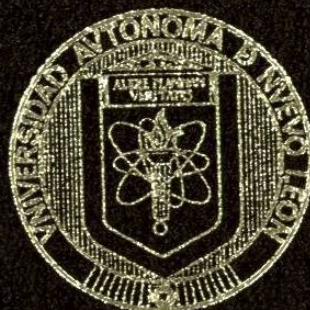


**UNIVERSIDAD AUTONOMA DE NUEVO LEON
FACULTAD DE CIENCIAS BIOLÓGICAS
DIVISION DE ESTUDIOS DE POSTGRADO**



**FRECUENCIAS DE GRUPOS SANGUINEOS
ABO, Rho (D), MN, E
ISONIMIA EN PERSONAS CON APELLIDOS
MONO Y POLIFILETICOS
DEL AREA METROPOLITANA
DE MONTERREY, NUEVO LEON.**

· TESIS

**QUE EN OPCION AL GRADO DE
MAESTRO EN CIENCIAS
CON ESPECIALIDAD EN GENETICA**

PRESENTA

Q.C.B. MA. DE LOS ANGELES ROJAS ALVARADO

MONTERREY, N. L.

MAYO DE 1991

TM

Z5320

FCB

1991

R61



1020091458

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE NUEVO LEÓN
FACULTAD DE CIENCIAS BIOLÓGICAS
DIVISIÓN DE ESTUDIOS DE POSTGRADO



FRECUENCIAS DE GRUPOS SANGUÍNEOS
ABO Rho (D) MN. E
SONIMIA EN PERSONAS CON APELLIDOS
MONO Y POLIFILÉTICOS
DEL ÁREA METROPOLITANA
DE MONTERREY NUEVO LEÓN

TESIS

QUE EN OPCIÓN AL GRADO DE
MAESTRO EN CIENCIAS
CON ESPECIALIDAD EN GENÉTICA

PRESENTA

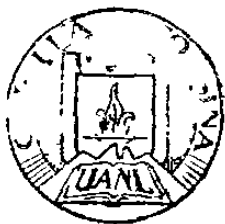
Q. C. B. MA. DE LOS ANGELES ROSA LVARADO

20

MONTERREY, N. L.

MAYO DE 9

TM
ZS320
FCB
1991
R61 .



FONDO TESIS

163652

UNIVERSIDAD AUTONOMA DE NUEVO LEON
FACULTAD DE CIENCIAS BIOLÓGICAS
DIVISION DE ESTUDIOS DE POSTGRADO

"FRECUENCIAS DE GRUPOS SANGUINEOS ABO, Rh₀(D), MN, E
ISONIMIA EN PERSONAS CON APELLIDOS MONO Y POLIFILETICOS
DEL AREA METROPOLITANA DE MONTERREY, NUEVO LEON."

TESIS

QUE EN OPCION AL GRADO DE
MAESTRO EN CIENCIAS
CON ESPECIALIDAD EN GENETICA

PRESENTA

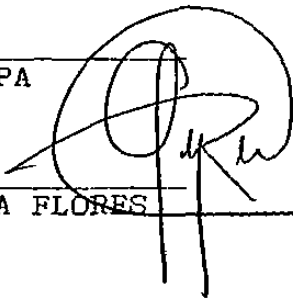
Q. C. B. MA. DE LOS ANGELES ROJAS ALVARADO

COMISION DE TESIS :

PRESIDENTE :


DR. RAUL GARZA CHAPA

SECRETARIO :


M. EN C. RICARDO M. CERDA FLORES

VOCAL :


M. EN C. CARLOS H. LEAL GARZA

MONTERREY, N. L.

MAYO DE 1991.

DEDICATORIA

A MIS PADRES:

EUGENIO ROJAS GRANJA
MARIA DEL PILAR ALVARADO DE ROJAS

Por su dedicación, cariño y espíritu de superación.

A MIS HERMANOS:

JUANI
EUGENIO
PAULINO
TOÑA
JESUS
KENA
MILI
MAGDA
FRANCISCO

Compañeros y amigos muy queridos en el camino de la vida.

A MIS HERMANOS POLITICOS Y SOBRINOS:

Que con su cariño y estímulo alimentan mi espíritu.

A G R A D E C I M I E N T O S

Al Dr. Raúl Garza Chapa y al M. en C. Ricardo Cerda Flores por sus sabios consejos, por apoyarme tanto para realizar mis estudios de maestría, como en el asesoramiento en la elaboración de esta tesis.

Al M. en C. Carlos H. Leal Garza, por su compañerismo y asesoramiento en la elaboración de este trabajo.

A la Unidad de Investigación Biomédica del Noreste del Instituto Mexicano del Seguro Social, por todas las facilidades que me otorgó para la realización, tanto de mis estudios de maestría como de esta tesis.

Al personal de laboratorio y consulta de las Unidades de atención médica Nos. 2, 5, 28, 31, 32, 37, por las facilidades otorgadas para aplicar las encuestas y obtención de muestras sanguíneas.

A los derechohabientes del I.M.S.S. por su amable colaboración.

A la M. en C. Roxana A. Rivera Prieto y a la Biól. Martha I. Dávila Rodríguez por su compañerismo y colaboración en la realización de las encuestas.

A la Q.C.B. Ma. de los Dolores López Lugo, por su amistad y por haber compartido un día la ilusión de llevar a cabo una investigación sobre isonimia.

A la M. en C. Adriana Sampayo Reyes, por su apoyo moral en mi estancia en la Facultad de Ciencias Biológicas.

A mis compañeros de trabajo, con cuya compañía es más agradable la jornada.

I N D I C E

RESUMEN	I
INTRODUCCION	1
ANTECEDENTES HISTORICOS	4
ANTECEDENTES CIENTIFICOS:	
I.- Grupos sanguíneos	7
a) Sistema ABO	7
b) Sistema Rh-Hr	8
c) Sistema MN	9
II.- Isonimia	9
MATERIAL	16
METODOS	18
RESULTADOS	22
DISCUSION	31
CONCLUSIONES Y PERSPECTIVAS	38
BIBLIOGRAFIA	41
CUADROS	47

R E S U M E N

Para conocer si las condiciones sociales y costumbres de la población fundadora, así como el proceso inmigratorio posterior, han influido en la estructura genética de la población del AMM, se planteó el presente estudio, tomando en consideración al apellido monofilético (origen único dentro de la población) y al polifilético (origen múltiple), cuya distribución geográfica es característica de la región y dispersa a través del país, respectivamente.

Se estimaron las frecuencias fenotípicas y génicas para ABO, Rh₀(D) y MN en 3,813 individuos seleccionados de acuerdo a su apellido monofilético (Cantú, Chapa, Garza, Montemayor y Treviño) o polifilético (García, González, Martínez, Rodríguez y Sánchez) del Area Metropolitana de Monterrey (AMM), N.L.,

Los resultados de mezcla génica y distancias genéticas con las poblaciones antecesoras Española e Indígena, indicaron que el grupo monofilético presenta una mayor contribución Española que el grupo polifilético.

Al estudiar la distribución de frecuencias de los apellidos aquí estudiados, se observó que todos seguían la distribución muestral discreta de Pareto.

Los valores de relación por isonimia (R_i) indican que ésta es mayor al comparar el grupo monofilético entre sí que el calculado en el polifilético entre ellos mismos.

Los valores más altos para coeficiente de endogamia (F_T), se encuentran en el grupo monofilético y debidos a un componente no al azar (F_{IS}), en el grupo polifilético los valores son más bajos pero también el F_{IS} se encuentra en mayor proporción.

Se considera al grupo monofilético como una población más representativa de la fundadora del Estado de Nuevo León, a diferencia de la población polifilética, que se asemeja más a otras poblaciones del resto del país cuya influencia Indígena es mayor. Estos resultados apoyan a lo informado para poblaciones seleccionadas por el lugar de origen de los abuelos de las personas estudiadas. Se considera al apellido como un buen marcador genético para la población del AMM.

I N T R O D U C C I O N

La población fundadora de la ciudad de Monterrey se caracterizó por ser endogámica, por una parte por motivos culturales propios y por otra por las características de la población autóctona, cuyo estado social era el nomadismo, y con la que vivía en constantes luchas. En el establecimiento de la población fundadora, venían personas con apellidos únicos conocidos en la actualidad como monofiléticos y personas que compartían su apellido con otros pobladores por lo que se les conoce como polifiléticos por su origen múltiple.

Se han efectuado varias investigaciones para estudiar la estructura genética de la población actual del Area Metropolitana de Monterrey (AMM). Dado que desde inicios del presente siglo dicha área ha estado sujeta a un importante proceso de inmigración, la población ha sido subdividida, para su estudio, por el lugar de origen de los abuelos, por generaciones y por estrato socioeconómico.

Se pretende complementar el conocimiento de la estructura genética de la población del AMM e introducir la utilización del apellido como marcador genético para los estudios de genética de las poblaciones del AMM en población seleccionada, pa-

ra estimar las frecuencias de grupos sanguíneos, coeficiente de endogamia por medio de isonimia marital y sus relaciones por isonimia.

A su vez, se está intentando conocer si el proceso inmigratorio ha afectado la estructura genética de la población del AMM en general, o si la población considerada como originaria del área (con apellido monofilético) se ha mantenido cerrada, lo cual conllevaría a un aumento en la incidencia de enfermedades de origen genético en dicha población, por lo que se espera coadyuvar a la evaluación del riesgo de aparición de genopatías, muchas de las cuales están codificadas por genes recesivos, que tienen una mayor probabilidad de encontrarse en dosis doble si las poblaciones son endogámicas.

Dados los antecedentes históricos, se planteó la siguiente hipótesis: se considera que las personas con apellidos monofiléticos deben de tener mayor uniformidad genética entre ellos y parecerse más a los europeos occidentales que las personas con apellidos polifiléticos. Igualmente, desde el punto de vista isonímico, los monofiléticos tendrán más relación entre ellos y un coeficiente de endogamia mayor que los polifiléticos.

Para apoyar o refutar esta hipótesis, se establecieron los siguientes objetivos:

- 1.- Estimar las frecuencias fenotípicas y génicas para grupos sanguíneos ABO, Rh_o(D) y MN, en personas del AMM seleccionadas por sus apellidos monofiléticos y polifiléticos.
- 2.- Medir el grado de contribución de las poblaciones antecesoras, Española, Indígena y Africana, en ambos grupos de apellidos, mediante el cálculo de mezcla génica.
- 3.- Estimar las distancias genéticas entre los apellidos seleccionados mono y polifiléticos, y con respecto a las poblaciones antecesoras.
- 4.- Estudiar la distribución de frecuencias de los apellidos seleccionados (distribución muestral discreta de Pareto) con respecto a los apellidos con los cuales se unen: porcentaje de apellidos únicos, diferentes y compartidos.
- 5.- Calcular el coeficiente de relación por isonimia (R_I) para los apellidos seleccionados de origen paterno y materno.
- 6.- Calcular el coeficiente de endogamia (F_T, así como F_{IS} y F_{ST}) para los apellidos seleccionados.

ANTECEDENTES HISTORICOS

La ciudad de Monterrey fue objeto de tres fundaciones: en 1577 por Alberto del Canto, quien pobló el Valle de Extremadura y le llamó Ojos de Santa Lucía; en 1583 Luis Carvajal y de la Cueva pobló en la parte norte y le llamó Villa de San Luis, más que una fundación fue una repuebla; el 20 de septiembre de 1596, Diego de Montemayor funda la ciudad Metropolitana de Nuestra Señora de Monterrey. Estos tres personajes estaban relacionados entre si cuando menos desde 1573, ya que eran de origen portugués y probablemente algunos de ellos judíos sefarditas, no necesariamente judaizantes, hecho histórico relevante para analizar y comprender la estructura de la población del AMM, ya que se habla de que en la segunda mitad del siglo XVI arribaron al Noreste de la Nueva España, gran número de sefarditas que apoyaron a Luis de Carvajal en la fundación del Nuevo Reino de León, muchos se avecindaron en los actuales estados de Nuevo León y Coahuila, y gran parte de la presente población descende de ellos, "este grupo de colonos de origen sefardí, estaban muy unidos, formando clanes, o cuando menos grupos familiares de gran cohesión, dentro de los cuales había una clara tendencia endogámica, con matrimonios entre parientes muy cercanos..." (15).

Estas costumbres y la escasa posibilidad de mezcla con los aborígenes nómadas de esta región, ya que vivían en constantes luchas, pudo también contribuir a la endogamia de la población colonizadora.

Entre los primeros colonizadores, venían personas con apellidos únicos, por lo que se les conoce como monofiléticos y cuya distribución geográfica actual se localiza en el noreste de México (56) y personas que compartían el mismo apellido, conocidos éstos como polifiléticos por su origen múltiple y distribuidos en la actualidad en toda la República Mexicana. Otra característica de estos pobladores, la constituye el hecho de que en ocasiones, los hijos tomaban como primer apellido tanto el de origen paterno como el materno (56), asemejándose al sistema de apellidos portugués, en el que el apellido de la madre es primero, seguido por el apellido del padre, el cual es transmitido del padre al hijo en segundo lugar, manteniéndose el sistema de herencia ligado al cromosoma Y (63).

Durante los tres siglos siguientes, se tuvo poca inmigración y ésta consistió de españoles y mestizos de los estados del Centro y Noreste de México y también de algunos indígenas, principalmente Tlaxcaltecas (15).

Cuando la invasión francesa 1861-1867, algunos europeos occidentales llegaron al área (68). La inmigración empezó a aumentar al iniciarse el desarrollo industrial del AMM, a fines del siglo XIX y ésta se ha incrementado considerablemente a partir de 1940, procediendo principalmente de los estados de San Luis Potosí, Tamaulipas, Zacatecas y la ciudad de México, D. F. (57).

ANTECEDENTES CIENTIFICOS

I.- Grupos Sanguíneos.

El estudio de los antígenos presentes en la membrana del eritrocito, los cuales le confieren una identidad particular, es determinante en terapéutica transfusional y de interés y utilidad en el campo de la genética, ya que entre otras aplicaciones, podemos mencionar las investigaciones de paternidad y de poblaciones en las que las frecuencias de ciertos grupos sanguíneos son características (14).

a).- Sistema ABO.

En el año de 1900, Landsteiner demostró la existencia de los grupos sanguíneos ABO, con sus respectivos antígenos en glóbulos rojos y anticuerpos en el plasma o suero (14), los cuales están determinados genéticamente por tres genes alelos: el A, el B y el O. Los dos primeros dan lugar a antígenos característicos para cada uno de ellos, mientras que el gen O no codifica para ningún antígeno conocido, el antígeno A puede ser detectado con diversas variantes, de las cuales la más frecuente es la A1, siguiéndole después la A2 (50), la Am y Ax son variantes débiles (3, 78). El sistema ABO se localiza en el cromosoma 9(q34) ligado a adenilato quinasa-1 (55).

Se ha investigado en diferentes poblaciones del mundo (58), entre ellas grupos indígenas (50), así como en poblaciones del norte del país (26 al 31), ya que este sistema es de interés tanto clínico como antropológico.

b).- Sistema Rh-Hr.

Este sistema fue descubierto en 1940 por Landsteiner y Weiner, su nombre deriva de las reacciones del suero de conejo anti-mono Rhesus con células rojas humanas, las que reaccionaban fueron llamadas Rh positivas y las no reactivas Rh negativas. El antígeno Rh, considerado común al mono Rhesus y a células humanas corresponde al antígeno D en la nomenclatura CDE. Los antígenos Rh son determinados genéticamente por dos dosis de alguna de las formas de una secuencia de D, C y E y esos tripletes son heredados como unidades dentro del locus Rh (3), se localiza en el cromosoma 1(p36.2-p34 orden: 1pter --D-C-E --cen) (55). Después del ABO, el sistema Rh-Hr es el más importante en clínica (14), se ha utilizado también en el estudio de poblaciones y las investigaciones varían en complejidad, ya que en algunas son utilizados cinco antisueros para los diferentes antígenos que componen este sistema: D, C, E, c y e, mientras que otras sólo utilizan el antisuero anti-D (50, 58).

Debido a su importancia clínica y antropológica, ha sido estudiado en diferentes poblaciones del mundo (58), así como en poblaciones indígenas y mestizas (50) y del norte del país (26 al 31).

c).- Sistema MN.

El conocimiento de el sistema MN se debe a Landsteiner y Levine, quienes en 1927 obtuvieron los anticuerpos correspondientes a los antígenos M y N (14), codificados por dos genes alelos cuyas combinaciones dan lugar a los grupos sanguíneos M, MN y N. Después de varios intentos de conocer su localización cromosómica (32, 76) se sabe que su localización precisa es en el cromosoma 4(q28-q31) (55). Aunque en menor grado que el sistema ABO y el Rh_o(D), el MN también es de interés clínico y antropológico en estudios de poblaciones (2, 4).

Se han efectuado diversas investigaciones sobre este sistema en diferentes poblaciones del mundo (58) población mexicana indígena y mestiza (50) y del norte del país (6, 7, 8, 28, 29, 31).

II.- Isonimia.

El descubrimiento de la posible utilidad de modelos de ape-

llidos en estudios genéticos, data de fines del siglo pasado. Yasuda y Morton en 1967, investigando la historia del uso de modelos de apellidos para el estudio de coeficiente de endogamia humana, encontraron que en 1875, George Darwin escribió un artículo en *The Journal of The Statistical Society*, en el cual hace referencia al hecho de que su padre Charles Robert Darwin y su madre, fueron primos en primer grado, y preocupado por las consecuencias de la consanguinidad, quiso conocer la frecuencia de matrimonios entre primos en Inglaterra, a su vez dedujo que la posibilidad de contraer matrimonio con una persona del mismo apellido, sería proporcional a la frecuencia del apellido en la población. Posteriormente Arner en 1908, utilizando el método de Darwin, efectúa un estudio similar de matrimonios entre primos en el siglo XVIII en Nueva York y siglo XIX en Ohio (40). En 1964 James F. Crow da crédito a H. J. Muller, quien en la década de los años cuarenta, sugirió el uso de los apellidos en modelos genéticos de endogamia. Crow y Mange en el año de 1965 proponen el término isonimia, que en su definición más simple es la posesión del mismo apellido por dos o más personas. La llamaron "isonimia marital" y la definieron como "la tasa de endogamia que equivale a un cuarto de la frecuencia de matrimonios entre las personas del mismo apellido" (40).

En posteriores investigaciones, el apellido ha sido utilizado como marcador genético, cuyo mecanismo de herencia se compara al de un sistema de alelos múltiples (40, 47, 52) neutrales a selección natural (54, 81) con una mayor complejidad que el sistema de histocompatibilidad HLA (39). En sociedades patronímicas, el apellido es heredado por línea masculina (35, 79) ya que se transmite como si fuera ligado al cromosoma Y o como rasgo haploide, excepto que las mujeres lo heredan pero no lo transmiten (54, 81), y así como a otros sistemas, se le ha asociado con características genéticas (41, 74), origen racial (73, 74) y diversas patologías (17, 21, 69).

Además de marcador genético, el apellido ha sido utilizado como indicador de grupo étnico (40, 69). Se han llevado a cabo varias investigaciones con apellidos hispanos (17, 21, 41, 49, 63, 69). En 1960 Shaw reconoce la ventaja de estos apellidos porque en su sistema de herencia se utiliza tanto el paterno como el materno, a diferencia de los anglosajones que sólo utilizan el paterno (40).

Tay y Yip en 1984 (75), buscaron la relación del coeficiente de endogamia estimado por isonimia (FI) y el promedio del coeficiente de endogamia estimado por frecuencias de matrimonios consanguíneos (FD), encontraron que FI es a veces más al-

ta que FD, hecho que atribuyen al origen polifilético de los apellidos. Las otras razones que encuentran son las siguientes: cuando el número de apellidos es pequeño, dando un valor alto para isonimia al azar (Pr), cuando FD es bajo, especialmente cuando la isonimia al azar (Pr) es más alta que FD por lo que se sobreestima el coeficiente de endogamia. Los estudios de estos investigadores, muestran que el método de isonimia sobreestima el coeficiente de endogamia promedio cerca de cuarenta veces (75), mientras que Lasker hace la observación de que el apellido va muchas generaciones atrás, donde se pierde el conocimiento de los datos de consanguinidad (39).

Lasker y Kaplan en 1985 (43), propusieron una nueva medida para subdivisión de la población en el estudio de apellidos y estructura genética: la proporción de pares repetidos (RP). Observaron que los pares de apellidos repetidos encontrados en una pareja y otras de la misma población, pueden ser una medida de la endogamia de ésta, a través del tamaño y subdivisión de la población, comparando la frecuencia de cada instancia repetida con la frecuencia de repeticiones obtenidas al azar.

En 1985, Chakraborty introduce una modificación al cálculo de RP. Establece que su interpretación depende de la relación de niveles observados y esperados por unión al azar de un hom-

bre y una mujer. Estima las uniones isonímicas esperadas al azar (RPr) y la varianza muestral de RP y RPr (11). Además, Lasker y Col. en 1986, modifican su fórmula para RP y su significancia para la estructura de la población, la nueva fórmula se conoce como RP2 (48).

Lasker en 1977, propone el estudio de coeficiente de relación por isonimia para estimar la relación genética entre poblaciones (36). Se han llevado a cabo varias investigaciones posteriores aplicando este parámetro (37, 38, 44, 49, 70, 71), para describir cambios históricos (34) y tendencia secular (45).

En general, los estudios de isonimia llevan como finalidad medir el grado de endogamia de una población, se han efectuado varias investigaciones dirigidas específicamente a poblaciones aisladas geográfica o socialmente (9, 16, 19, 20, 61, 66, 75), así como a poblaciones que se relacionan intrapoblacionalmente por grupos ocupacionales (70, 71).

La isonimia también ha sido aplicada para grupos que presentan un claro comportamiento exogámico (1, 79) y en otras poblaciones que a pesar de ser endogámicas, una parte de ellas es siempre exógama (46).

Así como isonimia puede informar sobre aspectos biológicos, también lo hace sobre aspectos sociales, ya que por sus estudios se han encontrado grupos con uniones preferenciales (54). Desde el punto de vista demográfico, se han efectuado estudios por isonimia para valorar migración y movilidad marital (10, 24, 39, 42, 62, 80), también se ha aplicado en forma diacrónica en poblaciones comparando las frecuencias de apellidos en interperíodos y correlacionando sus resultados con movimiento y distancia maritales (16, 18, 46) y patrón migratorio (25, 76), igualmente algunos apellidos tienden a presentar una distribución geográfica particular en los diferentes lugares y grupos sociales (42, 47, 52, 53, 54, 72, 73, 81).

Fox y Lasker, observaron que el porcentaje de apellidos únicos es superior al de apellidos compartidos por la población, y comparan la distribución de frecuencias de los apellidos con la distribución discreta de Pareto, es decir, presenta una curva asimétrica negativa unimodal, con una moda cuando los apellidos son poseídos por una sola persona y una muy larga cola cuando los apellidos son compartidos, lo cual quiere decir que la mayor parte de los apellidos en una muestra son únicos y el más común, que se presenta entre varias personas, es la cantidad más pequeña de apellidos a los que sucede esto (23).

Las fuentes de obtención de datos sobre apellidos, varían desde registros de bautizo (45), matrimonio (9,10, 16, 24, 34, 42, 47, 48, 52, 53, 62, 66, 72), dispensas matrimoniales (61), censos electorales (37, 44), censos de población (17, 21, 49, 70, 71), registros de defunciones e inscripciones en tumbas (35), así como árboles genealógicos (19, 20, 35), registros de donadores de sangre (74), etc., de donde se pueden obtener apellidos en gran cantidad y trabajar con un tamaño de muestra confiable.

M A T E R I A L

1.- Se entrevistó a un total de 3,813 derechohabientes que acudieron a las clínicas Nos. 2, 5, 28, 31, 32 y 37 del Instituto Mexicano del Seguro Social, cuyos apellidos fueron los siguientes:

1.1).- Monofiléticos: Cantú, Chapa, Garza, Montemayor y Treviño.

1.2).- Polifiléticos: García, González, Martínez, Rodríguez y Sánchez.

2.- Las encuestas que se aplicaron, requirieron información sobre:

2.1.- Datos del entrevistado(a):

a) Apellidos.

b) Sexo.

c) Número de afiliación del I.M.S.S.

d) Lugar de nacimiento.

e) Fecha de nacimiento.

3.- Para la investigación de grupos sanguíneos, se utilizaron:

3.1).- Sangre periférica con anticoagulante E.D.T.A.

3.2).- Antisueros hemotipificadores: Anti-A, Anti-B, Anti-AB, Anti-Rh(o)D, Albúmina Bovina al 22%, Anti-M, y Anti-N.

- 3.3).- Panel de células con fenotipo conocido para los sistemas ABO, Rh_o(D) y MN, tipificadas por el Banco de Sangre del Centro Médico Nacional Siglo XXI, del Instituto Mexicano del Seguro Social.
 - 3.4).- Suero Fisiológico al 0.9%.
 - 3.5).- Centrífuga Solvat con velocidad y tiempo de centrifugación regulables.
 - 3.6).- Baño de agua con temperatura controlable.
- 4.- La captura, procesamiento y análisis estadístico de los datos obtenidos en las encuestas y los resultados de laboratorio, se llevó a cabo en una Microcomputadora PC OLIVETTI M-24.
- 5.- Paquete estadístico SPSS versión 4.0.

M E T O D O S

La metodología utilizada fue la siguiente:

- 1.- Se seleccionaron diez apellidos, cinco de origen monofilético y cinco de origen polifilético. Para su manejo, los apellidos que diferían en una sola letra como Avendaño y Aveldaño, Saucedo y Saucedá, etc., las diferencias ortográficas, así como los apellidos de la Garza y Garza, de la Fuente y Fuentes, etc., se uniformizaron a uno solo de acuerdo a la forma que presentara una frecuencia mayor en base al directorio telefónico del AMM.
- 2.- Para el muestreo, se acudió a varias clínicas de atención médica del Instituto Mexicano del Seguro Social: Nos. 2, 5, 28, 31, 32 y 37, donde se entrevistó a personas que acudieron a los servicios de Laboratorio Clínico y Consulta Médica y que poseían los apellidos seleccionados, se les aplicó la encuesta y se les practicó la toma de muestra para la investigación de grupos sanguíneos.
- 3.- La investigación de grupos sanguíneos ABO, Rh_o(D) y MN, se llevó a cabo en sangre periférica, mediante la técnica de aglutinación en tubo en base a la reacción antígeno-anticuerpo, utilizando antisueros comerciales y según las

instrucciones del fabricante, efectuando periódicamente control de calidad con la utilización de células con fenotipo conocido para los sistemas en estudio.

4.- En base a los resultados del punto anterior, se procedió a calcular las frecuencias fenotípicas y génicas para cada uno de los apellidos seleccionados mono y polifiléticos, por el Método de máxima verosimilitud de Reed y Schull (65), manejando los análisis de X^2 para comparaciones fenotípicas de Chakraborty (12).

5.- Para medir el grado de contribución de las poblaciones antecesoras, se compararon las frecuencias génicas para grupos sanguíneos ABO, Rh₀(D) y MN de ambos grupos de apellidos con dichas poblaciones, se calculó la mezcla génica de acuerdo al método descrito por Chakraborty (12, 13) y pruebas de homogeneidad de mezcla génica, por el método de Cavalli-Sforza (5):

$$X^2(K-1) = \sum_{i=1}^K \frac{(m^i - m)^2}{\frac{m^i}{m}}$$

K = Número de loci diferentes

Se probaron dos diferentes modelos de mezcla. Primero, cada grupo se consideró producto de la mezcla de tres poblaciones antecesoras: Española, Indígena y Africana.

Después se compararon con dos poblaciones antecesoras solamente: Española e Indígena. '

6.- En base a las mismas frecuencias génicas de los grupos sanguíneos estudiados, se estimaron las distancias genéticas de los apellidos seleccionados entre sí y con respecto a las poblaciones antecesoras por el método de distancias genéticas estándar propuesto por Nei (59) y sus errores estándar fueron calculados por el método de Nei y Roychoudhury (60). Las frecuencias génicas fueron además sujetas a la prueba estadística de Chi-cuadrada pareada para determinar la significancia de las distancias genéticas entre los diferentes apellidos seleccionados, (60).

7.- Se calculó el coeficiente de relación por isonimia para ambos grupos de apellidos y para cada apellido en relación con los demás, en base a la fórmula propuesta por el método de Lasker en 1977 (36):

$$R_1 = \Sigma(S_{11}S_{12})/2N_1N_2$$

En donde S_{11} es el número de individuos del iavo apellido en la primera muestra, S_{12} es el número de individuos del mismo apellido en la segunda muestra, y N_1 y N_2 son la sumatoria de los S_{11} y S_{12} , respectivamente.

8.- Se calculó el coeficiente de endogamia para cada uno de los grupos de apellidos seleccionados y para cada apellido en particular, por el método 'B' de Crow (64), a partir del coeficiente de endogamia de Wright:

$$F_{IT} = F_{eT} + F_{ne} - F_{eT}F_{ne}$$

en donde F_{IT} es el coeficiente de endogamia total, F_{eT} es el coeficiente de endogamia producido al azar y F_{ne} es el coeficiente de endogamia no producido por azar.

R E S U L T A D O S

Los resultados encontrados, se presentan de acuerdo a los objetivos establecidos:

- 1.- Estimar las frecuencias fenotípicas y génicas para grupos sanguíneos ABO, Rh_o(D) y MN, en personas del AMM seleccionadas por sus apellidos monofiléticos y polifiléticos.

La distribución de frecuencias fenotípicas y génicas para el sistema ABO en los apellidos monofiléticos y polifiléticos seleccionados, se muestran en el cuadro No. 1. Dichas frecuencias se estimaron primeramente de acuerdo al origen paterno y materno de los apellidos, encontrándose homogeneidad entre ellos, por lo que se decidió trabajarlos conjuntamente.

En el grupo monofilético, se observa que la frecuencia del fenotipo D varía de 48.89% en el apellido Montemayor a 60.30% en el Chapa y para el fenotipo A de 28.89% en el Montemayor a 35.38% en el Cantú, siendo el apellido Montemayor el que tiene una frecuencia mayor del fenotipo B (14.44%) seguido por el Chapa (10.29%), para el fenotipo AB, se encontró una variación desde 0.00% en el Chapa a 7.78% en el Montemayor.

Dentro de los apellidos polifiléticos, se observa un valor

mínimo para el fenotipo O de 56.04% en el González a un máximo de 64.16% en el Sánchez, mientras que en el fenotipo A varía desde 25.18% en el Sánchez a 30.89% en el González, para el fenotipo B se observa que todos los valores están alrededor de 10%, a excepción de el apellido Sánchez que presenta una frecuencia de 8.72%, para el fenotipo AB, se encuentra muy poca variación, ya que va de 1.47% en el García a 2.38% en el González.

De acuerdo a este objetivo, se procedió a considerarlos según su origen, mono y polifilético, y en general, se observa que los apellidos monofiléticos tienen una frecuencia más alta del fenotipo A (32.77%) que los polifiléticos (26.74%) y éstos una frecuencia más alta del fenotipo O (61.16%) que los monofiléticos (55.59%), para el fenotipo B el grupo monofilético tiene una frecuencia de 8.71% y el polifilético 10.23%, para el fenotipo AB, se observa que el grupo monofilético presenta una frecuencia de 2.93% y el polifilético una frecuencia de 1.87%.

Al efectuar la prueba de homogeneidad entre ambos grupos mono y polifiléticos (totales), se encontró que existe heterogeneidad entre ellos ($\chi^2 = 21.60$), debida principalmente al fenotipo O, que se encuentra en una frecuencia mayor en el

grupo polifilético y al fenotipo A que aparece en una frecuencia más alta en el grupo monofilético.

En el cuadro No. 2, se observan las frecuencias fenotípicas y génicas para $Rh_{\ominus}(D)$, siendo el grupo monofilético el que tiene una frecuencia más alta del fenotipo $Rh_{\ominus}(D)$ negativo (12.78%), poco más del doble que el grupo polifilético (5.93%). Al comparar dichas frecuencias, se encontró heterogeneidad entre ambos grupos ($\chi^2 = 52.16$).

En el cuadro No. 3, se presentan las frecuencias fenotípicas y génicas para el sistema MN, en la cual se puede observar que aunque existe una proporción mayor del fenotipo M en el grupo polifilético (47.75%), que en el monofilético (45.33%), se encontró homogeneidad ($\chi^2 = 2.27$) en ambos grupos de apellidos para este sistema.

2.- Medir el grado de contribución de las poblaciones antecesoras, Española, Indígena y Africana, en ambos grupos de apellidos, mediante el cálculo de mezcla génica.

Para conocer la proporción en que los apellidos seleccionados comparten genes con las poblaciones antecesoras, se efectuó la prueba de mezcla génica trihíbrida basada en tres loci, incluyendo a la población Africana, pero no se encontró con-

tribución génica de tal población, por lo que se calculó en cuanto a las poblaciones Española e Indígena solamente, con los resultados que se presentan en el cuadro No. 4:

En la población monofilética, la contribución Española varía de 67.72% en el apellido Cantú al 80.17% en el Chapa. Considerados como un grupo comparten 73.38% de genes españoles y un 26.62% de genes indígenas.

Para los apellidos polifiléticos, la contribución Española se encontró entre los límites de 46.90% en el Sánchez a 65.70% en el González. Como grupo, se encontró una menor proporción de genes españoles (50.62%) y una mayor de indígenas (49.38%) que en el grupo monofilético. Al comparar ambos grupos, se encontró heterogeneidad entre ellos ($X^2 = 1590$).

Considerando a la población en estudio como un gran total, se observa que comparten 59.03% de genes españoles e indígenas 40.97%.

3.- Estimar las distancias genéticas entre los apellidos seleccionados mono y polifiléticos, y con respecto a las poblaciones antecesoras.

A partir de las frecuencias génicas para los sistemas de

grupos sanguíneos estudiados, se realizaron los cálculos de distancias genéticas entre los apellidos seleccionados y con respecto a las poblaciones antecesoras: Española e Indígena, las cuales se presentan en el cuadro No. 5 con valores multiplicados por 10^3 .

De acuerdo a este objetivo, se procedió a efectuar el cálculo de distancias genéticas entre los apellidos seleccionados no pudiendo conocerse debido a la distancia tan pequeña que existe entre ellos, por lo que se calculó para los grupos mono y polifiléticos entre sí y con respecto a las poblaciones antecesoras.

Aunque al efectuar la prueba de X^2 pareada se comportaron homogéneamente, es posible hacer las siguientes observaciones: se encontró que los apellidos monofiléticos están más cercanos a la población Española (15.56 ± 6.22) a su vez, se encuentran más alejados de la población Indígena (58.92 ± 34.65).

El grupo polifilético, tiene una menor distancia a la población Indígena, (22.59 ± 11.57) que a la Española (40.25 ± 4.15).

Respecto a los cálculos de distancia genética entre los apellidos seleccionados, se encontró que existe una distancia

entre mono y polifiléticos de 8.85 ± 5.44 , siendo el valor mínimo que se puede observar.

4.- Estudiar la distribución de frecuencias de los apellidos seleccionados con respecto a los apellidos con los cuales se unen: porcentaje de apellidos únicos, diferentes y compartidos.

En el cuadro No. 6 puede observarse que de los apellidos monofiléticos, el materno Montemayor es el de menor porcentaje de apellidos únicos (54.55%), seguido por el Treviño paterno (64.36%) y el Garza materno (65.31%), siendo el Chapa materno el que presenta el porcentaje más alto (78.26%). Los demás apellidos aparecen con valores intermedios, presentando el paterno monofilético un porcentaje promedio de 70.42 ± 5.08 y en materno monofilético de 67.15 ± 7.64 y en el total de monofiléticos 68.79 ± 6.69 , excluyendo los valores de los apellidos de menor número de muestra como son Chapa y Montemayor, se observa un valor promedio de $67.05\% \pm 1.74$.

Respecto a los apellidos polifiléticos, se encontró que el valor más alto para apellidos únicos se observa en el paterno García (73.55%) y el valor más bajo en el materno González (64.76%), con valores promedio en los paternos de 68.89%

2.58 y en los maternos de 68.70 ± 3.20 y considerados como un total un valor promedio de $68.79\% \pm 2.91$.

5.- Calcular el coeficiente de relación por isonimia (Ri) para los apellidos seleccionados de origen paterno y materno.

En base a la fórmula propuesta por Lasker en 1977 (32), se calculó el Ri para ambos grupos de apellidos, encontrándose los siguientes resultados:

En el cuadro No. 7, con valores multiplicados por 10^3 , se observa que en el grupo monofilético se encuentra un Ri promedio de 23.53 ± 4.68 con un valor mínimo entre el materno Montemayor y el paterno Chapa (13.2) y un valor máximo entre el materno Chapa y el materno Garza (32.8).

En el cuadro No. 8, con valores elevados a 10^3 se observa para los apellidos polifiléticos un Ri promedio de 12.78 ± 1.80 correspondiendo el valor mínimo de 10.20 al encontrado entre el paterno Rodríguez y el paterno Sánchez y el valor máximo de 18.7 al estimado entre el paterno González y el materno González.

En el cuadro No. 9, también con valores multiplicados por 10^3 , se presentan los valores de Ri calculados entre apelli-

dos mono y polifiléticos, se encontró un valor promedio de 14.86 ± 3.82 , con un mínimo de 9.4 entre el paterno Sánchez y el materno Montemayor y un valor máximo de 27.4 entre el materno González y el materno Garza.

En general, el valor promedio de R_i fue más alto en los apellidos monofiléticos entre ellos mismos (23.53 ± 4.68) el más bajo entre los apellidos polifiléticos con ellos mismos (12.78 ± 1.80), quedando con un valor ligeramente más alto el R_i promedio estimado entre mono y polifiléticos (14.86 ± 3.82).

6.- Calcular el coeficiente de endogamia (F) para los apellidos seleccionados.

En el cuadro No. 10, se presentan los valores (%) para F , desglosada como F_{IS} (componente no al azar), F_{ST} (componente al azar) y F_{IT} (coeficiente de endogamia total) calculados para apellidos mono y polifiléticos de origen paterno y materno.

En el grupo monofilético, los valores más altos para F_{IT} fueron los encontrados para el materno Garza (3.02), el materno Treviño (2.57), el paterno Treviño (1.81) y el materno Cantú (1.77), debidos principalmente al factor F_{IT} , que indica que la mayor proporción del coeficiente de endogamia total es

no al azar, ya que en el materno Garza corresponde a un 70.20%, en el materno Treviño 64.20%, en el paterno Treviño 65.75% y en el materno Cantú 55.93%.

Los apellidos para los cuales el coeficiente de endogamia es debido principalmente al azar, son los maternos Chapa (100%), Montemayor (98.68), paternos Montemayor (94.44) Chapa (82.86), Garza (77.57%) y Cantú (52.60%).

En el apellido Montemayor, se encontró un valor negativo para F_{IS} (componente no al azar), tanto en el de origen materno (-0.02) como en el de origen paterno (-0.06).

En el grupo polifilético, puede observarse que el valor más alto para F_{IT} , es en el materno González (2.66), seguido por el materno Martínez (1.81) el paterno Martínez (1.57) el paterno González y el materno Sánchez (1.40), aunque los valores más altos para F_{IT} se encuentran en el grupo monofilético, en el polifilético el F_{IS} es más alto en proporción a F_{IT} .

D I S C U S I O N

Dentro de los sistemas ABO y Rh_o(D) (cuadros Nos. 1 y 2) el grupo monofilético presenta frecuencias génicas mayores para los genes no indígenas I^a y d (I^a = 0.1977, d = 0.3575), que el grupo polifilético (I^a = 0.1551, d = 0.2435) y están más cercanas a lo informado por Garza Chapa y Cols. (28) para población de hospital privado de Nuevo León (I^a = 0.206, d = 0.418) que al total de población asegurada del I.M.S.S. (I^a = 0.151, d = 0.278) la cual correspondería más con el grupo polifilético. A su vez, estas frecuencias encontradas para el grupo monofilético, están más cercanas a las cifras de la población Mexico-Norteamericana nacida en Texas que a la Mexico-Norteamericana nacida en México informadas por Cerda-Flores y Cols. (8), así como el grupo polifilético tiene frecuencias génicas más parecidas a otras poblaciones mestizas del país (51) que el monofilético.

Generacionalmente, también para ABO y Rh_o(D) el grupo monofilético se ubica más cercano a la generación XI (nacidos entre 1896 y 1925) y cuatro abuelos nacidos en Nuevo León (6, 7), siendo que la mayoría de la población en este estudio se ubica en las generaciones XII y XIII (1926-1955, 1956-1985), aunque no se consideró este criterio de selección.

Lo anterior, no pudo ser detectado al analizar el sistema MN (cuadro No. 3), ya que el antígeno M se encuentra en una frecuencia alta tanto en la población Española (58) como en la Indígena, así como su comparación con los resultados de otras investigaciones en poblaciones mestizas (6, 7, 8, 50) ya que éstas se han llevado a cabo con el sistema MNSs completo.

Las diferencias observadas en los cuadros Nos. 1 y 2, se corroboraron mediante el cálculo de porcentaje de mezcla génica (cuadro No. 4), ya que el grupo monofilético comparte una proporción más alta de genes españoles (73.38%) con respecto al grupo polifilético (50.62%). Estos resultados difieren a lo informado por Cerda-Flores y Cols. (7), quienes encuentran una proporción mucho más alta de genes compartidos con la población española para las generaciones XI a la XIII y cuatro abuelos nacidos en Nuevo León (total 82.15 ± 5.51), ya que ellos hicieron el cálculo en base a nueve sistemas polimórficos, mientras que en este trabajo se tomó en consideración sólo a tres sistemas. Lo mismo sucede con lo notificado por Cerda-Flores y Garza-Chapa (6), que trabajaron en base a seis sistemas, pero donde podríamos ubicar a la población monofilética entre las generaciones II (77.54%) y XIII (61.02), ya que la proporción de genes españoles que encuentran, en gene-

ral es más baja que en el trabajo anteriormente discutido.

En cuanto a el cálculo de mezcla gónica en general, se puede decir que se cumple con el objetivo principal de este estudio, que es el de comparar al grupo monofilético con el polifilético, ya que se demuestra que el primero comparte una proporción mayor de genes españoles que el segundo, ya que la diferencia entre ellos fue estadísticamente significativa ($X^2 = 1590$).

Respecto a distancias genéticas, (cuadro No. 5), no se encontró diferencia entre el grupo monofilético y el polifilético, pero se puede observar que el grupo monofilético se encuentra más cercano a la población Española que a la Indígena y el polifilético más cercano a la población Indígena que a la Española, así como que el monofilético también presenta una distancia menor (15.56) que lo informado por Cerda Flores y Garza-Chapa (6) para el total de generaciones (XI a XIII) y cuatro abuelos nacidos en Nuevo León (33.33).

En cuanto a los resultados de isonimia propiamente dicha, se pudo observar que en el estudio de la distribución de frecuencias de apellidos (cuadro No. 6), el materno Montemayor es el que tiene el porcentaje menor de apellidos únicos de todos

los apellidos mono y polifiléticos, lo cual supondría una selectividad no al azar, ya que se comporta diferente al paterno Montemayor (75.00%), pero debido a su escaso número de muestra no se puede tomar en cuenta este resultado en forma aislada, ya que al incrementar el tamaño de muestra, aumenta el número de apellidos diferentes, y sería necesario analizar su comportamiento en todos los objetivos en conjunto, porque le siguen en proporción el Treviño paterno y el Garza Materno, que son los que presentan un coeficiente de endogamia (cuadro No. 10) más alto dentro del grupo monofilético.

Considerando a los apellidos polifiléticos, el materno González es el de valor más bajo de apellidos únicos, lo cual denota que el resto se encuentra repetido, indicando una selectividad no al azar, dato que concuerda con el cálculo de coeficiente de endogamia ya que dentro del grupo polifilético es el que tiene el valor más alto.

El grupo monofilético presenta un mayor coeficiente de relación por isonimia (R_i) (cuadro No. 7) con los mismos apellidos monofiléticos (promedio 23.53) encontrándose apellidos que son más selectivos como son el materno Garza y materno Chapa. Este coeficiente decrece al ser estimado entre el grupo monofilético con el grupo polifilético (cuadro No. 9) dando los

valores más altos con el apellido González, tanto de origen materno como paterno y presentando un promedio general de 14.86 ± 3.82 . Mientras que el grupo polifilético (cuadro No. 8), tiene el valor de R_i más bajo entre ellos mismos (promedio 12.78) a pesar de su origen múltiple, de nuevo entre ellos se puede observar que el apellido González presenta un valor más alto con él mismo (de origen paterno y materno).

Estos valores tienden a ser mucho más altos a los estimados por Lasker en cinco comunidades del Perú, los cuales se encuentran entre 1.04 a 2.36 (36) y más altos también que los estimados por Rodríguez-Larralde (67) para 17 municipios venezolanos (promedio 2.83 ± 1.66). Es posible que estos valores altos se deban a que ambos grupos, mono y polifilético, pertenecen a la misma comunidad (AMM).

De acuerdo al coeficiente de endogamia total (cuadro No.10) el grupo monofilético denota ser más endogámico, sobre todo en el Garza materno, cuyo mayor componente es no al azar (F_{isr}). En el Montemayor y el Chapa se ve que la mayor proporción de dicho coeficiente se debe al azar (F_{rs}), aunque no es posible concluir respecto a ellos, ya que el tamaño de muestra de ambos apellidos fue muy pequeño, no el previsto, debido a que se tuvo dificultad para encontrar personas con estos apellidos

en las diferentes Unidades de Atención Médica a donde se acudió al muestreo. Pudiera ser que la endogamia encontrada en el grupo monofilético, se deba en parte a la población fundadora.

Un punto de interés es que la endogamia medida mediante la fórmula utilizada en este estudio, es la de la generación anterior a la muestreada. Varios de los apellidos monofiléticos seleccionados reflejan resultados de endogamia no al azar (desviación de panmixia), como son el Treviño paterno (65.75%) Treviño materno (64.20%) Garza materno (70.20%), el cual difiere en gran cantidad del Garza paterno (22.43%), comparables al estudio efectuado por Presciuttini (64) en la población italiana de Zerì (53.6%) que es una población aislada geográficamente.

Dentro del grupo polifilético, también se observa que la endogamia que presenta, aunque en general con valores más bajos que el monofilético, en su mayor parte es debida a un factor no al azar. Considerando a los apellidos polifiléticos en particular, el Martínez materno y paterno, al igual que el González materno, son los que presentan un mayor porcentaje del coeficiente de endogamia debido no al azar, lo cual denotaría también una tendencia a unirse el grupo polifilético en-

tre ellos mismos, aunque este resultado no es confiable debido a que el origen múltiple de los apellidos polifiléticos hace que se sobreestime el coeficiente de endogamia y en este caso sólo sirve de referencia para observar que a pesar de ésto el valor de endogamia calculado para ellos, en general no es más alto que lo estimado para monofiléticos en los que sí se puede confiar por tener un origen único dentro de la población en estudio.

CONCLUSIONES Y PERSPECTIVAS

- 1.- El haber encontrado diferencias en la distribución de frecuencias fenotípicas y génicas para el sistema ABO y Rh_o(D) (cuadros 1 y 2), indica que se está ante dos subpoblaciones, la monofilética, que ha conservado su estructura genética más parecida a la fundadora del AMM, ya que presenta una frecuencia más alta de los genes no indígenas A y d, y la polifilética, más representativa de la población inmigrante, ya que es más parecida a las poblaciones mestizas del resto del país, la cual denota la presencia de mayor proporción de genes indígenas, como son el gen O y el gen D, cuya frecuencia es muy alta en las poblaciones indígenas actuales, que son la base de los estudios de estructura genética de las poblaciones mestizas.
- 2.- El grupo monofilético presenta una tendencia selectiva a unirse entre ellos mismos y a mantenerse como una subpoblación separada, sobre todo en los apellidos maternos Chapa, Montemayor Treviño y Garza.
- 3.- Esta tendencia selectiva del grupo monofilético queda de manifiesto a través de los resultados obtenidos en cada uno de los objetivos planteados. Como se dijo en el cap.1

tulo Material y Métodos, se trata de una población derechobahiente del I.M.S.S., cuyo nivel socioeconómico podríamos ubicarlo en la clase media o media baja, por lo tanto, el factor económico podría no tener importancia, al menos en las personas incluidas en este estudio. La hipótesis de este trabajo, basada en los antecedentes históricos de la población del AMM, propone que esta conducta de la población monofilética es un reflejo de la conducta de la población fundadora, la cual se comportó como una sociedad muy cerrada, endogámica y de alguna manera la población actual descendiente de aquella conserva estas costumbres, lo que se manifiesta en su estructura genética, ya que en dicha población monofilética se observa uniformidad genética. Lo anterior puede conllevar una homocigocidad incrementada, esto aunado al hecho de que la mayoría de las genopatías son producidas por genes recesivos, es la base genética para la disminución del índice de fertilidad y viabilidad que casi siempre resulta de la endogamia (19).

- 4.- El apellido González es el más selectivo del grupo polifilético, presenta un comportamiento intermedio entre los mono y polifiléticos más cercano a los monofiléticos,

sobre todo el materno González, lo que pudiera explicarse tomando en cuenta el lugar de origen de los abuelos que probablemente sean originarios de Nuevo León, ya que la mayoría de los entrevistados con dicho apellido, nacieron en este Estado hecho que pudo haber influido en su comportamiento.

- 5.- En vista de que al subdividir a la población del AMM en base a su apellido mono y polifilético, se encontraron dos subpoblaciones heterogéneas, se considera al apellido como un marcador genético útil para su estudio, con su posible aplicación en el análisis de enfermedades de tipo genético para las cuales ambas subpoblaciones pudieran tener diferente grado de riesgo y por lo tanto, se presentaran dichas patologías con una frecuencia distinta en cada una de ellas.

BIBLIOGRAFIA

- 1.- Bhalla, V., Bhatia, K. 1976. Isonymy in a Bathia leut. Ann. Hum. Genet. (Lond.). 39:497-500.
- 2.- Brackenridge, C. J. 1978. A study of phenotypes arrays derived from seven genetic systems in an Australian population sample. Ann. Hum. Biol. 5:381-388.
- 3.- Brock, D. J. H. Mayo D. 1978. The Biochemical Genetics of Man. Academic Press. 2nd. Edition. London, G.B.
- 4.- Cabezas, J. A. Martin-Barrientos, J. 1974. MN blood groups in the population of Spain. Hum. Hered. 24:451-457.
- 5.- Cavalli-Sforza, L., Bodmer, W. 1971. The Genetics of Human Populations, Freeman, San Francisco.
- 6.- Cerda-Flores, R.M., Garza-Chapa, R., 1989. Variation in the gene frequencies of three generations of humans from Monterrey, Nuevo León, México. Hum. Biol. 61:249-261.
- 7.- Cerda-Flores, R.M., Kshatriya, G.K., Barton, S.A., Leal-Garza, C.H., Garza-Chapa, R., Schull, W.J., Chakraborty, R. Genetic structure of the immigrant populations of San Luis Potosí and Zacatecas to Nuevo León in México. (In press).
- 8.- Cerda Flores, R.M., Kshatriya, G.K., Bertin, G.K., Hewett-Emmett, D., Hanis, C.L., Chakraborty, R. Gene diversity and estimation of genetic admixture among Mexican-Americans of Starr County, Texas. (In Press).
- 9.- Coleman, D. A. 1980. A note on the frequency of consanguineous marriages in Reading, England in 1972/1973. Hum. Hered. 30:278-285.
- 10.- Coleman, D. A. 1980. Some genetical inferences from the marriage system of Reading, Berkshire, and its surrounding area. Ann. Hum. Biol. 7:55-76.
- 11.- Chakraborty, R. 1985. A note on the calculation of random RP and its sampling variance. Hum. Biol. 57:713-717.

- 12.- Chakraborty, R., 1985. Gene identity in racial hybrids and estimation of admixture rates. In Genetic Microdifferentiation-Human and Other Population. Edited by Y.R. Ahuja and J.V. Neel (New Dehli: Indian Anthropological Association), p. 171-180.
- 13.- Chakraborty, R., 1986. Gene admixture in human populations: Models and predictions. Year book of Physical Anthropology 29:1-43.
- 14.- Davidson, I., Henry, J. B. 1974. Diagnóstico Clínico por el Laboratorio. Ed. Salvat Editores, S. A. 5a. Ed. España.
- 15.- Del Hoyo, E. 1979. Historia del Nuevo Reino de León (1577-1723) Ed. Libros de México, S. A. 2da. Ed. México.
- 16.- Devor, E. J. 1980. Marital structure and genetic isolation in a rural hispanic population in Northern New Mexico. Am. J. Phys. Anthropol. 53:257-265.
- 17.- Devor E. J. Buechley, R. W. 1980. Gallbladder cancer in hispanic New Mexicans. I. General Population, 1957-1977. Cancer. 45:1705-1712.
- 18.- Dyke, B., James, A. V., Morrill, W. T. 1983. Short report: estimation of random isonymy. Ann. of Hum. Biol. 10:295-298.
- 19.- Ellis, W. S., Friedl, J. 1976. Inbreeding as measured by isonymy and by pedigrees in Kippel, Switzerland. Soc. Biol. 23:158-161.
- 20.- Ellis, W. S., Starmer, W. T. 1978. Inbreeding as measured by isonymy, pedigrees, and population size in Torbell, Switzerland. Am. J. Hum. Genet. 30:366-376.
- 21.- Enstrom, J. E., Operskalski, E. A. 1978. Multiple sclerosis among spanish-surnamed Californians. Neurology. 28:434-438.
- 22.- Falconer, D.S., 1986. Introducción a la Genética Cuantitativa. Ed. Cía. Ed. Continental, S.A. de C.V. 2da. Ed. México.

- 23.- Fox, W. R., Lasker, G. W. 1983. The distribution of surname frequencies International Statistical Review. 51:81-87.
- 24.- Friedl, J., Ellis, W. S. 1974. Inbreeding, isonymy, and isolation in a swiss community. Hum. Biol. 46:699-712.
- 25.- Fuster, V. 1986. Relationship by isonymy and migration pattern in Northwest Spain. Hum. Biol. 58:391-406.
- 26.- Garza-Chapa, R., González Rendón, R., Joffre, G. 1978. Grupos sanguíneos ABO y Rh(o)D en poblaciones del IMSS en el Estado de Nuevo León. (Cálculo de la frecuencia de matrimonios e hijos con incompatibilidad simple y doble). Arch. Invest. Med. (Méx.) 9:541-558.
- 27.- Garza-Chapa, R., Leal-Garza, C., Sánchez-Anzaldo, F. J. 1980. Genética de Poblaciones del Estado de Nuevo León México. II. Frecuencia de marcadores genéticos y su posible relación con daño cromosómico en personas expuestas a plomo. Arch. Invest. Med. (Méx.) 11:547-559.
- 28.- Garza-Chapa, R., Brandi-Escamilla, H., Limón-Villalás, R. A., Leal-Garza, C. H. 1982a. Population genetics in state of Nuevo León. III. Incidence of ABO, Rho(D), MN and other genetic traits among patients with cancer. Arch. Invest. Med. (Méx.) 13:261-270.
- 29.- Garza-Chapa, R., Leal-Garza, C. H., Cerda-Flores, R. M. 1982b. Population genetics in the state of Nuevo León, México. Frequencies of ABO Rho(D), MN blood groups and other genetic traits. Acta Anthropogen. 6:225-245.
- 30.- Garza-Chapa, R. 1983. Genetic distances for ABO and Rho(D) blood groups in the state of Nuevo León, México. Soc. Biol. 30:24-31.
- 31.- Garza-Chapa, R., Villarreal-Garza, J., Leal Garza, C. H., Cerda-Flores, R. M. 1983c. Population genetics in the state of Nuevo León, México. VI. Frequencies of ABO, Rho(D), MN and other genetic traits among normal and partially colour-blind males. Arch. Invest. Med. (Méx.) 14:247-257.

- 32.- German, J., Walker, M. E., Stiefel, F. H., Allen, F. H. Jr. 1968. MN blood group, locus: data concerning the possible chromosomal location. *Science*. 162:1014-1015.
- 33.- Jorde, L.B. The genetic structure of subdivided human populations. In: Mielke and Crawford Eds. *Current Developments in Anthropological Genetics*. 1:135-208.
- 34.- Küchemann, C. F., Lasker, G. W., Smith, D. I. 1979. Historical changes in the coefficient of relationship by isonymy among the populations of the Otmoor Villages. *Hum. Biol.* 51:63-77.
- 35.- Lasker, G. W. 1969. Isonymy: (recurrence of the same surnames in affinal relatives) a comparison of rates calculated from pedigrees, grave markers and death and birth registers. *Hum. Biol.* 41:309-321.
- 36.- Lasker, G. W. 1977. A coefficient of relationship by isonymy. A method for estimating the genetic relationship between populations. *Hum. Biol.* 49:489-493.
- 37.- Lasker, G. W. 1978. Relationships among the Otmoor villages and surrounding communities as inferred from surnames contained in the current register of electors. *Ann. of Hum. Biol.* 5:105-111.
- 38.- Lasker, G. W. 1978. Increments through migration to the coefficient of relationship between communities estimated by isonymy. *Hum. Biol.* 50:235-240.
- 39.- Lasker, G. W. 1980. Surnames in the study of human biology. *Am. Anthrop.* 82:525-538.
- 40.- Lasker, G. W. 1985. *Surnames and Genetic Structure*. Ed. Cambridge. University Press. 1th. Ed. Great Britain.
- 41.- Lasker, G. W., Kaplan, B. A. 1974. Anthropometric variables in the offspring of isonymous matings. *Hum. Biol.* 46:713-717.
- 42.- Lasker, G. W., Kaplan, B. A. 1983. English place-name surnames tend to cluster near the place named. *Names*. 31:167-177.

- 43.- Lasker, G. W., Kaplan, B. A. 1985. Surnames and genetic structure: repetition of the same pairs of names of married couples, a measure of subdivision of the population. *Hum. Biol.* 57:431-440.
- 44.- Lasker, G. W., Mascie-Taylor, C. G. N. 1983. Surnames in five english villages: relationship to each other, to surrounding areas, and to England and Wales. *J. Biosoc. Sci.* 15:25-34.
- 45.- Lasker, G. W., Roberts, D. F. 1982. Secular trends in relationship as estimated by surnames: a study of a Tyneside parish. *Ann. of Hum. Biol.* 9:299-307.
- 46.- Lasker, G. W., Chiarelli, B., Masali, M., Fedele, F., Kaplan, B. A. 1972. Degree of human genetic isolation measured by isonymy and marital distances in two communities in an italian alpine valley. *Hum. Biol.* 44:351-360.
- 47.- Lasker, G. W., Mascie-Taylor, C. G. N. 1985. The geographical distribution of selected surnames in Britain. Model gene frequency clines. *Journal of Hum. Evol.* 14:385-392.
- 48.- Lasker, G. W., Mascie-Taylor, C. G. N., Coleman, D. A. 1986. Repeating pairs of surnames in marriages in Reading (England) and their significance for population structure. *Hum. Biol.* 58:421-425.
- 49.- Lasker, G. W., Wetherington, R. K., Kaplan, B. A., Kemper, R. V. 1983. Isonymy between two towns in Michoacán, México. *Estudios de Antrop. Biol.* 159-163. UNAM.
- 50.- Lisker, R. 1981. *Estructura Genética de la Población Mexicana*. 1a. Ed. Ed. Salvat Mexicana de Ediciones. México.
- 51.- Lisker, R., Ramírez, E., Pérez Briseño, R., Granados, J., Babinsky, V. 1990. Gene frequencies and admixture estimates in four mexican urban centers. *Hum. Biol.* 62:791-801.

- 52.- Mascie-Taylor, C. G. N., Lasker, G. W. 1984. Geographic distribution of surnames in Britain: The Smiths and Joneses. *J. Biosoc. Sci.* 16:301-308.
- 53.- Mascie-Taylor, C. G. N., Lasker, G. W. 1985. Geographical distribution of common surnames in England and Wales. *Ann. of Hum. Biol.* 12:397-401.
- 54.- Mc Cullough, J. M., Giles, E., Thompson, R. A. 1985. Evidence for assortative mating and selection in surnames: A case from Yucatán, México. *Hum. Biol.* 57:375-386.
- 55.- Mc Kusick, V. A. 1986. The Human Gene Map 10 April 1986. *Clin. Genet.* 29:545-588.
- 56.- Mendirichaga, T. 1982. Origen de los apellidos Garza y Treviño en Nuevo León. Ediciones al Voleo. Ed. Jus. México.
- 57.- Montemayor-Hernández, A. 1971. Historia de Monterrey. Asociación de Editores de Monterrey, A. C., México.
- 58.- Mourant, A. E. 1976. The distribution of the human blood groups and other polymorphisms. 2nd. Ed. Oxford University Press, New York.
- 59.- Nei, M., 1972. Genetic distance between populations. *Amer. Natur.*, 106:283-292.
- 60.- Nei, M., Roychoudhury, A.K., 1974. Sampling variances of heterozygosity and genetic distance. *Genetics.* 76:379-390.
- 61.- Pettener, D. 1985. Consanguineous marriages in the upper Bologne Appenine (1565-1980). Microgeographic variations, pedigree structure and correlation of inbreeding secular trend with changes in population size. *Hum. Biol.* 57:267-288.
- 62.- Pinto-Cisternas, J., Castelli, M. C., Pineda, L. 1985. Use of surnames in the study of population structure. *Hum. Biol.* 57:353-363.

- 63.- Pinto-Cisternas, J., Pineda, L., Barraí, I. 1985. Estimation of inbreeding by isonymy in iberoamerican populations: an extension of the method of Crow and Mange. *Am. J. Hum. Genet.* 37:373-385.
- 64.- Presciuttini, S. 1990. Surname versus gene structure of a small isolate. *Ann. Hum. Genet.* 54:79-90.
- 65.- Reed, T.E., Schull, W.J. 1968. A general maximum likelihood estimation program. *Am. J. Hum. Genet.* 20:579-580.
- 66.- Roberts, D. F. 1980. Inbreeding and ecological change: an isonymic analysis of secular trends in a Tyneside Parish over three centuries. *Soc. Biol.* 27:230-240.
- 67.- Rodríguez Larralde, A. 1989. Relationship between 17 venezuelan counties estimated through communality of surnames. *Hum. Biol.* 61:31-44.
- 68.- Roel, S. 1958. *Nuevo León: Apuntes Históricos*. 8a. Ed. Universidad de Nuevo León. Monterrey, México.
- 69.- Samet, J. M., Key, Ch. R., Kutvirt, D. M., Wiggings, Ch. L. 1980. Respiratory disease mortality in New Mexico's american indians and hispanic. *Am. J. Public Health.* 70:492-497.
- 70.- Smith, M. T., Hudson, B. L. 1984. Isonymic relationships in the Parish of Fylingdales North Yorkshire, in 1851. *Ann. Hum. Biol.* 11:141-148.
- 71.- Smith, M. T., Smith, B. L. 1984. Changing isonymy relationship in Fylingdales Parish, North Yorkshire, 1841-1881. *Ann. Hum. Biol.* 11:449-457.
- 72.- Swedlung, A. C., Anderson, A. B., Boyce, A. J. 1985. Population structure in the Connecticut valley. II. A comparison of multidimensional scaling solutions of migration matrices and isonymy. *Am. J. Phys. Anthropol.* 68:539-547.
- 73.- Tavares-Neto, J., Azevedo, E. S. 1977. Racial origin and historical aspects of family names in Bahia, Brazil. *Hum. Biol.* 49:287-299.

- 74.- Tavares-Neto, J., Azevedo, E. S. 1978. Family names and ABO blood group frequencies in a mixed population of Bahia, Brazil. *Hum. Biol.* 50:361-367.
- 75.- Tay, J. S. H., Yip, W. C. L. 1984. The estimation of inbreeding from isonymy: relationship to the average inbreeding coefficient. *Ann. Hum. Genet.* 48:185-194.
- 76.- Weitkamp, L. 1969. Chromosomal location of MN blood group locus. *Science.* 164:1137-1188.
- 77.- Wijsman, E., Zei, G., Moroni, A., Cavalli Sforza, L. L. 1984. Surnames in Sardinia II. Computation of migration matrices from surname distributions in different periods. *Ann. Hum. Genet.* 48:65-78.
- 78.- Williams, W. J., Beutler, E., Ersler, A. J., Rundles, R. W. 1975. *Hematología*. 1a. Ed. Salvat Editores, S. A. Barcelona, España.
- 79.- Wilson, S. R. 1981. The analysis of g-isonymy data. *Ann. of Hum. Biol.* 8:341-350.
- 80.- Zei, G., Guglielmino Mattesi, R., Siri, E., Moroni, A., Cavalli-Sforza, L. 1983. Surnames in Sardinia. I. Fit of frequency distributions for neutral alleles and genetic population structure. *Ann. Hum. Genet.* 47:329-352.
- 81.- Zei, G., Piazza, A., Moroni, A., Cavalli Sforza, L. L. 1986. Surnames in Sardinia III. The spatial distribution of surnames for testing neutrality of genes. *Ann. Hum. Genet.* 50:169-180.

CUADRO 1.- FRECUENCIAS FENOTÍPICAS (%) Y GENICAS PARA GRUPOS SANGUÍNEOS ABO, EN APELLIDOS MONO Y POLIFILÉTICOS.

APELLIDO	n	FRECUENCIAS FENOTÍPICAS (%)				FRECUENCIAS GENICAS			
		A	B	AB	O	I ^a	I ^b	I ^c	I ^d
MONOFILÉTICO:									
CANTU	277	35.38	6.14	1.44	57.04	0.2052	0.0387	0.7561	
CHAPA	68	29.41	10.29	0.00	60.30	0.1607	0.0532	0.7861	
JARZA	484	34.71	9.30	4.13	51.86	0.2171	0.0693	0.7136	
YONTEMAYOR	90	28.89	14.44	7.78	48.89	0.2020	0.1168	0.6812	
TREVINO	378	29.89	8.20	1.85	60.06	0.1738	0.0516	0.7746	
T O T A L	1297	32.77	8.71	2.93	55.59	0.1977	0.0599.	0.7423	
POLIFILÉTICO:									
GARCIA	475	26.10	10.11	1.47	62.32	0.1491	0.0597	0.7912	
GONZALEZ	505	30.89	10.69	2.38	56.04	0.1832	0.0676	0.7492	
MARTINEZ	570	25.26	10.70	1.58	62.46	0.1448	0.0635	0.7917	
RODRIGUEZ	550	26.18	10.55	2.00	61.27	0.1525	0.0648	0.7827	
SANCHEZ	413	25.18	8.72	1.94	64.16	0.1461	0.0547	0.7992	
T O T A L	2513	26.74	10.23	1.87	61.16	0.1551	0.0625	0.7824	
GRAN TOTAL:	3810	28.79	9.71	2.23	59.27	0.1694	0.0616	0.7690	

Total Monofiléticos vs. Total Polifiléticos: $\chi^2 = 21.60$ g.l. = 3 $p < 0.05$

CUADRO 2.- FRECUENCIAS FENOTIPIICAS (%) Y GENICAS PARA Rh_o(D) EN APELLIDOS MONO Y POLIFILETICOS.

APELLIDO	n	FRECUENCIAS FENOTIPIICAS (%)		FRECUENCIAS GENICAS	
		Rh _o (D) Pos.	Rh _o (D) Neg.	D	d
MONOFILETICO:					
CANTU	277	89.17	10.83	0.6709	0.3291
CHAPA	68	79.41	20.59	0.5463	0.4537
GARZA	484	85.95	14.05	0.6252	0.3748
MONTEMAYOR	90	87.78	12.22	0.6504	0.3496
TREVINO	380	88.68	11.32	0.6636	0.3364
T O T A L	1299	87.22	12.78	0.6425	0.3575
POLIFILETICO:					
GARCIA	475	93.89	6.11	0.7529	0.2471
GONZALEZ	504	90.87	9.13	0.6979	0.3021
MARTINEZ	571	94.40	5.60	0.7633	0.2367
RODRIGUEZ	550	96.00	4.00	0.8000	0.2000
SANCHEZ	414	95.17	4.83	0.7802	0.2198
T O T A L	2514	94.07	5.93	0.7565	0.2435
GRAN TOTAL:	3813	91.74	8.26	0.7126	0.2874

Total Monofiléticos vs. Total Polifiléticos: $\chi^2 = 52.16$ g.l. = 1 p = 0.05

CUADRO 3.- FRECUENCIAS FENOTIPICAS (%) Y GENICAS PARA MN EN APELLIDOS MONO Y POLIFILETICOS.

APELLIDO	n	FRECUENCIAS FENOTIPICAS (%)				FRECUENCIAS GENICAS			
		M	N	MN	M	N	MN	N	
MONOFILETICO:									
CANTU	277	44.77	11.19	44.04	0.6679	0.3321	0.6679	0.3321	
CHAPA	68	48.53	16.18	35.29	0.6618	0.3382	0.6618	0.3382	
GARZA	484	46.69	11.16	42.15	0.6777	0.3223	0.6777	0.3223	
MONTEMAYOR	90	54.45	11.11	34.44	0.7167	0.2833	0.7167	0.2833	
TREVINO	378	41.27	14.81	43.92	0.6323	0.3677	0.6323	0.3677	
T O T A L	1297	45.33	12.49	42.17	0.6642	0.3358	0.6642	0.3358	
POLIFILETICO:									
GARCIA	474	44.72	10.13	45.15	0.6730	0.3270	0.6730	0.3270	
GONZALEZ	505	45.94	12.48	41.58	0.6673	0.3327	0.6673	0.3327	
MARTINEZ	571	51.49	9.46	39.05	0.7102	0.2898	0.7102	0.2898	
RODRIGUEZ	550	44.55	13.45	42.00	0.6554	0.3446	0.6554	0.3446	
SANCHEZ	413	52.54	11.62	35.84	0.7046	0.2954	0.7046	0.2954	
T O T A L	2513	47.75	11.42	40.83	0.6817	0.3183	0.6817	0.3183	
GRAN TOTAL:	3810	46.93	11.78	41.29	0.6757	0.3243	0.6757	0.3243	

Total Monofiléticos vs. Total Polifiléticos: $X^2 = 2.27$ g.l. = 2 p > 0.05

CUADRO 4.- PORCIENTO DE MEZCLA GENICA ESPAÑOLA E INDIGENA PARA ABO, Rh₀(D) Y MN, EN PERSONAS DEL AMM CON APELLIDOS MONO Y POLIFILETICOS.

APELLIDO	MEZCLA GENICA		ERROR ESTANDAR (%)
	ESPAÑOLA (%)	INDIGENA (%)	
MONOFILETICOS:			
CHAPA	80.17	19.83	0.99
GARZA	77.99	22.01	0.21
MONTEMAYOR	76.51	23.49	1.63
TREVINO	69.29	30.71	0.50
CANTU	67.72	32.28	0.43
TOTAL	73.38	26.62	0.11
POLIFILETICOS:			
* GARCIA	53.57	46.43	0.21
GONZALEZ	65.70	34.30	0.30
RODRIGUEZ	50.16	49.84	0.52
MARTINEZ	49.56	50.44	0.51
SANCHEZ	46.90	53.10	0.36
TOTAL	50.62	49.38	0.56
GRAN TOTAL	59.03	40.97	0.30

Total (Monofiléticos vs. Polifiléticos):

$$\chi^2 = 1590 \text{ g.l. } 1 \text{ p} < 0.05$$

CUADRO 5.- DISTANCIAS GENÉTICAS Y ERROR ESTANDAR ($\times 10^{-7}$) ENTRE APELLIDOS MONO Y POLIFILETICOS Y CON RESPECTO A LAS POBLACIONES ESPAÑOLA E INDIGENA.

	MONOFILETICO	POLIFILETICO	ESPAÑOLA
POLIFILETICO	8.85 ± 5.44		
ESPAÑOLA	15.56 ± 6.22	40.25 ± 4.15	
INDIGENA	58.92 ± 34.65	22.59 ± 11.57	116.65 ± 25.83

CUADRO 6.- DISTRIBUCION DEL PORCIENTO DE APELLIDOS UNICOS, DIFERENTES Y COMPARTIDOS EN PERSONAS SELECCIONADAS DEL AMM CON APELLIDOS MONO Y POLIFILETICOS.

APELLIDO	No. DE MUESTRA	No. DE APELLIDOS DISTINTOS	PORCENTAJE DE APELLIDOS		
			UNICOS	DIFERENTES	COMPARTIDOS
MONOFILETICO:					
<u>PATerno:</u>					
CANTU	148	73	67.12	49.32	32.88
CHAPA	36	27	77.78	75.00	22.22
GARZA	254	112	67.86	43.92	32.14
MONTEMAYOR	52	36	75.00	69.23	25.00
TREVINO	223	101	64.36	45.29	35.64
<u>MATerno:</u>					
CANTU	129	69	68.12	53.49	31.88
CHAPA	32	23	78.26	71.87	21.74
GARZA	229	98	65.31	42.79	34.69
MONTEMAYOR	38	22	54.55	57.89	45.45
TREVINO	159	82	69.51	51.57	30.49
POLIFILETICO:					
<u>PATerno:</u>					
GARCIA	261	155	73.55	59.39	26.45
GONZALEZ	274	134	66.42	49.26	33.58
MARTINEZ	306	148	66.89	48.36	33.11
RODRIGUEZ	281	159	67.92	56.58	32.08
SANCHEZ	208	122	69.67	58.65	30.33
<u>MATerno:</u>					
GARCIA	215	126	70.63	58.60	29.37
GONZALEZ	233	105	64.76	45.06	35.24
MARTINEZ	266	137	71.53	51.50	28.47
RODRIGUEZ	268	145	71.72	53.90	28.28
SANCHEZ	206	111	64.86	53.62	35.14

Porcentaje promedio de apellidos únicos:

Monofilético paterno	=	70.42 ± 5.08
Monofilético materno	=	67.15 ± 7.64
Total Monofiléticos	=	68.79 ± 6.69
Polifilético paterno	=	68.89 ± 2.58
Polifilético materno	=	68.70 ± 3.20
Total polifiléticos	=	68.79 ± 2.91

CUADRO 7.- CALCULO DE RELACION POR ISONIMIA (Ri) X 10³ ENTRE APELLIDOS MONOFILETICOS DE ORIGEN PATERNO Y MATERNO.

APELLIDO	P A T E R N O				M A T E R N O				
	CHAPA	GARZA	MONTEMAYOR	TREVIÑO	CANTU	CHAPA	GARZA	MONTEMAYOR	TREVIÑO
<u>PATERNO:</u>									
CANTU	21.6	25.5	24.4	19.3	24.8	30.2	26.1	17.8	22.5
CHAPA		23.4	25.6	17.6	18.1	27.8	22.9	13.2	22.7
GARZA			24.4	23.7	26.8	30.1	31.2	18.4	30.2
MONTEMAYOR				18.7	22.2	31.3	25.7	19.7	22.1
TREVIÑO					21.1	20.2	24.1	15.3	25.6
<u>MATERNO:</u>									
CANTU						27.1	27.1	15.7	24.7
CHAPA							32.8	25.5	24.4
GARZA								20.3	29.9
MONTEMAYOR									16.9

Ri promedio = 23.53 ± 4.68

Valor Mínimo = 13.2 entre Materno Montemayor y Paterno Chapa.

Valor Máximo = 32.8 entre Materno Garza y Materno Chapa.

CUADRO 6.- CALCULO DE RELACION POR ISONIMIA (Ri) X 10³ ENTRE APELLIDOS POLIFILETICOS DE ORIGEN PATERNO Y MATERNO.

APELLIDO	P A T E R N O					M A T E R N O				
	GONZALEZ	MARTINEZ	RODRIGUEZ	SANCHEZ	GARCIA	GONZALEZ	MARTINEZ	RODRIGUEZ	SANCHEZ	GARCIA
<u>PATERNO:</u>										
GARCIA	11.6	11.9	10.4	10.7	11.4	13.3	13.1	11.1	11.1	12.1
GONZALEZ		13.5	10.3	10.8	12.7	18.7	15.1	13.0	13.0	13.6
MARTINEZ			11.9	12.4	13.0	14.4	15.5	13.4	13.4	13.5
RODRIGUEZ				10.2	10.9	11.6	12.7	11.1	11.1	11.4
SANCHEZ					10.9	11.8	12.5	10.7	10.7	12.3
<u>MATERNO:</u>										
GARCIA						14.4	14.8	12.2	12.2	12.3
GONZALEZ							16.5	15.0	15.0	15.0
MARTINEZ								14.2	14.2	14.5
RODRIGUEZ										12.5

Ri promedio = 12.78 ± 1.80

Valor Mínimo = 10.2 entre Paterno Rodríguez y Paterno Sánchez.
 Valor Máximo = 18.7 entre Paterno González y Materno González.

CUADRO 9. - CALCULO DE RELACION POR ISONIMIA (R_i) X 10³ ENTRE APELLIDOS MONO (M) Y POLIFILETICOS (P) DE ORIGEN PATERNO Y MATERNO.

M	P A T E R N O					M A T E R N O				
	CANTU	CHAPA	GARZA	MONTEMAYOR	TREVINO	CANTU	CHAPA	GARZA	MONTEMAYOR	TREVINO
<u>PATERNO:</u>										
GARCIA	13.0	11.5	13.3	13.9	12.0	12.0	15.0	13.6	11.9	12.6
GONZALEZ	19.0	16.6	20.3	18.7	16.9	18.6	21.8	21.5	13.0	19.4
MARTINEZ	14.4	11.4	14.1	15.8	14.1	13.5	14.0	14.9	12.0	14.1
RODRIGUEZ	11.0	10.4	10.8	12.2	10.7	10.1	11.7	11.2	10.4	10.3
SANCHEZ	11.4	11.0	10.9	12.3	11.0	9.8	12.0	11.0	9.4	10.3
<u>MATERNO:</u>										
GARCIA	13.6	11.0	15.0	12.3	14.3	13.5	12.9	14.9	13.7	15.0
GONZALEZ	23.0	20.3	25.9	21.6	20.9	23.8	25.9	27.4	15.5	24.5
MARTINEZ	17.0	11.7	16.6	15.4	16.2	15.6	15.5	17.5	15.4	16.1
RODRIGUEZ	14.5	12.2	15.6	15.4	14.1	13.8	17.1	16.2	14.8	14.4
SANCHEZ	15.2	14.4	15.1	15.6	13.8	12.9	16.3	15.1	12.7	14.5

R_i promedio = 14.86 ± 3.82

Valor Mínimo = 9.4, entre Paterno Sánchez y Materno Montemayor.

Valor Máximo = 27.4, entre Materno González y Materno Garza.

CUADRO 10.- ESTIMACION DEL COEFICIENTE DE ENDOGAMIA EN PERSONAS
CON APELLIDOS MONO Y POLIFILETICOS DEL AMM.

APELLIDO	COEFICIENTE DE ENDOGAMIA (%)				F ₁₁ (Total)
	F ₁₂ (no al azar)	(%)	F ₂₁ (al azar)	(%)	
MONOFILETICO:					
PATERNO:					
CANTU	0.73	47.40	0.81	52.60	1.54
CHAPA	0.24	17.14	1.16	82.86	1.40
GARZA	0.24	22.43	0.83	77.57	1.07
MONTEMAYOR	-0.06	5.56	1.02	94.44	1.08
TREVINO	1.19	65.75	0.62	34.25	1.81
MATERNO:					
CANTU	1.00	55.93	0.78	44.07	1.77
CHAPA	0.00	0.00	1.56	100.00	1.56
GARZA	2.12	70.20	0.90	29.80	3.02
MONTEMAYOR	-0.02	1.32	1.49	98.68	1.51
TREVINO	1.65	64.20	0.92	35.80	2.57
POLIFILETICO:					
PATERNO:					
GARCIA	0.53	56.99	0.34	43.01	0.93
GONZALEZ	0.92	65.71	0.48	34.29	1.40
MARTINEZ	1.14	72.61	0.44	27.39	1.57
RODRIGUEZ	0.47	58.75	0.34	41.25	0.80
SANCHEZ	0.71	65.14	0.38	34.86	1.09
MATERNO:					
GARCIA	0.66	62.86	0.39	37.14	1.05
GONZALEZ	1.99	74.81	0.67	25.19	2.66
MARTINEZ	1.31	72.38	0.50	27.62	1.81
RODRIGUEZ	0.43	51.19	0.42	48.81	0.84
SANCHEZ	0.96	68.57	0.44	31.43	1.40

