3390/genes11111290). (Conjunto de referencia mitogenómica de calidad forense del NIST; ver muestras en [YFull paper 623](#); 1327 mitogenomas de poblaciones de EE. UU.)
- Referencias del árbol mtDNA de YFull: [H3](#), [H3c](#), [H3c2](#), [H3c2a](#), [H3c2a1](#), [H3c2a2](#).

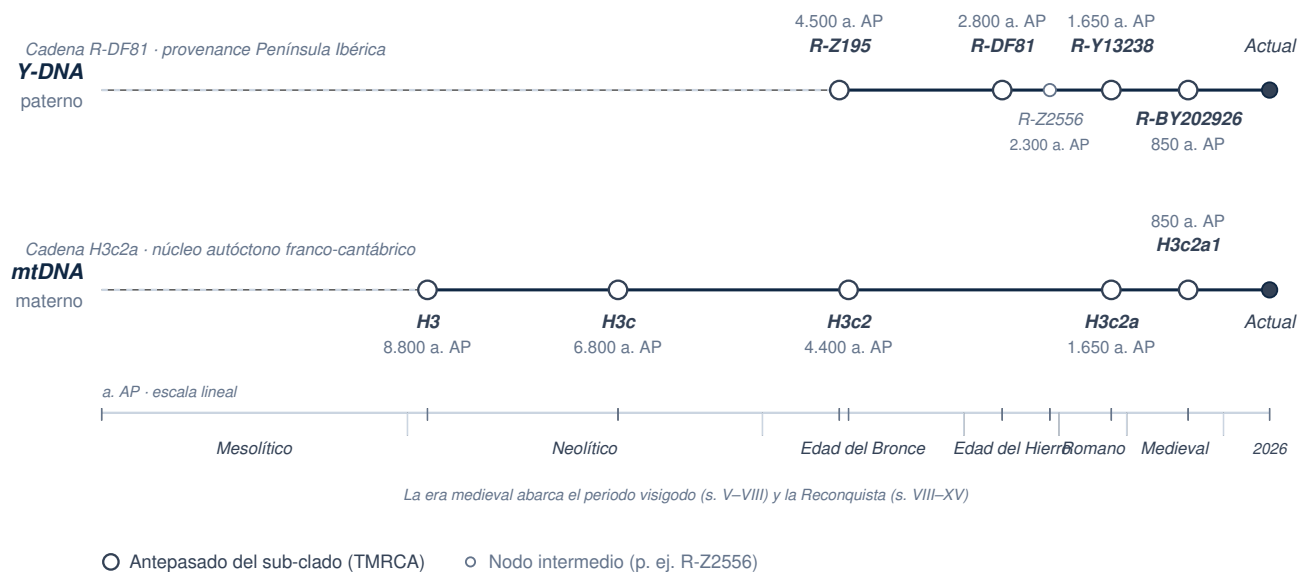
- Estimaciones filogenéticas de edad (TMRCA, edad de formación) según la metodología de datación MTree de YFull a fecha de abril de 2026.

Líneas temporales paralelas Y-ADN y mtDNA

La visualización siguiente representa la línea temporal paterna Y-ADN (pista superior) y la línea temporal materna mtDNA (pista inferior) sobre un eje temporal logarítmico compartido. Cada pista representa la cronología independiente de su linaje; el lector puede comparar fechas de TMRCA y orígenes regionales entre ambas pistas para evaluar si en su caso aplica algún contexto demográfico compartido.

Líneas temporales paralelas Y-DNA y mtDNA

Candidato compuesto · paterno R-Y13238 + materno H3c2a · ~12.200 a. AP hasta el presente



Sobre este informe — nota metodológica

Un informe de esta profundidad se entrega cuando existe cobertura curada de YFull para el haplogrupo Y terminal del cliente y el haplogrupo mitocondrial. La metodología es uniforme en todos los casos:

1. Localizar el subclado Y terminal del cliente y el subclado de mtDNA en el árbol de investigación de YFull (la filogenia de nivel investigador más actualizada en la comunidad de haplogrupos).
2. Identificar anclajes temporales (estimaciones de TMRCA) y la distribución geográfica de muestras en cada subclado ancestral a lo largo de la cadena de linaje.
3. Fundamentar la narrativa en artículos de investigación publicados e indexados al haplogrupo. La disciplina de atribución por artículo asegura que cada afirmación factual sea rastreable hasta una fuente verificable.
4. Construir un arco multi-período que conecte el linaje con eventos históricos documentados en la región pertinente.

Lo que difiere entre un cliente y otro es la profundidad de cobertura de YFull en el subclado terminal específico — **no la metodología**. El mismo procedimiento produce un informe entregable al cliente para cualquier cadena de haplogrupos donde exista cobertura de YFull.

Las etiquetas de haplogrupos están basadas en SNP y se alinean con la referencia comunitaria del árbol Y de ISOGG (Y-DNA) y PhyloTree (mtDNA) donde están indexadas; el árbol curado de YFull proporciona la filogenia más actual de nivel investigador.

Para lectores técnicos, la tabla completa de atribución de artículos y la disciplina de citación son visibles en las secciones «Referencias» al final de cada parte del informe de linaje.

AVISO — INFORME DE EJEMPLO

Este es un informe de ejemplo que ilustra la metodología de Genetic History. Los datos de haplogrupos, las estimaciones de edad de los linajes y las citas de los artículos científicos son reales; el individuo compuesto descrito es ficticio.

Los informes que entregamos a un cliente real utilizan exactamente el mismo enfoque — el mismo árbol filogenético, el mismo nivel de granularidad de SNP, las mismas fuentes científicas — aplicado a los datos genéticos reales de esa persona.

Para cualquier consulta sobre la integración de la API o la entrega del informe, escriba a acgt@genetichistory.es.