

EVALUACION DE LA CORRELACION ENTRE ATRIBUTOS GENETICOS Y APELLIDOS: CARACTERISTICAS DE STRs AUTOSOMICOS EN INDIVIDUOS CON APELLIDO MAPUCHE Y EUROPEO

*Andrea Sala
Miguel E. Marino
María C. Bobillo
Daniel Corach*

PALABRAS CLAVE: ADN, STR autosómicos, Amerindios, Apellidos Mapuche

RESUMEN: Uno de los criterios de identificación vigente en los países occidentales es el determinado por el apellido. En ciertas regiones los apellidos pueden asociarse a grupos humanos definidos. Con el objeto de evaluar una posible correlación entre el origen étnico de diversas poblaciones se compararon las características genéticas de individuos cuyos apellidos incluyen elementos lingüísticos Mapuche con otros asociados a un origen europeo. En el presente trabajo se investigaron 168 individuos varones no relacionados, provenientes de las provincias patagónicas de Río Negro y Chubut, seleccionándose en cada provincia un número comparable de individuos con apellido Mapuche y europeo. Se analizaron 15 microsatélites (STRs) autosómicos, ampliamente usados en identificación humana. Los resultados obtenidos indican una diferencia significativa entre el grupo Mapuche y el europeo ($F_{st} = 0.055$; $p < 0,05$). Los resultados de distancias genéticas sugieren que el grupo Mapuche es genéticamente distante de las poblaciones con apellido no aborígen. *Rev. Arg. Antrop. Biol.* 8(1): 9-21, 2006.

Servicio de Huellas Digitales Genéticas y Cátedra de Genética y Biología Molecular. Facultad de Farmacia y Bioquímica. Universidad de Buenos Aires (UBA).
e-mail: shdg@ffyb.uba.ar

Correspondencia a: Dra. Andrea Sala. Servicio de Huellas Digitales Genéticas. Facultad de Farmacia y Bioquímica. Universidad de Buenos Aires. Junín 956 Piso 7. 1113 Buenos Aires. Argentina. Tel: 54-11-496-48281. Fax: 54-11-496-48282.
e-mail: asala@ffyb.uba.ar

Recibido 2 Febrero 2006; aceptado 23 Mayo 2006.

KEY WORDS: DNA polymorphism, Autosomal STR, Amerindian, Mapuche surnames

ABSTRACT: One of the criteria of effective identification in western hemisphere countries is determined by the surname. In certain regions, the first family names (paternal lineage) can be associated to defined human groups. In order to evaluate a possible correlation between the ethnic origin of diverse populations with their genetic characteristics, individuals whose first family names (paternal) included Mapuche linguistic elements were compared against others associated with a European origin. The present work included the study of 168 unrelated male individuals that inhabit the Patagonian provinces of Río Negro and Chubut. The sample was classified in two groups on the basis of their paternal family name: of native or European ancestry. A total of 15 autosomal microsatellites (STRs), widely used in human identification, were analyzed. The obtained results demonstrate significant differences between the Mapuche and European groups (F_{st} : 0.055; $p < 0,05$). Genetic distances suggest that the Mapuche group is genetically distant from the populations with non-aboriginal surnames. *Rev. Arg. Antrop. Biol.* 8(1): 9-21, 2006.

INTRODUCCION

El estudio de los apellidos ha sido desde hace tiempo tema de investigación en numerosas áreas de la ciencia: antropología, biología y genética (Little y Malina, 2005; Manni et al., 2005; Santos et al., 2005). Uno de los primeros estudios de apellidos fue realizado por Charles Darwin en 1875, quien calculó la proporción esperada de matrimonios entre personas del mismo apellido, trabajo que dio lugar más tarde al desarrollo de la estimación de los coeficientes de endogamia o "inbreeding" (Cockerham, 1971). Por otro lado, numerosos investigadores han utilizado el apellido como herramienta para evaluar orígenes geográficos (Martinez-Labarga et al., 1999; Balanovskaia et al., 2000), relación entre isonomía y subestructura poblacional (Pettener et al., 1998; Barrai et al., 2002), movimientos migratorios (Christensen, 1999), correlación entre información genético-molecular y genealogías (Bailliet et al., 2001) o para determinar etnicidad (Chakraborty et al., 1989; Colantonio et al., 2002; 2003).

Las poblaciones amerindias han sido objeto de numerosos estudios tendientes a determinar su composición genética y trazar su historia evolutiva (Crawford, 1998; Callegari-Jacques y Salzano, 1999). A la información aportada por marcadores serológicos (Rothhammer et al., 1997; Kaufman et al., 1998; Goicoechea et al., 2000; 2001) se incorporó la gran variedad de sistemas hipervariables que pueden detectarse en el genoma humano (Ginther et al., 1993; Sala et al., 1998; 1999; Deka et al., 1999).

Si bien los marcadores de herencia uniparental, en particular, los polimorfismos presentes en el cromosoma Y han sido exitosamente usados en el rastreo de linajes a través del estudio de individuos de determinados apellidos (Sykes e Irven,

2000; Jobling, 2001), el uso de un número considerable de polimorfismos autosómicos no ha sido aún extensivamente empleado. Con el objeto de investigar la posible correlación entre la constitución genética de polimorfismos autosómicos y los apellidos, se seleccionaron dos grupos de muestras de habitantes de las provincias patagónicas de Río Negro y Chubut (N=168). Estos grupos incluyeron 86 individuos con apellidos Mapuche y 82 individuos con apellido Europeo. Se analizaron 15 microsátelites autosómicos o STRs (Short Tandem Repeats).

El presente estudio constituye la primera fase del análisis que será complementado con la información que arrojen los marcadores de herencia uniparental, de cromosoma Y y ADN mitocondrial, actualmente en curso.

MATERIAL Y METODOS

Muestras

El presente estudio empleó muestras oportunamente analizadas por el Servicio de Huellas Digitales Genéticas de la Facultad de Farmacia y Bioquímica de la Universidad de Buenos Aires en estudios de identificación, cuya obtención contó con el consentimiento informado por parte de los donantes o que fueron solicitadas por autoridades judiciales. El tratamiento de las mismas una vez seleccionadas fue realizado en forma anónima. Se analizó un total de 168 muestras de individuos varones no relacionados provenientes de dos provincias patagónicas: Río Negro y Chubut. El criterio de selección adoptado permitió establecer dos grupos, uno constituido por individuos con apellido Mapuche y otro por individuos con apellidos europeos.

El primer grupo está constituido por 86 muestras cuyos apellidos pudieron asociarse a elementos lingüísticos de la etnia Mapuche. En los mismos se encuentran vocablos (Vg. apellidos terminados en lef, laf, queo, leo, man, ñir, pan, llan, mil, cura, che, hue, etc.) que en la lengua Mapuche tienen un significado determinado (Vg. lef: ligero, veloz; man: derecho, laf: plano, llano; etc) (www.aborigenargentino.com.ar). Estos apellidos corresponden a nombres castellanizados de origen Mapudungun (<http://www.members.aol.com>). Este grupo fue dividido en dos subgrupos, uno proveniente de Río Negro, denominado "Map-RN" (N=44) y otro de Chubut, denominado "Map-Chu" (N=42).

Por otro lado, el segundo grupo constituido por 82 individuos con apellidos no aborígenes (o Europeos) fue dividido en dos "subgrupos" denominados de acuerdo con su procedencia "Chubut" (N=40) y "Río Negro" (N=42), respectivamente.

Para el análisis de distancias genéticas se consideró un tercer grupo de comparación, que denominamos "Buenos Aires", constituido por muestras de individuos no relacionadas de Buenos Aires y conurbano bonaerense (N=516).

Métodos

El ADN se extrajo a partir de muestras de sangre depositadas en papel de algodón siguiendo los protocolos recomendados por el fabricante (FTA, Whatman USA). Se analizó un total de 15 sistemas de STRs autosómicos (D3S1358, THO-1, D21S11, D18S51, Penta E, D5S818, D13S317, D7S820, D16S539, CSF1PO, Penta D, vWA, D8S1179, TPOX y FGA), en reacciones de amplificación mediante PCR multiplex. La detección se llevó a cabo en secuenciadores automáticos ABI 310 y/o 3100 Avant (Applied Biosystems, Foster City, USA).

Análisis Estadístico

Las frecuencias alélicas se obtuvieron mediante el programa POWER STAT v1.0 (<http://www.power-stats.com>).

El test de Equilibrio de Hardy-Weinberg se realizó de acuerdo al método propuesto por Guo y Thompson (1992). La diversidad génica fue estimada de acuerdo a Nei (1987).

Se realizó el test de diferenciación exacto (Raymond y Rousset, 1995) para evaluar la hipótesis de una distribución aleatoria de individuos entre dos poblaciones.

Se llevó a cabo un Análisis de Variancia Molecular (AMOVA) empleando para ello el programa Arlequin 3.0 (Excoffier et al., 2005).

A partir de las distancias genéticas y por el método UPGMA (Unweighed pair-group method with arithmetic averages) se construyó un dendrograma con el programa Tree View v 1.6.6.

RESULTADOS

El análisis de los 15 microstélites hipervariables permitió comparar las frecuencias alélicas de cada grupo considerado. Las frecuencias alélicas se encuentran disponibles en <http://www.ffyb.uba.ar/bdg>. En la Figura 1 se presentan los gráficos de distribución de frecuencias para cada locus considerado. Con el objeto de establecer el grado de diferenciación entre los grupos investigados se realizó un Test de Diferenciación Exacto cuyos resultados se resumen en la Tabla 1. Entre los subgrupos “Río Negro” y “Chubut” no se observaron diferencias significativas para ninguno de los marcadores, mientras que entre los subgrupos “Map-RN” y Map-Chu” sólo se observaron diferencias en tres sistemas. La mayor cantidad de diferencias significativas se observaron en las comparaciones cruzadas entre grupos. Es de destacar la comparación entre “Río Negro” y “Map-RN” en la que 7/15 sistemas mostraron diferencias significativas en la distribución de frecuencias alélicas, indicando una estructura genética diferente en ambos subgrupos.

ATRIBUTOS GENETICOS Y APELLIDOS MAPUCHE

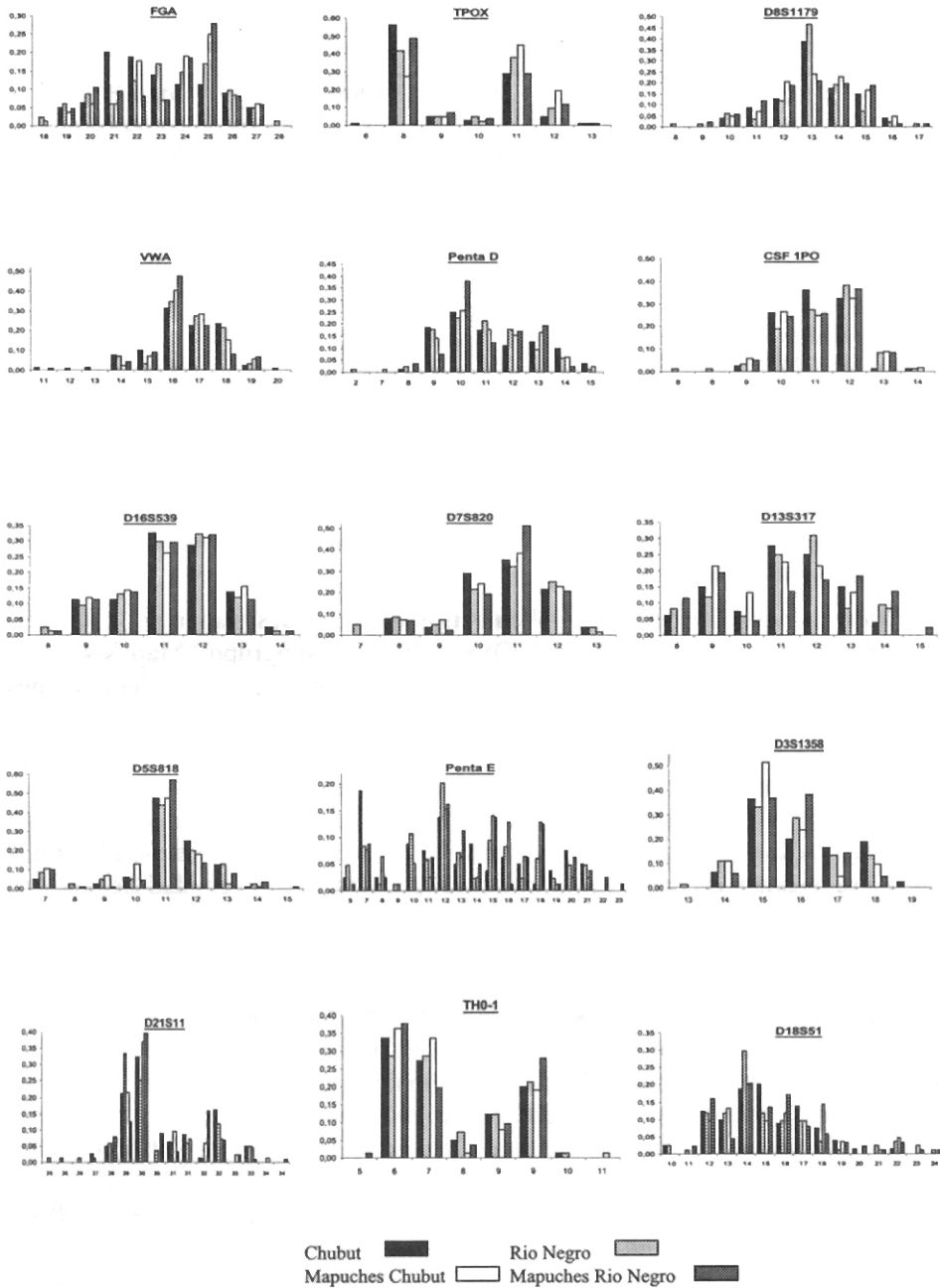


Figura 1
Distribución de frecuencias alélicas

Tabla 1

Test de Diferenciación Exacto. Número de Replicaciones (Markov chain): 10000

| | RN vs Map-RN | RN vs Map-Chu | Chu vs Map-RN | Chu vs Map-Chu | RN vs Chu | Map-RN vs Map-Chu |
|---------|--------------------|---------------------|---------------------|----------------------|-----------------|-------------------------|
| TPOX | - | - | - | ++ | - | + |
| D8S51 | ++ | + | - | - | - | - |
| vWA | + | - | - | - | - | - |
| Penta D | + | - | + | - | - | - |
| D7S820 | + | - | - | - | - | - |
| D13S317 | + | ++ | - | - | - | ++ |
| D5S818 | - | + | - | + | - | - |
| Penta E | + | - | ++ | + | - | - |
| D21S11 | ++ | + | + | - | - | - |
| D3S1358 | - | - | + | + | - | + |

Nivel de significancia: + $p < 0,05$; ++ $p < 0,01$; - no se observaron diferencias significativas.

El test de equilibrio de Hardy-Weinberg indicó una desviación del equilibrio en ciertos loci, como en D18S51 y D8S1179, en el subgrupo “Map-RN” y en CSF1PO y vWA en el subgrupo “Río Negro”. Sin embargo, estas desviaciones resultaron no significativas luego de aplicar la corrección propuesta por Bonferroni (1936) (datos no mostrados).

La heterocigosidad, considerando los 15 loci investigados, resulta similar en las poblaciones analizadas, siendo no significativos los resultados observados respecto de los esperados para cada marcador en particular ($p > 0,05$; dato no mostrado). En la Tabla 2 se resumen las comparaciones de Heterocigosidad, Diversidad Génica Promedio y Número Medio de Diferencias entre pares de muestras para las cuatro poblaciones en estudio. El análisis de índices moleculares indica que los subgrupos “Map-RN” y “Map-Chu” exhiben valores inferiores en el número medio de diferencias entre pares de muestras, respecto de los valores hallados para “Río Negro” y “Chubut”, los que, por otro lado, muestran características similares entre sí. Este resultado podría indicar una reducción en el pool de genes en el grupo “Mapuche” como consecuencia de una mayor endogamia entre individuos de un mismo grupo.

Con el objeto de analizar la existencia de variación entre las poblaciones analizadas, se realizó un Análisis de Variancia Molecular (AMOVA). La Tabla 3 resume los resultados obtenidos luego de realizar el test a partir de distancias RST, basadas en el modelo evolutivo Single Step Mutation Model (SSM). Como puede observarse, cuando el grupo Mapuche o el grupo no Mapuche es tomado por separado no se observan diferencias significativas ($p > 0,736$ y $p > 0,485$, respectivamente). Por el contrario, si se consideran todas las poblaciones en conjunto se

Tabla 2

Niveles de heterocigosidad e índices de diversidad molecular

| Población | n | Ho | Diversidad génica promedio | Número medio de diferencias entre pares de muestras |
|------------------|----|-------|----------------------------|---|
| Chubut | 40 | 0.780 | 0.782 | 11.744 |
| Río Negro | 42 | 0.773 | 0.787 | 11.810 |
| Map-RN | 44 | 0.789 | 0.746 | 8.206 |
| Map-Chu | 42 | 0.775 | 0.775 | 8.527 |

Ho: heterocigosidad observada; n: número de individuos.

observan diferencias significativas entre las poblaciones ($p < 0,0088$). La comparación entre grupos (Mapuche vs No Mapuche) indica que el 6,23% de la variación se debe a diferencias entre ambos grupos ($F_{st} = 0,055$; $p < 0,0058$), no existiendo diferencias significativas entre las poblaciones dentro de los grupos ($F_{sc} = -0,0076$; $p > 0,707$) ni dentro de las poblaciones ($F_{ct} = 0,062$; $p > 0,346$).

Tabla 3

Test de Análisis de Variancia Molecular (AMOVA). Método de distancia: Rst

| Población | Grupos | Origen de la variación | Variación (%) | Significancia (valor P) |
|-------------|--|--|---------------|-------------------------|
| Mapuches | 1 (Map-RN+ Map-Chu) | Entre poblaciones | -1,04 | >0,7360 |
| | | Dentro de las poblaciones | 101,04 | |
| No Mapuches | 1 (Río Negro + Chubut) | Entre poblaciones | -0,64 | >0,4858 |
| | | Dentro de las poblaciones | 100,64 | |
| Todos | 1 (Map-RN+ Map-Chu+ Río Negro+Chubut) | Entre poblaciones | 3,51 | <0,0088 |
| | | Dentro de las poblaciones | 96,49 | |
| Todos | 2 (Mapuches vs no Mapuches) | Entre grupos | 6,23 | <0,0058 |
| | | Entre poblaciones dentro de los grupos | -0,71 | >0,7077 |
| | | Dentro de las poblaciones | 94,48 | >0,3460 |

Significativo : $p < 0,05$; Número de permutaciones: 1000

La comparación entre pares de grupos por medio del estadístico F (pairwise Fst) puede ser utilizada como un estimador de las distancias entre poblaciones (Slatkin, 1995). Los valores obtenidos luego de 1000 repeticiones resultaron significativos entre los subgrupos Mapuche respecto de cada uno de los subgrupos de Chubut y Río Negro (“Map-RN” vs “Río Negro”: 0.01295; “Map-Chu” vs “Río Negro”: 0.00466; “Map-RN” vs “Chubut”: 0.01149; “Map-Chu” vs “Chubut”: 0.00850; $p < 0,05$).

La Figura 2 representa el dendrograma radial obtenido por el método UPGMA a partir de las de la matriz de Fst de los distintos subgrupos. Puede observarse que “Chubut” forma un agrupamiento o “cluster” con “Río Negro”, constituyendo el grupo más alejado del denominado “Mapuche”. Este resultado refleja una estructura genética diferente entre los individuos cuyo apellido presenta componentes lingüísticos aborígenes de aquellos con apellidos no Amerindios, considerando que las muestras provienen de una misma área geográfica.

Si bien el proceso histórico de movimientos migratorios de individuos pertenecientes a la etnia “Mapuche” hacia el conurbano bonaerense a fines de la primera mitad del siglo XX (Martinez Sarasola, 1995) puede haber provocado un mayor flujo génico con pobladores de éstas áreas (Avena et al., 1999), el grupo denominado “Buenos Aires” queda ubicado próximo al cluster “Río Negro-Chubut”, alejado a su vez del grupo “Mapuche”.

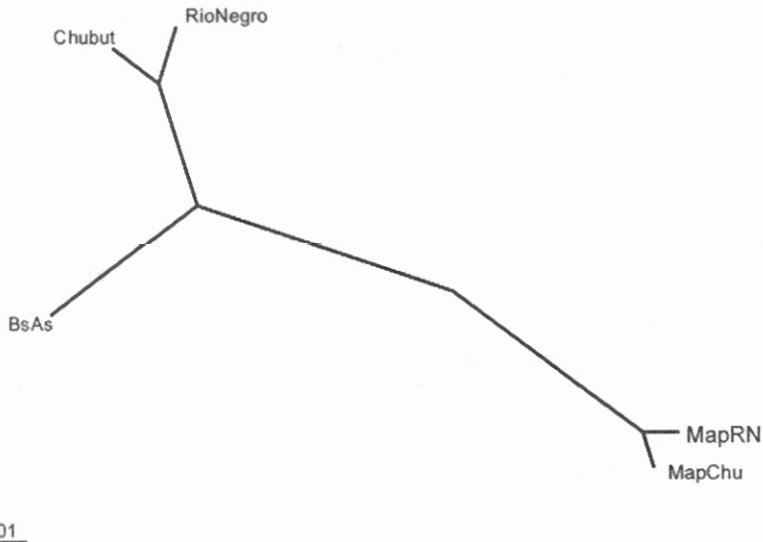


Figura 2

Dendrograma obtenido a partir de los valores de Fst (Método Slatkin, 1000 repeticiones).

DISCUSION

En la actualidad se estima que la población Mapuche asciende a 100.000 habitantes, distribuidos en las provincias de Neuquen, Río Negro, La Pampa, Chubut y Buenos Aires.

Según datos provisionales del relevamiento de pueblos Mapuche, a través de la Encuesta Complementaria de Pueblos Indígenas 2004-2005 (ECPI) llevada a cabo por el Instituto Nacional de Estadísticas y Censos INDEC: (<http://www.Indec.mecon.ar>), el número de habitantes descendientes o pertenecientes a la etnia Mapuche en las provincias patagónicas es de 76.423. Al momento de la redacción del presente trabajo aún no estaba disponible la cantidad total de habitantes (abarcando las provincias de La Pampa y Buenos Aires).

La hipótesis de nuestra investigación fue determinar si a través del análisis de marcadores STRs autosómicos puede establecerse una correlación entre variabilidad genética y los apellidos de diverso origen étnico.

Los resultados obtenidos, a través del uso de un número relativamente elevado de STRs autosómicos, permitieron confirmar que existen diferencias genéticas significativas entre los grupos considerados. Dado que los marcadores autosómicos están sujetos a la recombinación meiótica al momento de la formación de las gametas, podría considerarse limitada la capacidad para diferenciar diversos grupos étnicos, considerando que entre ellos se produce flujo génico. Sin embargo, debido a que existen mecanismos de selección cultural, podría explicarse la detección de tales diferencias en el hecho del incremento de la endogamia en el grupo de raíces originarias. Por otro lado, debe destacarse el hecho de que la transferencia del apellido no siempre refleja la pauta aceptada en forma general, que implica que el progenitor masculino ceda a sus descendientes varones y mujeres su apellido. En aquellos casos en los que los hijos no son reconocidos por su progenitor masculino, la madre es quién cede el apellido a su descendencia. Esta situación se ve particularmente incrementada en las poblaciones genéticamente heterogéneas como son las Americanas, en las que la constitución de la población actual ha requerido de aportes aborígenes, europeos, africanos y más recientemente asiáticos (Avena et al., 1999; Corach et al., 2004; 2006; Martínez Marignac et al., 2004). Dado que el apareamiento suele ser asimétrico, siendo las mujeres las aportantes locales mayoritarias, podría considerarse que en aquellos casos en los que el padre no reconoce a sus hijos la cesión del apellido puede enmascarar el componente genético no Amerindio. La ponderación de tal situación está siendo analizada por nuestro grupo mediante el análisis de marcadores genéticos de herencia uniparental (ADN mitocondrial, Y-SNPs e Y-STRs). El análisis de estos

últimos polimorfismos ha cobrado gran relevancia al demostrarse que constituyen marcadores genéticos específicos de numerosos grupos étnicos como lo son las poblaciones Amerindias (Bianchi et al., 1998; Bravi et al., 2000; Bailliet et al., 2001; Bortolini et al., 2002).

El análisis combinado de marcadores matri y patrilineales permitirá confirmar la correlación apellido/ascendencia aborígen, además de establecer el grado de mezcla o admixture en los individuos que portan apellidos pertenecientes a la etnia Mapuche. Tal información podrá complementar la expuesta en el presente trabajo.

AGRADECIMIENTOS

Este trabajo fue realizado en el marco de los Subsidios UBACyT B035, CONICET otorgados a DC y financiado en parte por los recursos generados por el SHDG DC y AS son miembros de la Carrera del Investigador, MM es becario doctoral del Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET) y MCB es becaria Doctoral de la UBA.

BIBLIOGRAFIA CITADA

- Avena SA, Goicoechea AS, Rey JA, Agosti JC y Carnese FR (1999) Análisis de la participación del componente indígena en una muestra hospitalaria de la ciudad de Buenos Aires. *Revista Argentina de Antropología Biológica* 2(1):211-226.
- Bailliet G, Castilla EE, Adams JP, Orioli IM, Martínez-Marignac VL, Richard SM y Bianchi NO (2001) Correlation between molecular and conventional genealogies in Aicuna: a rural population from Northwestern Argentina. *Hum. Hered.* 51:150-159.
- Balanovskaia EV, Pocheshkhova EA, Balanovskii OP y Ginter EK (2000) Genogeographic analysis of a subdivided population: Geography of random inbreeding from frequency of surnames in Adygs. *Genetika* 36(8):1126-1139.
- Barral I, Rodríguez-Larralde A, Manni F y Scapoli C (2002) Isonymy and isolation by distance in the Netherlands. *Hum. Biol.* 74(2):263-283.
- Bianchi NO, Catanesi CI, Bailliet G, Martínez-Marignac VL, Bravi CM, Vidal-Rioja LB, Herrera RJ y López-Camelo JS (1998) Characterization of ancestral and derived Y-chromosome haplotypes of New World native populations. *Am. J. Hum. Genet.* 63(6):1862-1871.
- Bonferroni CE (1936) Teoria statistica delle classi e calcolo delle probabilità. Pubblicazioni del R. Istituto Superiore di Scienze Economiche e Commerciali di Firenze 8:3-62.

- Bortolini MC, Salzano FM, Bau CH, Layrissé Z, Petzl-Erler ML, Tsuneto LT, Hill K, Hurtado AM, Castro-De-Guerra D, Bedoya G y Ruiz-Linares A (2002) Y-chromosome biallelic polymorphisms and Native American population structure. *Ann. Hum. Genet.* 66:255-259.
- Bravi CM, Bailliet G, Martínez-Marignac VL y Bianchi NO (2000) Origin of YAP+ lineages of the human Y-chromosome. *Am. J. Phys. Anthropol.* 112(2):149-158.
- Callegari-Jacques SM y Salzano FM (1999) Brazilian Indian/non-Indian interactions and their effects. *Ciência e Cultura* 51:166-174.
- Chakraborty R, Barton SA, Ferrell RE y Schull WJ (1989) Ethnicity determination by names among the Aymara of Chile and Bolivia. *Hum. Biol.* 61(2):159-177.
- Christensen AF (1999) Population relationship by isonymy in frontier Pennsylvania. *Hum. Biol.* 71(5):859-873.
- Cockerham CC (1971) Higher order probabilities of identity of alleles by descent. *Genetics* 69:235-246.
- Colantonio SE, Fuster V y Marcellino AJ (2002) Inter-population relationship by isonymy: Application to ethno-social groups and illegitimacy. *Hum. Biol.* 74:871-878.
- Colantonio SE, Lasker GW, Kaplan BA y Fuster V (2003) Use of surname models in human population biology: A review of recent developments. *Hum. Biol.* 75:785-807.
- Corach D, Marino M y Sala A (2004) Evaluation of the ethnic composition in the population of Argentina. IV International Forensic Y-User Workshop. Berlin.
- Corach D, Marino M y Sala A (2006) Relevant genetic contribution of Amerindian to the extant population of Argentina. *Progress in Forensic Genetics* 11 (en prensa).
- Crawford MH (1998) *The Origins of Native Americans. Evidence from Anthropological Genetics.* Cambridge, Cambridge University Press.
- Deka R, Shriver MD, Yu LM, Heidrich EM, Jin L, Zhong Y, McGarvey ST, Agarwal SS, Bunker CH, Miki T, Hundrieser J, Yin SJ, Raskin S, Barrantes R, Ferrell RE y Chakraborty R (1999) Genetic variation at twenty three microsatellite loci in sixteen human populations. *J. Genet.* 78:99-121.
- Excoffier L, Laval G y Schneider S (2005) Arlequin ver. 3.0: An integrated software package for population genetics data analysis. *Evolutionary Bioinformatics Online.*
- Ginther C, Corach D, Penacino GA, Rey JA, Carnese FR, Hutz MH, Anderson A, Just J, Salzano FM y King MC (1993) Genetic variation among the Mapuche Indians from the Patagonian region of Argentina: mitochondrial DNA sequence variation and allele frequencies of several nuclear genes. *EXS* 67:211

- Goicoechea AS, Carnese FR, Caratini AL, Avena S, Salaberry M y Salzano FM (2000) Demography, genetic diversity, and population relationships among Argentinean Mapuche Indians. *Genetics and Molecular Biology* 23(3):513-518.
- Goicoechea AS, Carnese FR, Dejean C, Avena SA, Weimer TA, Estalote AC, Simoes MLMS, Palatnik M, Salamoni SP, Salzano FM y Callegari-Jacques SM (2001) New genetic data on Amerindians from the Paraguayan Chaco. *Am. J. Hum. Biol.* 13:660-667.
- Guo S y Thompson E (1992) Performing the exact test for Hardy-Weinberg proportion for multiple alleles. *Biometrics* 48:361-372.
- Jobling MA (2001) In the name of the father: surnames and genetics. *Trends Genet.* 17(6):353-357.
- Kaufman L, Carnese FR, Goicoechea A, Dejean A, Salzano F y Hutz M (1998) Beta-globin gene cluster haplotypes in the Mapuche Indians of Argentina. *Genet. Mol. Biol.* 21:435-437.
- Little B y Malina R (2005) Inbreeding avoidance in an isolated indigenous Zapotec community in the Valley of Oaxaca, Southern Mexico. *Hum. Biol.* 77:306-316.
- Manni F, Toupance B, Sabbagh A y Heyer E (2005) New method for surname studies of ancient patrilineal population structures, and possible application to improvement of Y-chromosome sampling. *Am. J. Phys. Anthropol.* 126(2):214-228.
- Martinez-Labarga C, Rickards O, Scacchi R, Corbo RM, Biondi G, Pena JA, Varas de Viera C, Guevara AE, Santurino MS y de Stefano GF (1999) Genetic population structure of two African-Ecuadorian communities of Esmeraldas. *Am. J. Phys. Anthropol.* 109(2):159-174.
- Martínez Marignac VL, Bertoni B, Parra EJ y Bianchi NO (2004) Characterization of admixture in an urban sample from Buenos Aires, Argentina, using uniparentally and biparentally inherited genetic markers. *Hum. Biol.* 76(4):543-557.
- Martinez Sarasola C (1995) *Nuestros Paisanos los Indios*. Buenos Aires, Editorial Emecé S.A.
- Nei M (1987) *Molecular Evolutionary Genetics*. New York, Columbia University Press.
- Pettener D, Pastor S y Tarazona-Santos E (1998) Surnames and genetic structure of a high-altitude Quechua community from the Ichu River valley, Peruvian Central Andes, 1825-1914. *Hum. Biol.* 70(5):865-887.
- Raymond M y Rousset F (1995) An exact test for population differentiation. *Evolution* 49:1280-1283.

- Rothhammer F, Silva C, Callegari-Jacques SM, Llop E y Salzano FM (1997) Gradients of HLA diversity in South American Indians. *Ann. Hum. Biol.* 24:197-208.
- Sala A, Penacino G y Corach D (1998) Comparison of allele frequencies of eight STR loci from Argentinian Amerindian and European Populations. *Hum. Biol.* 70(5):937-947.
- Sala A, Penacino G, Carnese R y Corach D (1999) Reference database of hypervariable genetic markers of Argentina: applications for molecular anthropology and forensic casework. *Electrophoresis* 20:1733-1739.
- Santos C, Abade A, Cantons J, Mayer F, Aluja M y Lima M (2005) Genetic structure of Flores Island (Azores, Portugal) in the 19th century and in the present day: evidence from surname analysis. *Hum. Biol.* 77(3):317-324.
- Slatkin M (1995) A measure of population subdivision based on microsatellite allele frequencies. *Genetics* 139:457-462.
- Sykes B e Irven C (2000) Surnames and the Y Chromosome. *Am. J. Hum. Genet.* 66:1417-1419.
- Tree View v1.6.6. Copyright © Roderic D. M. 2001.
<http://taxonomy.zoology.gla.ac.uk/rod/rod.html>