Rev. Esp. Antrop. Fís. (2026)
Vol. 54: 40-48

Reconstrucción del origen de la población agote a través de la genómica computacional

Alicia Portela-Estévez[1], Alín P. Acuña-Alonzo[2], Cesar A. Fortes-Lima[3,4], Araxi O. Urrutia[2], Javier Lescure[1], Georgios Athanasiadis[5] y Antonio González-Martín[1]

[1]Unidad de Antropología Física, Departamento de Biodiversidad, Ecología y Evolución, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Complutense de Madrid, España.
[2]Instituto de Ecología, Universidad Nacional Autónoma de México, México.
[3]Department of Genetic Medicine and McKusick-Nathans Institute, Miller Research Building, Johns Hopkins University School of Medicine, Baltimore, Maryland, USA.
[4]Human Evolution Program, Department of Organismal Biology, Evolutionary Biology Centre, Uppsala University, Uppsala, Sweden.
[5]Departamento de Biología Evolutiva, Ecología y Ciencias Ambientales, Facultad de Biología, Universitat de Barcelona, España.

**Corresponding Author:* alport02@ucm.es

RESUMEN

Los agotes representan una de las poblaciones más misteriosas de Europa Occidental. Este grupo humano se ubica actualmente en el barrio de Bozate, Arizkun (Navarra). En el pasado su distribución fue mucho más amplia, aunque se desconoce su verdadero origen poblacional. Este colectivo sufrió una fuerte marginación social hasta el siglo XX. Aunque existen diversas teorías acerca de su procedencia – y, por tanto, de los motivos de su exclusión – (sarracenos, vikingos, visigodos, judíos, cátaros), la mayor parte de ellas carecen de rigor científico. Los objetivos de este trabajo son identificar el origen de los agotes, reconstruir su historia y explorar las posibles causas de su discriminación. Para ello, se dispone de un conjunto de datos genómicos (~ 620.000 SNPs) de 125 muestras de individuos procedentes de Bozate, Valle del Baztan y Navarra. La caracterización genotípica se llevó a cabo mediante el microarray Axiom™ Genome-Wide Human Origins. Los genotipos se unieron con datos de referencia y se analizaron mediante herramientas computacionales para conocer la estructura genética (PCA y fineSTRUCTURE), el perfil de ascendencia (ADMIXTURE) y la historia demográfica (IBDNe). Los resultados permiten descartar las teorías relacionadas con un origen remoto, apuntando a un origen local. Se detecta un cuello de botella alrededor de los siglos X-XIII, que podría coincidir con el inicio de su marginación y de su génesis como grupo. Finalmente, se aprecia un elevado coeficiente de parentesco entre los individuos de la población agote, posiblemente como consecuencia del aislamiento social y biológico mantenido durante siglos.

Palabras clave:

Agotes
Bozate
Marginación social
Genómica computacional
Parentesco

Recibido: 21-01-2026
Aceptado: 29-07-2026

ABSTRACT

The Agotes are one of the most mysterious groups in Western Europe. This community is currently located in the Bozate neighborhood of Arizkun (Navarra). In the past, their presence was much more widespread, although their true origins remain unknown. This group suffered severe social marginalization until the 20th century. Although there are various theories regarding their origins—and, consequently, the reasons for their exclusion—(Saracens, Vikings, Visigoths, Jews, Cathars), most of them lack scientific rigor. The objectives of this study are to identify the origin of the Agotes, reconstruct their history, and explore the possible causes of their discrimination. To this end, a genomic dataset (~ 620,000 SNPs) from 125 samples of individuals from Bozate, the Baztan Valley, and Navarre is available. Genotypic characterization was performed using the Axiom™ Genome-Wide Human Origins microarray. The genotypes were aligned with reference data and analyzed using computational tools to determine genetic structure (PCA and fineSTRUCTURE), ancestry profile (ADMIXTURE), and demographic history (IBDNe). The results rule out theories regarding a distant origin, pointing instead to a local origin. A bottleneck is detected around the 10th to 13th centuries, which could coincide with the onset of their marginalization and the emergence of the group. Finally, a high kinship coefficient is observed among individuals in the Agote population, possibly as a result of the social and biological isolation maintained over centuries.

Keywords:

Agotes
Bozate
Social marginalization
Computational genomics
Inbreeding

ISSN: 2253-9921
© 2026 Sociedad Española de Antropología Física

Introducción

La población agote consiste en una población humana que forma parte del conjunto de grupos singulares de la Península Ibérica, entre los que también se encuentran otros genéticamente caracterizados, como los chuetas (Ferragut et al., 2020), los maragatos (Larruga et al., 2001), los pasiegos (Maca-Meyer et al., 2003) y los vaqueiros de alzada (Gómez et al., 2014). Las fuentes históricas indican que en el pasado los agotes se distribuían en ambas vertientes del Pirineo Occidental. En la actualidad, el único colectivo identificado como agote reside en el Barrio de Bozate, perteneciente a la localidad navarra de Arizkun, ubicada en el Valle del Baztan, situado en el norte de Navarra y muy próximo a la frontera con Francia. La principal singularidad de esta población es que se desconoce su origen, aspecto íntimamente relacionado a la fuerte discriminación social a la que fueron sometidos durante siglos por parte de los pueblos vecinos no agotes, que los mantuvieron excluidos del ámbito social y religioso hasta el siglo XX. La primera referencia histórica del término "agote" corresponde al año 1.000 d.E.C. (Michel, 1847). Otras referencias posteriores datan la existencia de este grupo en 1.266 (Lizarraga, 2025) y 1.500 (Idoate, 1948, 1973), fechas que varían en función de las diferentes fuentes bibliográficas. Actualmente la opresión hacia este pueblo ya no existe, aunque siguen sin conocerse las causas de su marginación, las cuales posiblemente se encuentran vinculadas a su origen poblacional.

Los agotes no poseen ningún rasgo físico ni cultural que los diferencie de los grupos de su entorno. De todas formas, a lo largo de la historia se han propuesto hipótesis de diferente naturaleza para justificar la marginación a las que se les sometió, aunque ninguna de ellas cuenta con una sólida evidencia científica que las respalde. Realizando una sistematización de estas hipótesis, existe un grupo que propone un origen foráneo de los agotes, como son las teorías que apoyan un origen judío, defendiendo la idea de que los agotes eran descendientes de los constructores del Templo de Salomón en Jerusalén durante el siglo X a.E.C., los cuales fueron expulsados por su deficiente trabajo (Du Bosquets, 1635; Lardizabal y Uribe, 1730). Otra de las hipótesis englobadas en este grupo es la teoría sarracena. En este caso, los agotes serían soldados procedentes del norte de África que se dispersaron a lo largo de la frontera franco-española tras la derrota musulmana en la batalla de Poitiers en el año 732 d.E.C. (Perochegui, 1760). Un grupo de investigadores defiende un origen vikingo, que se basa en documentos que atestiguan la llegada de exploradores vikingos a la región cantábrica y a Euskadi a mediados del siglo IX d.E.C. (Legarreta y Santxotena, 2018). La última teoría perteneciente a este grupo es la que plantea que los agotes descienden de los godos, una población de procedencia centroeuropea que practicaba el arrianismo, una herejía que se contraponía al catolicismo (Florimond, 1607; Marca, 1640; Vizcay, 1687, Michel, 1847). Además, existe otra teoría que relaciona a los agotes con el catarismo, otra herejía que tuvo sus últimos reductos en el sur de Francia, según la cual, los agotes serían los cátaros que huyeron de la Cruzada Albigense durante el siglo XIII d.E.C. (Moret y Mendi, 1695). Finalmente, y englobadas en otro grupo, existen hipótesis que proponen un origen poblacional local, argumentando que las causas de la marginación tuvieron que ser culturales y/o sociales (Rochas, 1876; Roussel, 1893).

Aunque se conoce poco sobre los agotes, estos han sido descritos y caracterizados por muchos etnógrafos franceses y españoles (Michel, 1847; Cordier, 1866; Uranzu, 1955; Fabre, 1987; Antolini, 1989; Ricau, 1999; Descazeaux, 2002; García-Egocheaga, 2003; Aguirre Delclaux, 2006; Arburua Olaizola, 2015). Hasta la fecha, solo un estudio ha buscado explorar su ascendencia mediante observaciones antropométricas y marcadores genéticos clásicos (Hors, 1951). Sin embargo, esta población aún no ha sido caracterizada mediante marcadores genómicos. Por ello, se plantea este estudio genómico en el que se pretenden alcanzar los siguientes objetivos: i) determinar el origen de los agotes; ii) identificar las posibles causas de su discriminación; iii) reconstruir su historia demográfica y iv) evaluar su grado de aislamiento genético.

Material y Métodos

Toma de muestras y extracción de ADN

Se tomaron muestras de ADN de 125 individuos mediante raspado bucal de donantes voluntarios procedentes de Bozate (N = 68; 11 agotes y

57 agotes autoidentificados como mestizos), Valle del Baztan (N = 21) y Navarra (N = 36). Es preciso matizar que la etiqueta poblacional Navarra hace referencia a población general de la comunidad autónoma de Navarra, excluyendo el Valle del Baztan. A los donantes se les explicó la naturaleza y los objetivos del proyecto, proporcionándoles un consentimiento informado. Además, se les realizó una encuesta con el fin de recabar información acerca de sus orígenes, de los de sus padres y de sus cuatro abuelos, así como las relaciones familiares que pudieran existir entre ellos. El ADN se extrajo mediante precipitación salina, se cuantificó por fluorimetría (Qubit/Nanodrop 3300) y se evaluó la integridad de la muestra con Genomic DNA Screen Tape (Tapestation 2200). El estudio se diseñó de acuerdo con los principios éticos estipulados en la Declaración de Helsinki y recibió la aprobación por parte del Departamento de Universidad, Innovación y Transformación Digital del Gobierno de Navarra (número de referencia: 594556). Todos los participantes dieron su consentimiento informado mediante formularios firmados por ellos mismos y por el investigador principal del proyecto.

Conjunto de datos genotípicos

Las 125 muestras inéditas de ADN fueron genotipadas mediante el microarray Axiom™ Genome-Wide Human Origins, obteniendo un conjunto de datos de un total de 619.036 polimorfismos de solo nucleótido (SNPs). Para aportar un contexto genómico y poner a prueba las diferentes teorías que existen sobre el origen de los agotes, se incorporaron datos de poblaciones de referencia genotipadas con el mismo microarray. De la base de datos Allen Ancient DNA Resource (Mallick et al., 2024), se obtuvieron datos para un total de 533 individuos procedentes de poblaciones con ascendencia representativa de los posibles orígenes: Oriente Medio (ascendencia judía), norte de África (ascendencia sarracena), norte de Europa (ascendencia vikinga), centro de Europa (ascendencia goda), así como poblaciones de Europa occidental, específicamente cercanas geográficamente a Bozate, como vascos españoles, vascos franceses y poblaciones del sur de Francia (Figura 1).

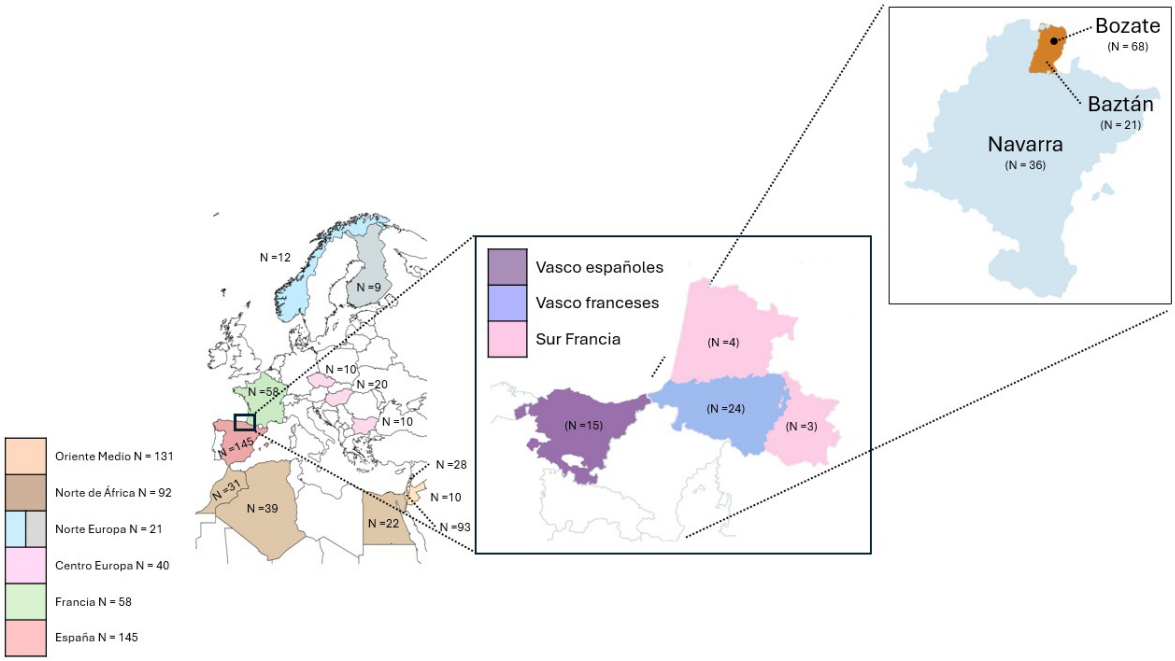

Figura 1. Localización de las muestras utilizadas en este estudio. Solo las muestras de Bozate, Baztan y Navarra son inéditas, las demás proceden de la base de datos Allen Ancient DNA Resource (Mallick et al., 2024).

Control de calidad de los datos

Para cada conjunto de datos se llevó a cabo el mismo control de calidad. Se seleccionaron solo SNPs autosómicos con VCFtools (0.1.16) [vcftools --chr 1-22] (Danecek et al., 2011), se eliminaron los SNPs invariantes con BCFtools 1.22-3-g15746941 [bcftools

view -c 1] (Danecek et al., 2021) y se filtraron SNPs e individuos con un 5% y 10% de ausencia de datos con PLINK v1.9 [--geno 0.05 --mind 0.1] (Purcell et al., 2007). Tras el control de calidad, el conjunto de datos de este estudio contenía 461,261 SNPs y estaba conformado por 125 individuos, mientras que el conjunto de datos de referencia conservaba 549,078 SNPs y contenía 526, ya que se eliminaron 7 individuos procedentes de Marruecos. Ambos conjuntos de datos se unieron con PLINK v1.9, dando lugar a una base de datos con 427,179 SNPs comunes, la cual volvió a pasar el mismo control de calidad, quedando, al final, una base de datos con 427,044 SNPs y 651 individuos.

Análisis de individuos emparentados

Las relaciones de parentesco dentro del conjunto de datos pueden alterar los análisis genómicos. Dado que la población agote ha sido marginada, y como consecuencia aislada durante siglos, esta circunstancia se tiene que ver reflejada en una elevada endogamia y, como consecuencia, en relaciones consanguíneas. De hecho, muchos donantes ya reflejaron en las encuestas su relación de parentesco con otros participantes del estudio. Por ese motivo, se decidió abordar el problema de la distorsión causada por individuos emparentados mediante la detección de "outliers" con smartPCA (Patterson, Price y Reich, 2006). Después se evaluaron las relaciones de parentesco entre los "outliers" con KING v2.3.2 (Manichaikul et al., 2010). Todas las muestras de individuos emparentados se eliminaron antes de ejecutar PCA, ADMIXTURE, ChromoPainter y fineSTRUCTURE, y se reintrodujeron posteriormente siguiendo métodos de proyección.

Estructura genética y ascendencia global

Se realizó un análisis de la estructura genética y de la ascendencia global a dos niveles: uno general, incluyendo a todas las poblaciones contempladas en el estudio y otro utilizando solo las poblaciones europeas. Se llevó a cabo un Análisis de Componentes Principales con smartPCA y un análisis de la ascendencia global con ADMIXTURE v1.3.035 (Alexander, Novembre y Lange, 2009) desde K = 2 a K = 10. La prueba de validación cruzada ("cross validation"), permitió identificar qué agrupación presentaba un menor error estadístico. Los resultados se graficaron con PONG v1.5.59 (Behr et al., 2016).

Obtención de haplotipos

Para realizar métodos basados en datos haplotípicos, los genotipos fueron convertidos a haplotipos (faseo o "phasing") con SHAPEIT v2.64 (O'Connell et al., 2014). Se utilizaron los haplotipos The 1000 Genomes Project Phase 3 como datos de referencia y el genoma de referencia HapMapII GRCh37 como mapa genético. Se eliminaron un total de 2,004 SNPs debido a la presencia de "mismatches" con respecto al panel de SNPs de referencia y errores mendelianos.

Estructura fina de la población basada en haplotipos

Los programas ChromoPainterv2 y fineSTRUCTURE (Lawson et al., 2012) son métodos basados en haplotipos que se aplicaron con el fin de determinar la posición filogenética de los agotes dentro del marco genético de las muestras europeas y con el objetivo de establecer sus relaciones a un nivel microgeográfico.

Inferencia demográfica

Se calcularon los segmentos idénticos por descendencia ("Identity-by-Descent" – IBD) con hap-IBD (Zhou, Browning y Browning, 2020) para todos los agotes (N = 68). Esta información se utilizó para inferir los patrones de tamaño efectivo poblacional (Ne) y la historia demográfica en las 100 últimas generaciones (AP) mediante IBDNe (Browning y Browning, 2015).

Resultados

Análisis de individuos emparentados

Tras el análisis, se detectaron 61 individuos emparentados en la población agote: 8 agotes y 53 agotes mestizos. Se eliminaron todos aquellos con un coeficiente ≥ 0.0442, que corresponde a un tercer grado de parentesco o superior, según la documentación del software KING. De los 61 individuos detectados, el 90% presentaron un coeficiente de parentesco superior a 0.2 (que corresponde a un primer grado de parentesco).

Estructura genética y ascendencia global

Con el fin de realizar una primera aproximación a la estructura genética y la ascendencia global de la población agote en el contexto de las poblaciones de referencia, se llevó a cabo un PCA y un análisis mediante ADMIXTURE a nivel general y a nivel europeo (Figura 2).

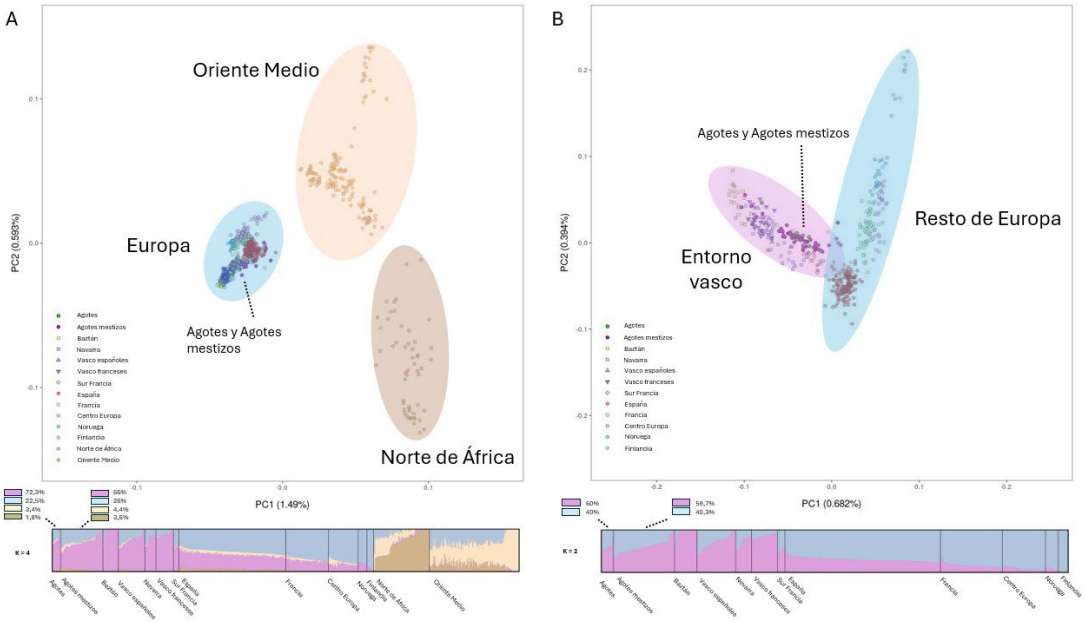

Figura 2. Estructura genética de las poblaciones mediante Análisis de Componentes Principales (PCA: PC1 *vs*. PC2) y ascendencia global inferida con ADMIXTURE (Alexander, Novembre y Lange, 2009) para A) todas las poblaciones incluidas en el estudio, y para B) poblaciones de procedencia europea. Se muestran los resultados de ascendencia global correspondientes al valor de K de menor error según "*cross-validation*" (K = 4 y K = 2 para A y B, respectivamente). Se incluyen los valores medios poblacionales de los porcentajes de ascendencia correspondientes a cada componente (K) para agotes y agotes mestizos.

A nivel general (Figura 2A), el PCA muestra la conformación de tres grupos a lo largo de los PC1 y PC2, que corresponden a poblaciones de procedencia europea, norteafricana y de Oriente Medio. Los individuos agotes y agotes mestizos tienen similitudes genéticas con las poblaciones europeas. En cuanto al análisis de ascendencia global con ADMIXTURE, poniendo el foco en K = 4 (valor de K con el menor error de validación cruzada), se detectan perfiles de mestizaje resultado de mezclas procedentes de Oriente Medio, norte de África, Europa y vasca. La proporción estimada del componente vasco (morado) es el mayoritario tanto en los agotes (en promedio: 72.3%) como en los agotes mestizos (66%). El componente europeo (azul) es el segundo predominante en estas poblaciones, mostrando una relación inversa con el componente vasco: agotes (22.5%) y agotes mestizos (26%). En cuanto al componente procedente de Oriente Medio (beige), se observan proporciones relativamente bajas en los agotes mestizos (4.4%) y en los agotes (3.4%). Finalmente, el componente norteafricano (marrón) constituye el minoritario en estas poblaciones: agotes mestizos (3.6%) y agotes (1.8%).

Dado que inequívocamente los agotes tienen una mayor proximidad genética a otras poblaciones europeas y se separan de los grupos norteafricano y de Oriente Medio, se llevó a cabo un mismo análisis incluyendo solo poblaciones de origen europeo. A este nivel (Figura 2B), el PCA muestra un grupo central que representa a individuos de procedencia española. Este diferencia a su vez dos agrupaciones a lo largo del PC1: el entorno vasco (Baztan, Navarra, vascos españoles y franceses y poblaciones del sur de Francia), donde se incluyen tanto los agotes como los agotes mestizos, y el resto de las poblaciones europeas, entre las que se incluye Francia, Centroeuropa, Noruega y Finlandia. Atendiendo a los resultados de ascendencia global, para K = 2 (valor de K con el menor error de validación cruzada) se diferencian dos componentes: uno representativo de la ascendencia vasca (morado) y otro

de la europea (azul). Al igual que en el análisis a nivel general, el componente vasco es el mayoritario tanto en agotes (60%) como en agotes mestizos (59.7%), mientras que el componente europeo presenta una relación inversa, suponiendo un mayor aporte para los agotes mestizos (40.3%) que para los agotes (40%), aunque con diferencias muy sutiles.

Estructura genética a escala fina basada en haplotipos

Debido a la mayor cercanía genética de los agotes con las poblaciones de ascendencia europea, se analizó la estructura genética a escala fina basada en haplotipos incluyendo únicamente poblaciones europeas. Primero, se agrupó a los individuos en grupos genéticamente homogéneos con ChromoPainterv2 y después se infirió un dendrograma con fineSTRUCTURE, cuya información se sintetiza en la Figura 3. Los individuos europeos se clasifican en dos grupos principales, uno correspondiente a grupos del entorno vasco (Pirineos1, Pirineos2, Vascos1, Vascos2 y Baztan), en el que se incluyen tanto los agotes (Agotes) como los agotes mestizos (Agotes mestizos1 y Agotes mestizos2), y otra que comprende el resto de los grupos europeos (España1, España2, Centro Europa, Noruega, Finlandia, Centro Francia y Norte Francia).

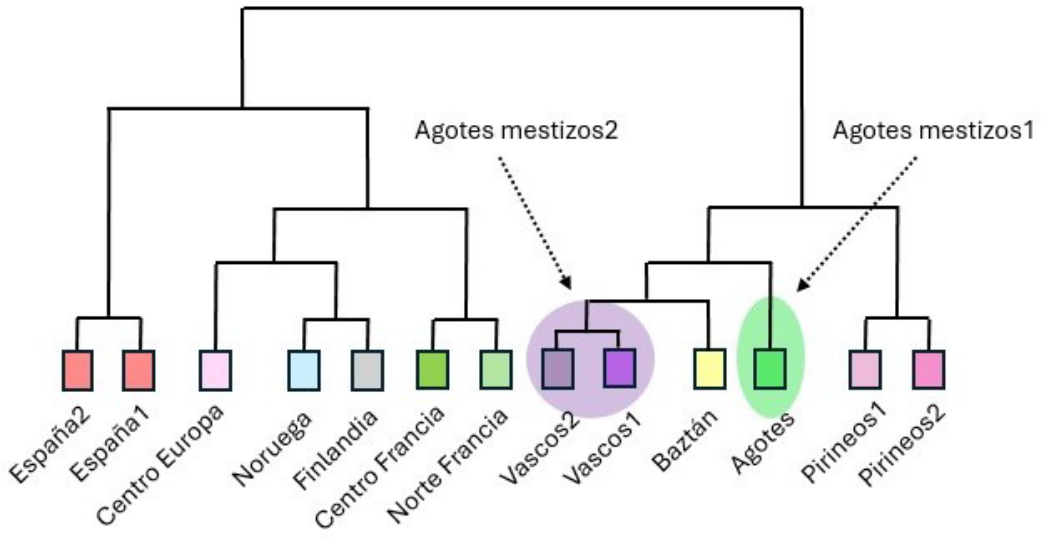

Figura 3. Estructura fina de la población basada en haplotipos. Se muestra el resumen del dendrograma obtenido con fineSTRUCTURE (Lawson et al., 2012) tras construir grupos genéticamente homogéneos con ChomoPainterv2 (Lawson et al., 2012) para las muestras procedentes de poblaciones europeas. Se observa que los agotes mestizos se agrupan en dos "*clusters*" diferentes: agotes, en el que se sitúan los agotes y agotes mestizos1, y vascos (vascos1 y vascos2), donde se ubican los agotes mestizos2.

Inferencia demográfica

En la inferencia de los patrones demográficos de la población agote, incluyendo a los agotes mestizos, a lo largo del tiempo (Figura 4), se aprecia la presencia de un cuello de botella, con un inicio de la reducción en el tamaño efectivo poblacional hace unas 48 generaciones, detectándose la mayor pendiente hace unas 43 generaciones y alcanzando el mínimo hace 32 generaciones.

Considerando 25 años por cada generación, el inicio del descenso demográfico se habría producido alrededor del año 800, la mayor caída, alrededor del año 945 y el mínimo demográfico hacia el año 1.224. Además, se detectó un tamaño efectivo de la población actual muy bajo, resultado que concuerda con la realidad demográfica actual del grupo. Este descenso se produce desde hace unas 18 generaciones, es decir, desde el año 1.570.

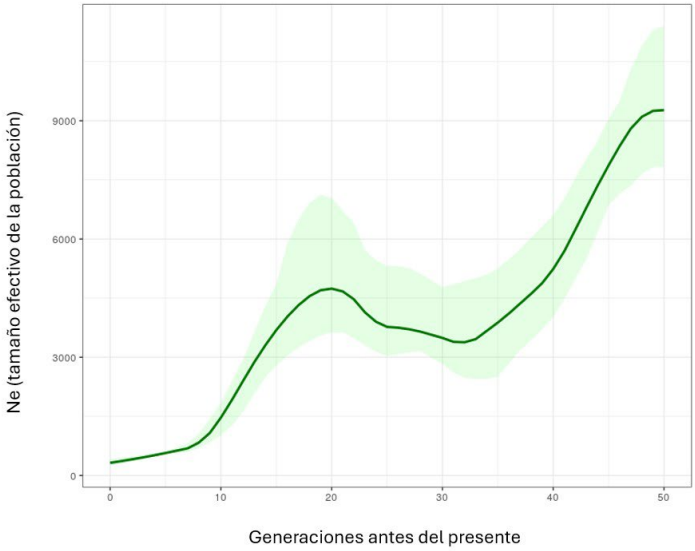

Figura 4. Inferencia demográfica para la población agote (incluyendo agotes mestizos) a partir de los segmentos IBD mediante IBDNe (Browning y Browning, 2015). El eje de las X muestra el tiempo en generaciones, mientras que el eje Y representa el tamaño efectivo de la población.

Discusión

El desconocimiento sobre el origen y las causas de la discriminación social hacia el pueblo agote no ha sido investigado desde una perspectiva genómica. Por ello, y con la intención de aportar información al misterioso origen de este colectivo, en este trabajo se utilizaron datos genotípicos procedentes de los pocos agotes auto-identificados como tales. Los resultados de la estructura genética (tanto a escala genotípica -PCA- como haplotípica -fineSTRCUTURE) y de ascendencia global (ADMIXTURE) permiten descartar de forma contundente algunas hipótesis que planteaban un origen geográficamente lejano de esta población. A nivel general (utilizando todas las muestras) en el PCA se puede observar que los agotes se sitúan dentro del contexto genético de las poblaciones europeas, alejándose de las agrupaciones que conforman los grupos procedentes del norte de África y Oriente Medio. De hecho, los resultados de ascendencia global indican que el componente ancestral mayoritario en los individuos agotes es el vasco, seguido del europeo, con pequeñas aportaciones del componente norteafricano y de Oriente Medio. Esto sugiere un cierto nivel de flujo génico desde las poblaciones norteafricanas y de Oriente Medio hacia la población agote, componente que también se detecta en los grupos de procedencia vasca. La interpretación más plausible es que se trata de sustrato genético basal procedente probablemente de un flujo génico entre vascos y poblaciones afines y poblaciones procedentes de otros lugares de España. Esta información permite eliminar todas aquellas hipótesis basadas en un origen remoto. Es decir, pueden obviarse las hipótesis conocidas como judía y sarracena ya que todas ellas suponen un origen genético que debería de manifestarse en forma de huellas genómicas en actual población agote.

Una vez descartadas las teorías que implicaban orígenes remotos, se focalizó la atención en el entorno europeo. A este nivel, el PCA muestra que los individuos agotes solapan con las poblaciones que conforman el entorno vasco (Baztan, Navarra, vascos españoles y franceses y poblaciones del sur de Francia). Además, el dendrograma basado en haplotipos agrupa a los agotes en el mismo conjunto de poblaciones anteriormente citadas, específicamente del entorno vasco. Ambos resultados confirmar una cercanía y sustrato común entre agotes y vascos.

Por otra parte, la lejanía genética de los agotes respecto al resto de poblaciones europeas (norte de Europa y Centroeuropa) indica una falta de similitud genética, lo que permite descartar las hipótesis basadas en un origen lejano dentro del contexto europeo, es

decir, las que presuponían un origen vikingo y las que apoyaban una ascendencia goda.

En general, los resultados ubican a los agotes dentro del panorama genético europeo, en concreto dentro del contexto de los ya genéticamente aislados vascos españoles y franceses (Flores-Bello et al., 2021), resaltando su estrecha relación genética con las poblaciones vecinas. En su conjunto, estas aportaciones destacan la afinidad genética de los agotes con la población vasca, sugiriendo un origen genético cercano.

Por otro lado, la historia demográfica de los agotes indica una caída del tamaño de la población hacia el año 945, que podría corresponderse con el origen de la marginación, lo que concuerda temporalmente con el inicio del uso de la palabra "agote" hacia el año 1.000 según algunas fuentes históricas (Michel, 1847). La reducción poblacional alcanza su mínimo hacia el año 1.224, en plena Edad Media. Por otro lado, el bajo tamaño efectivo de la población estimado mediante IBDNe encaja con los datos demográficos reales de la población del barrio de Bozate, que, según el censo de 2020, sería de unos 93 habitantes (INE, 2020).

Finalmente, el elevado parentesco observado en la población agote, con valores correspondientes a relaciones de primer grado de consaguinidad en el 90% de los individuos emparentados, se puede interpretar como una consecuencia de la marginación. Este comportamiento, llevado a cabo por las poblaciones del entorno, se refleja en un aislamiento social determinado por las barreras culturales destinadas a evitar matrimonios entre agotes e individuos no agotes.

Conclusiones

Las conclusiones que se pueden extraer de este estudio son las siguientes:

Los resultados obtenidos indican que el origen de la población agote es local, con una mayor similitud genética con las poblaciones geográficamente cercanas a Bozate (Baztan, Navarra, vasca y sur de Francia). Esos resultados permiten descartar las hipótesis que plantean un origen geográficamente lejano de esta población.

La inferencia demográfica apunta a un inicio de un cuello de botella sufrido hacia el año 945, lo que parece indicar un origen medieval de la marginación de los agotes.

La documentación histórica nos habla de una elevada marginación por parte de las poblaciones del entorno. Una de las consecuencias de este fenómeno se ve reflejada en el elevado grado de parentesco entre los individuos de esta población.

Referencias

Aguirre Delclaux M.C. (2006). Los agotes. El final de una maldición. Madrid: Sílex.

Alexander D.H., Novembre J., Lange K. (2009). Fast model-based estimation of ancestry in unrelated individuals. Genome Res 19(9): 1655-1664. doi: 10.1101/gr.094052.109

Antolini P. (1989). Los agotes. Historia de una exclusión. Madrid: Istmo.

Arburua Olaizola K. (2015). Agotes. Su verdadera historia. Pamplona: Relato histórico.

Behr A.A., Liu K.Z., Liu-Fang G., Nakka P., Ramachandran S. (2016). pong: fast analysis and visualization of latent clusters in population genetic data. Bioinformatics 32(18): 2817-2823. doi: 10.1093/bioinformatics/btw327

Browning S.R., Browning B.L. (2015). Accurate non-parametric estimation of recent effective population size from segments of identity by descent. Am J Hum Genet 97(3): 404-418. doi: 10.1016/j.ajhg.2015.07.012

Cordier E. (1866). Les cagots des Pyrénées. Pau: Petite Gazette.

Danecek P., Auton A., Abecasis G., Albers C.A., Banks E, DePristo M.A., et al. (2011). The variant call format and VCFtools. Bioinformatics 27(15): 2156-2158. doi: 10.1093/bioinformatics/btr330

Danecek P., Bonfield J.K., Liddle J., Marshall J., Ohan V., Pollard M.O., et al. (2021). Twelve years of SAMtools and BCFtools. Gigascience 10(2): giab008. doi: 10.1093/gigascience/giab008

Descazeaux R. (2002). Les cagots, histoire d'un secret. Portet-sur-Garonne: Princi Néguer.

Du Bosquets F. (1635). Ecclesiae Gallicanae. Paris: Apud Lonnmem Camusat.

Fabre M. (1987). Le mystère des cagots, race maudite des Pyrénées. Toulouse: MCT.

Ferragut J.F., Ramón C., Castro J.A., Amorim A., Álvarez L., Picornell A. (2020). Middle eastern genetic legacy in the paternal and maternal gene pools of Chuetas. Sci Rep 10(1): 21467. doi: 10.1038/s41598-020-78487-9

Flores-Bello A., Bauduer F., Salaberria J., Oyharçabal B., Calafell F., Bertranpetit J., Quintana-Murci L., Comas

D. (2021). Genetic origins, singularity, and heterogeneity of Basques. Curr Biol 31(10): 2167-2177.e4. doi: 10.1016/j.cub.2021.03.010

Florimond R. (1607). L'antichrist et l'antipapesse. Paris: chez Abel L'Angelier.

García-Egocheaga J. (2003). Minorías malditas: la historia desconocida de otros pueblos de España. Madrid: Susaeta Ediciones.

Gómez P., Gómez J., Corao A.I., De Canga J., Coto E. (2014). Effect of mitochondrial, APOE, ACE and NOS3 gene polymorphisms on cardiovascular risk factors among the Vaqueiros de Alzada, a Northern Spain human isolate. Ann Hum Biol 41(1): 94-97. doi: 10.3109/03014460.2013.822552

Hors P. (1951). Seroantropología e historia de los agotes. Vitoria: Fundación Sancho el Sabio.

Idoate F. (1948). Agotes en los Valles de Roncal y Baztan. Pamplona: Excma. Diputación Foral de Navarra, Institución Príncipe de Viana.

Idoate F. (1973). Documentos sobre agotes y grupos afines en Navarra. Pamplona: Excma. Diputación Foral de Navarra, Institución Príncipe de Viana.

Instituto Nacional de Estadística (INE). (2020). Nomenclátor: Población del Padrón Continuo por Unidad Poblacional. Bozate, Baztan, Navarra. Población a 1 de enero de 2020. Disponible en: https://www.ine.es/nomen2/. Consultado el 21 de enero de 2026.

Lardizabal y Uribe M. (1730). Apología por los agotes de Navarra y los chuetas de Mallorca: con una breve digresión a los vaqueros de Asturias. Pamplona: Viuda de Ibarra, Hijos y Compañía.

Larruga J.M., Díez F., Pinto F.M., Flores C., González A.M. (2001). Mitochondrial DNA characterisation of European isolates: The Maragatos from Spain. Eur J Hum Genet 9(9): 708-716. doi: 10.1038/sj.ejhg.5200691

Lawson D.J., Hellenthal G., Myers S., Falush D. (2012). Inference of Population Structure using Dense Haplotype Data. PLoS Genet 8(1): e1002453. doi: 10.1371/journal.pgen.1002453

Legarreta J., Santxotena X. (2018). El orgullo de ser agote. De la tradición a la proyección internacional. Donostia: Erein.

Lizarraga M. (2025). Agotes en Navarra: discriminación y costumbre contra legem. En: La historiografía jurídica ante el siglo XXI: IV Congreso de la Sociedad Española de Historia del Derecho: 139-171. Dykinson. Madrid.

Maca-Meyer N., Sánchez-Velasco P., Flores C., Larruga J.M., González A.M., Oterino A., Leyva-Cobián F. (2003). Y chromosome and mitochondrial DNA characterization of pasiegos, a human isolate from Cantabria (Spain). Ann Hum Genet 67(4): 329-339. doi: 10.1046/j.1469-1809.2003.00041.x

Mallick S., Micco A., Mah M., Ringbauer H., Lazaridis I., Olalde I., et al. (2024). The Allen Ancient DNA Resource (AADR) a curated compendium of ancient human genomes. Sci Data 11(1): 182. doi: 10.1038/s41597-023-02727-6

Manichaikul A., Mychaleckyj J.C., Rich S.S., Daly K., Sale M., Chen W.M. (2010). Robust relationship inference in genome-wide association studies. Bioinformatics 26(22): 2867-2873. doi: 10.1093/bioinformatics/btq559

Marca P. de (1640). Histoire de Bearn, contenant l'origine des rois de Navarre, des ducs de Gascogne, marquis de Gothie, princes de Bearn, comptes de Carcassonne, de Foix et de Bigorre. Paris: Chez la Veuve de Jean Camusat.

Michel F. (1847). Histoire des races maudites de la France et de l'Espagne. Paris: A. Franck, Librairie-Éditeur.

Moret y Mendi J. de (1695). Anales del reino de Navarra. Tomo II. Pamplona: Bernardo de Huarte.

O'Connell J., Gurdasani D., Delaneau O., Pirastu N., Ulivi S., Cocca M., et al. (2014). A general approach for haplotype phasing across the full spectrum of relatedness. PLoS Genet 10(4): e1004234. doi: 10.1371/journal.pgen.1004234

Patterson N., Price A.L., Reich D. (2006). Population structure and eigenanalysis. PLoS Genet 2(12): e190. doi: 10.1371/journal.pgen.0020190

Perochegui J. (1760). Origen de la nación bascongada y de su lengua. Pamplona: Herederos de Martínez.

Purcell S., Neale B., Todd-Brown K., Thomas L., Ferreira M.A.R., Bender D., et al. (2007). PLINK: A Tool Set for Whole-Genome Association and Population-Based Linkage Analyses. Am J Hum Genet 81(3): 559-575. doi: 10.1086/519795

Ricau O. (1999). Histoire des cagots. Portet-sur-Garonne: Princi Néguer.

Rochas V. de (1876). Les parias de France et d'Espagne (cagots et bohémiens). Paris: Librairie Hachette et Cie.

Roussel T. (1893). Cagots et lépreux. Bulletins et Mémoires de la Société d'Anthropologie de Paris IV(4): 148-160.

Uranzu L. de (1955). Lo que el río vio: biografía del río Bidasoa. Irun: Valverde.

Vizcay M. de (1687). Derecho de naturaleza que los naturales de las Merindad de San Juan de Pie de Puerto tienen en los reinos de la Corona de Castilla. Pamplona: Juan de Lanaja y Quartanet.

Zhou Y., Browning S.R., Browning B.L. (2020). A fast and simple method for detecting identity-by-descent segments in large-scale data. Am J Hum Genet 106(4): 426-437. doi: 10.1016/j.ajhg.2020.02.010