



Apellidos e isonimia en las comunidades garífunas de la costa atlántica de Honduras

Edwin Francisco Herrera-Paz^a

Surnames and isonymy in the Garifuna communities of the Atlantic Coast of Honduras

Background: estimating random isonymy is an important tool in assessing the genetic structure of communities since its magnitude is, roughly, four times the inbreeding coefficient FST. The aim was to estimate the isonymy values from 26 Garifuna villages at the Atlantic coast of Honduras.

Methods: surnames from databases of 26 communities obtained from Honduran Electoral Organism were analyzed. Random isonymy within communities and from the total was calculated, as well as associated common parameters. Lasker's genetic distances calculated from isonymy among pairs of communities were assessed.

Results: relatively high values of random isonymy when compared to other rural communities in the revised literature were found. Additionally, relatively short pairwise genetic distances among communities, and a positive correlation with geographic distances were found.

Conclusions: results from this and other previously published articles are congruent with historic isolation of the communities and a recent tendency towards homogenization due to high intercommunity migration rates observed in males. We assessed isolation by distance in some extend. Population characteristics of Garifuna communities make them ideal for searching susceptibility genes involved in complex diseases.

Key words

genetic structures
isonomy

Con el advenimiento de la era de la genómica, la identificación de los grupos humanos rurales en aislamiento se ha convertido en una labor de vital importancia por la ventaja que estos representan en la búsqueda de genes que contribuyen a las enfermedades de herencia compleja, debido a que las frecuencias de algunas variantes genéticas de susceptibilidad se pueden ver aumentadas y con ello facilitar la detección en los estudios de asociación genómica.¹⁻⁶

En los últimos años, un creciente número de investigadores involucrados en el estudio de enfermedades de herencia compleja se ha enfocado a las poblaciones afrodescendientes debido a la riqueza genética presente en ellas.⁷⁻⁹ Bajo este contexto, el conocimiento de los efectos que producen diversos factores —como las migraciones y la endogamia— sobre la dinámica poblacional y la estructura genética de las comunidades en aislamiento, puede resultar valioso en el diseño de estudios genéticos y biomédicos de diversa índole.¹⁰⁻¹⁴

La población garífuna es interesante desde los puntos de vista genético y antropológico. Su historia comienza en San Vicente, isla ubicada al norte de Venezuela, en las Antillas Menores. En el siglo XVII, dos barcos provenientes de África Occidental cargados de africanos destinados al tráfico de esclavos encallaron en sus costas. Los sobrevivientes encontraron refugio en la isla, mezclándose con la población local, que en ese entonces era una composición de indios arahuacos y caribes. El resultado de la mezcla dio origen a los “caribes negros”, llamados también “garífunas”.¹⁵ A finales del siglo XVIII, los ingleses deportaron de San Vicente a una fracción de los garífunas hacia la isla de Roatán, en la costa atlántica hondureña. La mayor parte de esta población, aproximadamente 2500 individuos, fue trasladada por los españoles a la costa continental, específicamente a Trujillo, donde fundaron las comunidades de Cristales y Río Negro. Desde aquí se dispersaron a lo largo de la costa hondureña hasta Belice (por el Occidente) y Nicaragua (por el Oriente), fundando comunidades costeras de pescadores-agricultores y aumentando drásticamente su población, en lo que se ha dado en llamar el evento de adaptación biocultural más destacado de las Américas.^{16,17}

El objetivo principal de este estudio es obtener un conocimiento aproximado de la estructura genética y la dinámica poblacional de la etnia garífuna que habita las costas del Caribe de Honduras, mediante el análisis de la información proporcionada por los apellidos, técnica denominada *isonimia*. En otros artículos hemos reconstruido la dinámica de poblamiento de la costa hondureña, la estructura genética y los patrones de residencia garífunas mediante el análisis de frecuencias alélicas y genotípicas de marcadores del ADN utilizados comúnmente en genética forense.^{18,19}

Introducción: la estimación de la isonomia es una herramienta importante en la determinación de la estructura genética de las comunidades puesto que su magnitud es aproximadamente igual a cuatro veces el coeficiente de endogamia *FST*.

Métodos: se analizaron los apellidos registrados en la base de datos de 26 comunidades del Tribunal Supremo Electoral de Honduras. Se calculó la isonomia aleatoria dentro de cada comunidad y en el total, así como diversos parámetros comunes asociados. Se determinaron las distancias genéticas de Lasker a partir de la isonomia calculada entre pares de comunidades.

Resultados: se encontraron valores relativamente altos de isonomia aleatoria en comparación con otras

comunidades rurales. Adicionalmente, se observaron distancias genéticas relativamente cortas y se encontró una correlación positiva con las distancias geográficas.

Conclusiones: los resultados son congruentes con el aislamiento histórico de las comunidades y reciente tendencia a la homogenización por las altas tasas de migración masculina intercomunitaria. Las características de la población garífuna la hacen propicia para la realización de estudios destinados a la búsqueda de genes de susceptibilidad relacionados con enfermedades de herencia compleja.

Resumen

Palabras clave

estructuras genéticas
isonomia

Métodos

Población y muestra

La población estudiada fue la etnia garífuna que habita a lo largo de la costa Atlántica de Honduras en cuatro departamentos: Cortés, Atlántida, Colón y Gracias a Dios. La población estimada es de 200 000 habitantes distribuidos en alrededor de 40 comunidades rurales.¹⁹ La lista de apellidos se tomó de la base de datos de votantes del Tribunal Supremo Electoral de Honduras. Se analizaron los apellidos de 23 603 votantes residentes en 26 comunidades costeras garífunas. La ubicación geográfica y la coordenada longitudinal de cada comunidad estudiada se representan en la figura 1.

Ionomia, coeficiente de endogamia y parámetro α de Fisher

La *isonomia aleatoria* se define como la probabilidad aleatoria de que dos personas con el mismo apellido contraigan matrimonio. Crow y Mange notaron que este valor es aproximadamente cuatro veces el coeficiente de endogamia *FST* calculado para marcadores genéticos de herencia patrilineal, específicamente del cromosoma *Y*.²⁰ Dentro de un determinado territorio o subdivisión territorial, la isonomia aleatoria se calculó con la siguiente fórmula:

$$\Sigma iP_i^2$$

Donde P_i es la frecuencia del i -ésimo apellido. Los valores altos de isonomia en una comunidad son evidencia de aislamiento histórico con la consiguiente reducción de la variabilidad por deriva génica.

El *parámetro α de Fisher* es una medida del número efectivo de apellidos y se estimó como la

inversa de la isonomia aleatoria.²¹⁻²⁴ Valores altos de este parámetro se observan en comunidades con una alta tasa de inmigración histórica, mientras los valores bajos corresponden a comunidades aisladas con una alta deriva génica. Una medida alternativa o complementaria de la isonomia es el *parámetro B*, que representa la proporción de los siete apellidos más frecuentes.¹⁴ Los valores altos se observan en comuni-

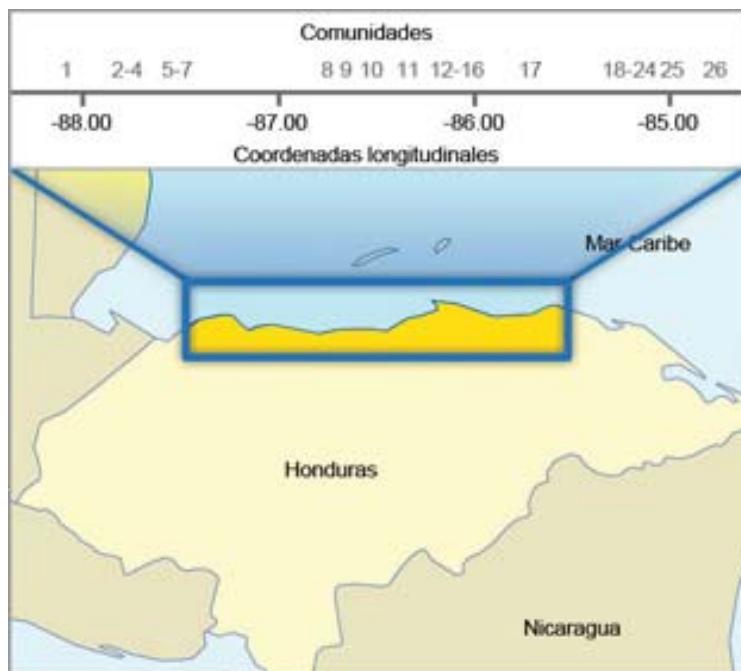


Figura 1 Ubicación geográfica y coordenadas longitudinales aproximadas de las comunidades estudiadas distribuidas a lo largo de la línea costera de Honduras. Comunidades de oeste a este: 1. Masca, 2. Travesía, 3. Bajamar, 4. Saraguyna, 5. Tornabé, 6. San Juan, 7. Triunfo de la Cruz, 8. Corozal, 9. Sambo Creek, 10. Nueva Armenia, 11. Río Esteban, 12. Guadalupe, 13. San Antonio, 14. Santa fe, 15. Cristales, 16. Río Negro, 17. Santa Rosa de Aguán, 18. Punta de Piedra, 19. Cusuna, 20. Ciriboya, 21. Iriona Puerto, 22. Iriona Viejo, 23. San José de la Punta, 24. Sangrelaya, 25. Bataya, 26. Plaplaya

dades históricamente aisladas, donde unos pocos apellidos se repiten un gran número de veces.

Adicionalmente, se calculó la proporción de apellidos únicos, es decir, aquellos que presentan una sola ocurrencia en la comunidad, al que se denominó *parámetro S*. Un valor alto representa una alta tasa de inmigración reciente o, alternativamente, una alta proporción de errores (o mutaciones) en el registro de apellidos, en donde se cambia una o varias letras del apellido original.

Isonimia entre comunidades

Este valor depende de la medida en la que se comparten los apellidos entre la i-ésima y la j-ésima comunidades y está en función del grado de parentesco entre ambas.²⁵ Se calculó con la siguiente fórmula:

$$I_{ij} = \sum k P_{ki} P_{kj}$$

Donde P_{ki} y P_{kj} son las frecuencias relativas del k-ésimo apellido en las i-ésima y j-ésima comunidades, respectivamente. Un valor alto se observa en dos comunidades con tiempos cortos de divergencia del ancestro común o cuando existen tasas altas de migración entre ambas. La distancia genética de Lasker a partir de los valores de isonomía entre comunidades se determinó como L :

$$L = -(\log I_{ij})$$

Todos los cálculos se realizaron para el nivel de comunidades y para el total tomado como unidad.

Vale la pena aclarar que la interpretación de la isonomía depende de que se asuman algunas condiciones que raramente se cumplen en las poblaciones humanas verdaderas. Estas incluyen (pero no se limitan a) un origen monofilético de los apellidos y que el número de cambios por errores (mutaciones) sea mínimo. Los efectos de la violación de estas condiciones pueden variar en las diferentes investigaciones, disminuyendo el grado de confianza en los cálculos de parentesco; sin embargo, la información obtenida continúa siendo valiosa cuando se utiliza de una manera comparativa.²⁶ Una revisión completa de la isonomía y de las técnicas para su análisis se puede encontrar en el artículo “*Use of surname models in human population biology: a review of recent developments*”.²⁷

Aislamiento por distancia

El aislamiento por distancia es una medida de la diferenciación de las poblaciones en función de su distancia geográfica y ha sido señalado como un determinante primario en la diferenciación de las pobla-

ciones humanas.²⁸⁻³⁰ Se investigaron las coordenadas geográficas de cada comunidad mediante las ayudas ofrecidas por las herramientas informáticas *Google Earth* y *Google Maps*. La distancia geográfica en línea recta entre pares de comunidades se tomó como la distancia euclíadiana entre ambas. Se construyeron matrices $n \times n$ de las distancias de Lasker y de las distancias geográficas, donde n es el número de comunidades; se determinó la correlación entre ambas matrices mediante una prueba de Mantel. Para la visualización de las distancias de Lasker se utilizó escalamiento multidimensional en gráficas de dos dimensiones. La prueba de Mantel y el escalamiento multidimensional se encuentran incorporados en el paquete para Excel XLStat® versión 2012.4.01 (<http://www.xlstat.com/es/>). El resto de los cálculos fueron realizados mediante las herramientas estadísticas incorporadas en Excel® versión 2007.

Resultados

Se encontraron 1099 apellidos diferentes en la lista de primeros apellidos. Los 100 más comunes y sus ocurrencias en el total y en cada una de las comunidades se muestran en el cuadro I. García, el apellido más frecuente en Europa Occidental, ocupa el segundo lugar en las comunidades garífunas, mientras Martínez, el más frecuente entre los garífunas, ocupa el cuarto lugar en Europa Occidental. Del resto de los 10 apellidos garífunas más frecuentes, únicamente Álvarez y López aparecen en la lista de los 100 más frecuentes en Europa Occidental.³¹ Todos los apellidos garífunas en la lista de los 100 más frecuentes son de origen español, con la posible excepción de “Güiti”.

Los parámetros comunes inferidos a partir del primer apellido en 26 comunidades garífunas hondureñas se muestran en el cuadro II. La isonomía aleatoria más alta correspondió a la comunidad de Cusuna, con un valor de 0.092, mientras que la más baja a Masca, con 0.0133. Todas las comunidades exhibieron valores de isonomía relativamente altos, por arriba de 0.01: 10 comunidades tuvieron valores entre 0.01 y 0.2, 11 tuvieron entre 0.02 y 0.03 y únicamente cinco tuvieron valores por arriba de 0.03. Se observó una tendencia al aumento de los valores en las comunidades hacia el este de la costa (coeficiente de correlación de Pearson de 0.463 entre isonomía y longitud geográfica), especialmente en las ubicadas hacia el este de las comunidades fundadoras de Cristales y Río Negro.

La isonomía total (0.0242) resultó ser superior a la isonomía promedio (0.0111), lo que evidencia una mayor variabilidad en el total que en cada una de las poblaciones debido a los procesos de diferenciación.

En la figura 2 se puede observar la relación entre la

Cuadro I Cien apellidos más frecuentes en las comunidades garífunas de la costa atlántica de Honduras

Apellido	<i>n</i>	%	Apellido	<i>n</i>	%	Apellido	<i>n</i>	%
Martínez	1228	0.0520	Pérez	163	0.0069	Casildo	86	0.0036
García	699	0.0296	Amaya	162	0.0069	Romero	83	0.0035
Castillo	683	0.0289	Ortiz	158	0.0067	Ordóñez	82	0.0035
Álvarez	602	0.0255	Ruiz	158	0.0067	Dolmo	81	0.0034
López	542	0.0230	Velásquez	155	0.0066	Blanco	79	0.0033
Suazo	472	0.0200	Bonilla	153	0.0065	Gamboa	79	0.0033
Bernárdez	449	0.0190	Marín	146	0.0062	Oliva	78	0.0033
Arzu	448	0.0190	Gutiérrez	144	0.0061	Padilla	76	0.0032
Mejía	437	0.0185	Moreira	138	0.0058	González	74	0.0031
Güiti	430	0.0182	Valerio	134	0.0057	Guevara	73	0.0031
Flores	354	0.0150	Centeno	133	0.0056	Vásquez	73	0.0031
Ávila	348	0.0147	González	132	0.0056	Orellana	71	0.0030
Norales	314	0.0133	Guerrero	132	0.0056	Solano	71	0.0030
Fernández	288	0.0122	Lambert	131	0.0056	Calix	68	0.0029
Rodríguez	277	0.0117	Barrios	126	0.0053	Díaz	68	0.0029
Ramírez	268	0.0114	Morales	116	0.0049	Medina	68	0.0029
Núñez	254	0.0108	Caballero	113	0.0048	Zelaya	66	0.0028
Chávez	239	0.0101	Zúñiga	110	0.0047	Aranda	65	0.0028
Arriola	238	0.0101	Bermúdez	109	0.0046	Bonifacio	65	0.0028
Lino	225	0.0095	Castro	109	0.0046	Calderón	64	0.0027
Rochez	220	0.0093	Cayetano	109	0.0046	Estrada	63	0.0027
Hernández	217	0.0092	Miguel	109	0.0046	Solórzano	63	0.0027
Reyes	213	0.0090	Meléndez	108	0.0046	Alvarado	62	0.0026
Palacios	207	0.0088	Cruz	104	0.0044	Gil	62	0.0026
Sánchez	189	0.0080	Córdova	102	0.0043	Mauricio	59	0.0025
David	184	0.0078	Santos	102	0.0043	Rivas	59	0.0025
Miranda	184	0.0078	Thomas	102	0.0043	Torres	58	0.0025
Zapata	181	0.0077	Guzmán	101	0.0043	Jiménez	57	0.0024
Colón	177	0.0075	Rivera	99	0.0042	Chimilio	53	0.0022
Ramos	172	0.0073	Diego	98	0.0042	Lara	53	0.0022
Bátiz	171	0.0072	Gómez	95	0.0040	Lalin	52	0.0022
Cacho	170	0.0072	Montero	95	0.0040	Gotay	51	0.0022
Herrera	170	0.0072	Sabio	90	0.0038			
Figueroa	165	0.0070	Sambula	90	0.0038			

Cuadro II Isonimia y parámetros comunes relacionados en 26 comunidades garífunas de la costa atlántica de Honduras

Comunidad	N	n	I	F	α	B	S
Masca	840	204	0.0133	0.0033	75.4007	0.2155	0.1048
Travesía	1 063	174	0.0255	0.0064	39.2173	0.3255	0.0715
Bajamar	986	176	0.0181	0.0045	55.2486	0.2677	0.0740
Saraguayna	277	86	0.0263	0.0066	38.0789	0.3321	0.1588
Tornabé	600	106	0.0249	0.0062	40.1338	0.3317	0.0550
San Juan	1 367	216	0.0186	0.0047	53.7551	0.2743	0.0673
Triunfo de la Cruz	1 949	248	0.0230	0.0057	43.5445	0.3079	0.0467
Corozal	2 464	338	0.0186	0.0046	53.8064	0.2963	0.0724
Sambo Creek	1 685	276	0.0137	0.0034	72.7391	0.2255	0.0635
Nueva Armenia	878	183	0.0276	0.0069	36.2258	0.3337	0.0911
Río Esteban	1 062	240	0.0152	0.0038	65.8019	0.2232	0.1111
Guadalupe	585	131	0.0280	0.0070	35.7117	0.3556	0.1077
San Antonio	710	149	0.0230	0.0058	43.4344	0.3141	0.0873
Santa Fe	1 390	217	0.0165	0.0041	60.4499	0.2518	0.0612
Cristales	1 644	279	0.0167	0.0042	59.8268	0.2524	0.0900
Río Negro	948	283	0.0139	0.0035	71.9539	0.2416	0.1624
Santa Rosa de Aguan	1 150	170	0.0241	0.0060	41.4941	0.3148	0.0678
Punta de Piedra	525	81	0.0693	0.0173	14.4284	0.6038	0.0762
Cusuna	598	86	0.0962	0.0241	10.3906	0.6204	0.0669
Ciriboya	287	62	0.0433	0.0108	23.1049	0.4878	0.0871
Iriona Puerto	304	134	0.0152	0.0038	65.9173	0.2237	0.2368
Iriona Viejo	133	40	0.0765	0.0191	13.0739	0.5865	0.1654
San José de la Punta	419	77	0.0412	0.0103	24.2991	0.4511	0.0955
Sangrelaya	914	132	0.0295	0.0074	33.9261	0.3545	0.0591
Bataya	550	117	0.0296	0.0074	33.7687	0.3527	0.1036
Plaplaya	275	110	0.0283	0.0071	35.3884	0.3455	0.2473
Promedio	835	151	0.0246	0.0061	40.7073	0.3103	0.0841
Total	21 700	1 099	0.0111	0.0028	89.8056	0.1981	0.0202

N = número de electores, n = número de diferentes apellidos, I = isonimia, F = coeficiente de endogamia FST, α = parámetro alfa de Fisher, B = parámetro B, S = parámetro S

distancia genética de Lasker y el logaritmo de la distancia geográfica. Se encontró un coeficiente de correlación de 0.525 entre ambos conjuntos de valores, lo que sugiere una tendencia al aislamiento por distancia. En general, las distancias de Lasker entre las comunidades agrupadas al este, ubicadas en los departamentos de Colón y Gracias a Dios, fueron más bajas que entre las comunidades al oeste (datos no mostrados).

Las distancias de Lasker entre comunidades se encuentran representadas en la figura 3.

Discusión

La isonimia dentro de las comunidades es indicativa de la endogamia histórica. Una comunidad endogámica será aquella en la que los individuos consanguíneos tienden a aparearse con alta frecuencia y es típica de comunidades pequeñas, con una tasa baja de inmigración. La reducción de la diversidad de variantes genéticas (en el caso de marcadores del ADN) y de apellidos en una comunidad pequeña y aislada tiene

como principal origen la deriva génica, un mecanismo importante de diferenciación de acuerdo con la teoría neutralista de la evolución molecular.³²

En cuanto a la etnia garífuna residente en el territorio hondureño, observamos una reducción de la diversidad genética por dos vías. La primera es general y se aplica a la totalidad de las comunidades garífunas hondureñas. Durante los años previos al poblamiento de Honduras, entre los pobladores originales de San Vicente de ascendencia africana se registró un efecto fundador debido al bajo número de individuos sobrevivientes al naufragio. Una vez en el territorio de San Vicente, la mezcla con las tribus autóctonas debió tener el efecto contrario, aumentando el número de variantes genéticas. Sin embargo, algunos estudios con marcadores clásicos y mitocondriales han demostrado que el porcentaje de contribución indoamericana en los garífunas de Centroamérica es bastante menor que el africano, por lo que la diversidad genética debida a la aportación indoamericana no debió ser de mucha importancia.^{33,34} Un segundo cuello de botella se verificó con la expulsión de un reducido número de garífunas hacia Honduras. La reducción de la diversidad debido a estos dos efectos fundadores ha sido develada con marcadores autosómicos y del ADN mitocondrial.^{18,35}

La segunda vía de reducción de la diversidad es específica de cada comunidad y depende del escaso número de habitantes y del tiempo transcurrido desde la fundación, por un mecanismo de deriva génica. Una consecuencia de la acción de este mecanismo es la diferenciación entre comunidades, con un aumento de la distancia genética entre ellas. La distancia genética también se puede ver incrementada por la mezcla con poblaciones indígenas o mestizas locales cuya composición genética puede variar de una localidad a otra. Cómo los apellidos garífunas fueron adquiridos en territorio hondureño por los fundadores, adoptados de sacerdotes u otros personajes de importancia, es una segunda vía por analizar a partir de la isonimia.

El presente estudio revela algunas características poblacionales importantes de los garífunas de Honduras. Para comenzar, los valores altos de isonimia en todas las localidades (cuando se comparan con otras regiones rurales del mundo) refleja una baja variabilidad genética. Es probable que la génesis de esta escasez de apellidos se encuentre en la explosión demográfica experimentada por la población después del segundo cuello de botella, y los pocos apellidos actuales sean reflejo de los pocos apellidos adoptados por los padres fundadores de las primeras comunidades de Trujillo. No obstante, cierto grado de diferenciación entre comunidades y valores altos del parámetro *B* que reflejan una falta de homogeneidad en la distribución de apellidos dentro de las comuni-

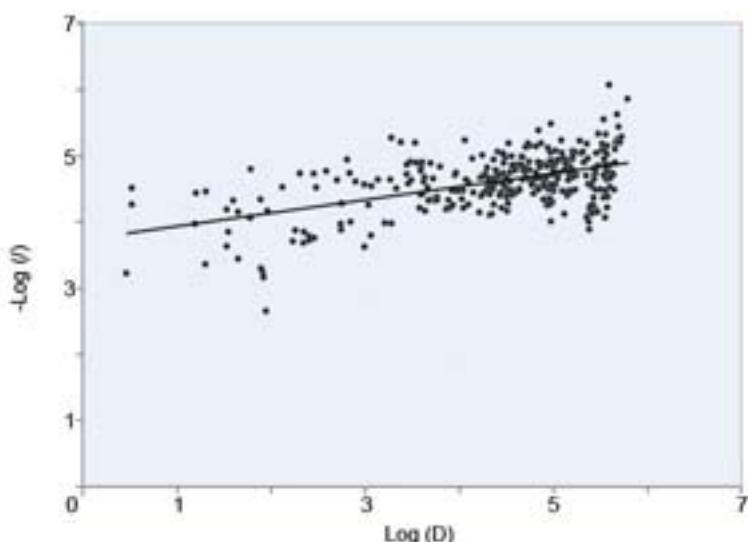


Figura 2 Logaritmo de las distancias geográficas (eje de las X) contra las distancias de Lasker (eje de la Y). Cada punto representa un par de comunidades.

dades, son elementos que apuntan a la deriva génica producida por un relativo aislamiento durante varias generaciones, como un mecanismo importante de contribución a la reducción de la variabilidad en las localidades estudiadas.

A pesar del aislamiento experimentado por las comunidades, las distancias genéticas de Lasker entre pares de localidades resultaron ser relativamente pequeñas. Las comunidades con una mayor distancia genética promedio de las demás fueron aquellas de los extremos: Masca, en el extremo occidental de la costa

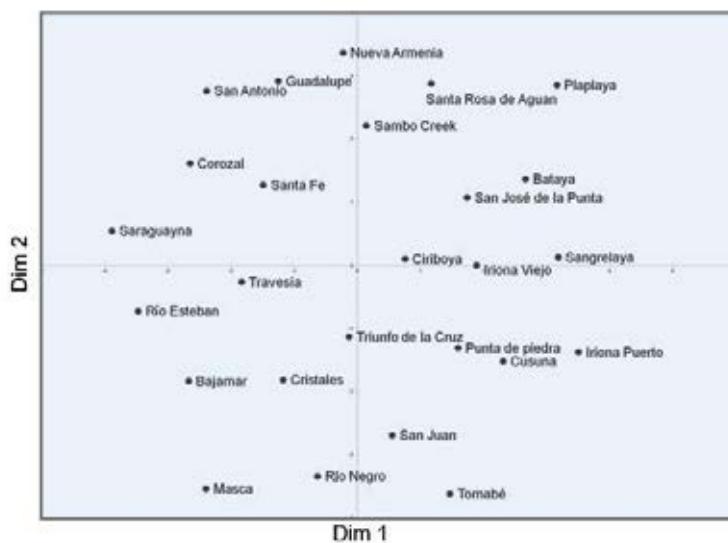


Figura 3 Escalamiento bidimensional de las distancias de Lasker. Los círculos representan las comunidades. La distancia entre dos círculos es proporcional a la distancia genética entre las dos comunidades.

hondureña, y Plaplaya, en el oriental. Sin embargo la comunidad de Masca presenta un valor bajo de isonimia aleatoria mientras que en la de Plaplaya este valor es alto, lo que revela diferentes mecanismos de diferenciación. Por un lado, el factor que parece contribuir más a la diferenciación en Masca es la mezcla con poblaciones mestizas externas, lo que eleva la variabilidad; en Plaplaya, el factor predominante parece ser el aislamiento.

En un artículo previo mostramos el aumento drástico de las tasas de migración masculina en las últimas generaciones de garífunas respecto a las generaciones anteriores.¹⁹ El patrón corresponde claramente a una onda migratoria masculina de este a oeste que concuerda con la mejora en las carreteras que comunican las diferentes localidades, pero también con el surgimiento de núcleos urbanos de crecimiento económico ubicados al oeste de las comunidades fundadoras, como los puertos de La Ceiba y Cortés. Entonces, es de esperar un mayor aislamiento de las comunidades al oriente de las poblaciones fundadoras de Cristales y Río Negro, lo que se confirma con valores más altos de isonimia y del parámetro *B* en estas comunidades comparadas con los de la costa occidental.

A partir de la evidencia genética e isonímica recopilada hasta la fecha, se hace claro que la estructura actual de las comunidades garífunas parte de un poblamiento inicial rápido y homogéneo de la costa, seguido de una reducción de la variabilidad debido a un aislamiento relativo por varias generaciones. La

diferenciación entre comunidades se ha visto amortiguada en la actualidad por el aumento en las tasas de migración intercomunitaria.

Las comunidades garífunas de Honduras parecen ser propicias para la búsqueda de genes de susceptibilidad en enfermedades multifactoriales de herencia compleja debido a su origen triétnico único, a los efectos fundadores experimentados por la población y, mucho más importante, al relativo aislamiento en el que se mantuvieron los poblados por varias generaciones. Sin embargo, aunque esta investigación complementa a los estudios genéticos anteriores y confirma ciertas características importantes de la estructura y el patrón de poblamiento de las costas hondureñas por parte de la población garífuna, son necesarios estudios adicionales que incluyan marcadores mitocondriales y del cromosoma *Y*.

Agradecimientos

Al abogado Carlos Humberto Arita Mejía, por facilitar el listado de apellidos de las comunidades para este estudio.

Declaración de conflicto de interés: el autor ha completado y enviado la forma traducida al español de la declaración de conflictos potenciales de interés del Comité Internacional de Editores de Revistas Médicas, y no fue reportado alguno en relación con este artículo.

^aFacultad de Medicina, Universidad Católica de Honduras “Nuestra Señora de la Paz”, Campus San Pedro y San Pablo, San Pedro Sula, Honduras

^aComunicación con: Edwin Francisco Herrera-Paz
Correo electrónico: dherrera1000@live.com; dherrera10@hotmail.com

Referencias

- Palmer LJ, Cardon LR. Shaking the tree: mapping complex disease genes with linkage disequilibrium. *Lancet*. 2005;366(9492):1223-34.
- Unoki H, Takahashi A, Kawaguchi T, Hara K, Horikoshi M, Andersen G, et al. SNPs in KCNQ1 are associated with susceptibility to type 2 diabetes in East Asian and European populations. *Nat Genet*. 2008;40(9):1098-102.
- Rannala B. Finding genes influencing susceptibility to complex diseases in the post-genome era. *Am J Pharmacogenomics*. 2001;1(3):203-21.
- Vitart V, Carothers AD, Hayward C, Teague P, Hastie ND, Campbell H, et al. Increased level of linkage disequilibrium in rural compared to urban communities: a factor to consider in association-study design. *Am J Hum Genet*. 2005;76(5):763-72. Texto libre en <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC1199366/>
- Roberts DF. Les concepts d'isolats. En: Jacqvard A. *Le'tude des isolats*. Paris: INED; 1976. p. 75-92.
- Roberts DF. Genetic structure and the pathology of an isolated population. En: Eriksson AW, Forsius HR, Nevanlinna HR, Workman PL, Norio RK, editores. *Population structure and genetic disorders*. New York: Academic Press; 1980. p 7-26.
- Wilson EO. *The social conquest of the Earth*. New York: Liveright Publishing; 2012.
- Barnes KC. Genomewide association studies in allergy and the influence of ethnicity. *Curr Opin Allergy Clin Immunol*. 2010;10(5):427-33. Texto libre en <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3095101/>
- Rust SP. The Garifuna: weaving a future from a tangled past. *Natl Geogr Soc Mag*. 2001; 200(3):102-7.
- Leslie PW, Morrill WT, Dyke B. Genetic implications of mating structure in a Caribbean isolate. *Am J Hum Genet*. 1981;33(1):90-104.

11. Little BB, Malina RM. Inbreeding avoidance in an isolated indigenous Zapotec community in the valley of Oaxaca, Southern Mexico. *Hum Biol.* 2005;77(3):305-16.
12. Fuster V, Colantonio S. Isonymic analysis of population structure in Gredos, Spain. *Coll Antropol.* 2006;30(1):199-203.
13. Bedoya G, García J, Montoya P, Rojas W, Amézqita ME, Soto I, et al. Análisis de isonimia entre poblaciones del norte de Colombia. *Biomedica.* 2006;26(4):538-45.
14. Bedoya G, Montoya P, García J, Soto I, Bourgeois S, Carvajal L, et al. Admixture dynamics in Hispanics: a shift in the nuclear genetic ancestry of a South American population isolate. *Proc Natl Acad Sci.* 2006;103(19):7234-9.
15. Rivas RD. Pueblos indígenas y garífuna de Honduras (una caracterización). Tegucigalpa: Guaymuras; 1993.
16. Crawford MH. The anthropological genetics of the Black Caribs (Garifuna) of Central America and the Caribbean. *Am J Phys Anthropol.* 1983;26(Suppl S1):161-92.
17. Brennan ER. Factors underlying decreasing fertility among the Garifuna of Honduras. *Am J Phys Anthropol.* 1983;60:177.
18. Herrera-Paz EF, García LF, Aragón-Nieto I, Paredes M. Allele frequencies distributions for 13 autosomal STR loci in 3 Black Carib (Garifuna) populations of the Honduran Caribbean coasts. *Forensic Sci Int Genet.* 2008;3(1):e5-10.
19. Herrera-Paz EF, Matamoros M, Carracedo A. The Garifuna (Black Carib) people of the Atlantic coasts of Honduras: population dynamics, structure, and phylogenetic relations inferred from genetic data, migration matrices, and isonymy. *Am J Hum Biol.* 2010;22(1):36-44.
20. Crow JF, Mange AP. Measurements of inbreeding from the frequency of marriages between persons of the same surnames. *Eugen Quart.* 1965; 12(4):199-203.
21. Fisher RA, Steven CA, Williams CB. The relation between the number of species and the number of individuals in a random sample of animal population. *J Anim Ecol.* 1943;12:42-58.
22. Yasuda N, Morton NE. Studies on human population structure. En: Crow JF, Neel JV. editores. Third International Congress of Human Genetics. Baltimore: Johns Hopkins Press; 1967. p. 249-265.
23. Rodríguez-Larralde A, Barrai I, Nesti C, Mamolini E, Scapoli C. Isonymy and isolation by distance in Germany. *Hum Biol.* 1998;70(6):1041-56.
24. Barrai I, Rodríguez-Larralde A, Dipierri J, Alfaro E, Acevedo N, Mamolini, E et al. Surnames in Chile: a study of the population of Chile through isonymy. *Am J Phys Anthropol.* 2012;147(3):380-8.
25. Rodríguez-Larralde A, Scapoli C, Beretta M, Nesti C, Mamolini E, Barrai I. Isonymy and the genetic structure of Switzerland. II. Isolation by distance. *Ann Hum Biol.* 1998;25(6):533-40.
26. Relethford JH. Estimate of kinship and genetic distance from surnames. *Hum Biol.* 1988;60(3):475-92.
27. Colantonio SE, Lasker GW, Kaplan BA, Fuster V. Use of surname models in human population biology: a review of recent developments. *Hum Biol.* 2003;75(6):785-807.
28. Wright S. Isolation by distance. *Genetics.* 1943; 28(2):114-38. Texto libre en <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC1209196/>
29. Ramachandran S, Deshpande O, Roseman CC, Rosenberg NA, Feldman MW, Cavalli-Sforza LL. Support from the relationship of genetic and geographic distance in human populations for a serial founder effect originating in Africa. *Proc Natl Acad Sci USA.* 2005;102:15942-7. Texto libre en <http://www.pnas.org/content/102/44/15942.long>
30. Handley LJ, Manica A, Goudet J, Balloux F. Going the distance: human population genetics in a clinal world. *Trends Genet.* 2007;23:432-9. Texto libre en http://www.zoo.cam.ac.uk/zoothost/manica/ms/2007_Handley_et_al_TIG.pdf
31. Scapoli C, Mamolini E, Carrieri A, Rodríguez-Larralde A, Barrai I. Surnames in Western Europe: a comparison of the subcontinental populations through isonymy. *Theor Popul Biol.* 2007;71(1):37-48.
32. Scitable. [Sitio web]. Duret L. Neutral theory: the null hypothesis of molecular evolution. *Nature Educ.* 2008;1(1). Texto libre en <http://www.nature.com/scitable/topicpage/neutral-theory-the-null-hypothesis-of-molecular-839>
33. Crawford MH. The origins of native Americans. Evidence from anthropological genetics. New York: Cambridge University Press; 1998.
34. Monsalve JV, Hagelberg E. Mitochondrial DNA polymorphisms in Carib people of Belize. *Proc Biol Sci.* 1997;264(1385):1217-24. Texto libre en <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC1688569/>
35. Salas A, Richards M, Lareu MV, Sobrino B, Silva S, Matamoros M, et al. Shipwrecks and founder effects: divergent demographic histories reflected in Caribbean mtDNA. *Am J Phys Anthropol.* 2005; 128(4):855-60.