

Aislamientos genéticos y costumbres endogámicas en tres municipios rurales de Honduras

Edwin Francisco Herrera-Paz^a

Genetic isolates and inbreeding customs in three rural municipalities from Honduras

Background: The isonymic method has been amply used to assess the approximate genetic structure of human communities. The objective of the study was to evaluate the magnitude of genetic isolation and inbreeding customs in 57 communities from three rural municipalities of Honduras using isonymy techniques.

Methods: The list of 408 different surnames from 20712 voters registered in the national electoral organism, residing in the 57 Honduran communities, was used for this study. For each community, random (IR), non-random (IN), and total (IT) isonymy values were calculated in order to assess inbreeding coefficients FST, FIS and FIT.

Results: High consanguinity due to isolation and to endogamous customs was unveiled in many communities. Significant deviation from the exogamous behavior typical of many human populations was observed in the three studied municipalities, when compared to other Honduran populations.

Conclusions: The studied communities present high consanguinity due to isolation, ethnic segregation and/or endogamous customs.

Keywords Palabras clave

Genetics Genética

Consanguinity Consanguinidad

Indians, south american Indios sudamericanos

Names Nombres

La determinación del grado de endogamia (promedio aproximado de parentesco entre personas en unión conyugal) en los asentamientos humanos es importante para la salud pública, ya que se correlaciona con un alto riesgo de enfermedades genéticas de herencia recesiva.^{1,2} Se pueden definir dos fuentes principales de endogamia. La primera se observa en las poblaciones pequeñas, sometidas a una fuerte deriva génica y por tanto a homogeneización genética concurrente, dentro de las cuales hay pocas opciones de apareamiento, es decir, los aislamientos genéticos.³ La segunda, se debe a la característica cultural de ciertos grupos étnicos que consiste en uniones conyugales preferenciales entre miembros de una misma familia (costumbres endogámicas), lo que genera grupos genéticamente diferenciados dentro de las comunidades (estratificación).⁴ En ambos casos el número de loci genéticos en homocigosis se ve incrementado. Las comunidades aisladas con escasa inmigración y fuerte deriva génica se pueden identificar a partir de estudios genéticos mediante el estadístico FST, mientras que la estratificación dentro de las comunidades se puede evaluar a través del estadístico FIS. La endogamia total, debido a ambos factores, se mide a través del estadístico FIT. En conjunto, estas medidas se denominan índices de fijación o (alternativamente) coeficientes de consanguinidad, dependiendo del contexto analítico.^{5,6}

Los apellidos se heredan de una manera similar a los marcadores genéticos del cromosoma Y.⁷ En un artículo seminal Crow y Mange utilizaron la isonimia (I), es decir, la probabilidad aleatoria de matrimonio entre personas del mismo apellido para evaluar la probabilidad de endogamia por aislamiento, observando que I es aproximadamente 4 veces FST. Desde entonces se han realizado gran cantidad de estudios de isonimia en todo el mundo, experimentando diversos refinamientos a través del tiempo.^{8,9} Por otra parte, en los países de América Latina donde se usan dos apellidos, el primero heredado del padre y el segundo de la madre, el cálculo de FIS y FIT se hace factible.¹⁰ Dado que la tendencia general en diversas poblaciones humanas es la evitación de matrimonios consanguíneos, lo que conduce a la disminución de la endogamia, el cálculo aislado de FST puede dar lugar a la sobreestimación del riesgo de trastornos de herencia recesiva. La posibilidad de calcular adicionalmente FIS y FIT constituye una ventaja al permitir una determinación más fiable de ese riesgo.

^aFacultad de Medicina, Universidad Católica de Honduras
Campus San Pedro y San Pablo, San Pedro Sula, Honduras

Comunicación con: Edwin Francisco Herrera-Paz.

Teléfono: (504) 9967 2450

Correo electrónico: eherrera@unicah.edu

Recibido: 27/04/2015

Aceptado: 10/09/2015

Introducción: el método de isonimia ha sido utilizado ampliamente para la determinación de la estructura genética aproximada de las poblaciones humanas. El objetivo del estudio fue evaluar la magnitud del aislamiento genético y las costumbres endogámicas en 57 comunidades de tres municipios rurales de Honduras utilizando las técnicas de isonimia.

Métodos: se utilizó el listado de 408 apellidos diferentes utilizados por 20 712 votantes registrados en el Tribunal Supremo Electoral, que residen en las 57 comunidades estudiadas. Para cada comunidad se calcularon los valores de la isonimia aleatoria (IR), no

aleatoria (IN) y total (IT) con el fin de evaluar los coeficientes de consanguinidad FST, FIS y FIT.

Resultados: se encontró alta consanguinidad debido a aislamiento y a costumbres endogámicas en muchas comunidades. En los tres municipios se observó desviación significativa del comportamiento exógamo típico de otras poblaciones de Honduras.

Conclusiones: muchas de las comunidades estudiadas presentan una elevada consanguinidad debido al aislamiento, la segregación étnica y/o costumbres endogámicas.

Resumen

Los estudios de la estructura de la población de Honduras son recientes y se refieren principalmente a loci del ADN utilizados en genética forense, y a la distribución de apellidos tanto a nivel local como nacional.¹⁰⁻¹⁶ Particularmente, el análisis de isonimia a nivel nacional reveló un patrón histórico caracterizado por migraciones de corto alcance y deriva génica, con predominio de la deriva sobre las migraciones.¹⁰ Sin embargo una debilidad del estudio nacional es que, debido a limitantes metodológicas, se consideró la municipalidad como la unidad poblacional mínima, lo que hace necesario estudios complementarios locales en los que se analicen las unidades estructurales más pequeñas (aldeas y caseríos).¹⁰

El objetivo del presente trabajo es evaluar la estructura poblacional y determinar la endogamia a través de los coeficientes de consanguinidad FST, FIS y FIT, aplicados a la distribución de apellidos en 57 comunidades de tres municipios rurales de Honduras, en los que la población es predominantemente mestiza, pero con un alto componente étnico Lenca. Se busca confirmar la hipótesis de que el aislamiento que determina una alta deriva génica en las municipalidades persiste cuando se analizan unidades poblacionales menores, y adicionalmente explorar la existencia de hábitos culturales endogámicos en las poblaciones estudiadas. La Lenca es una población indígena de origen mesoamericano que habita en los

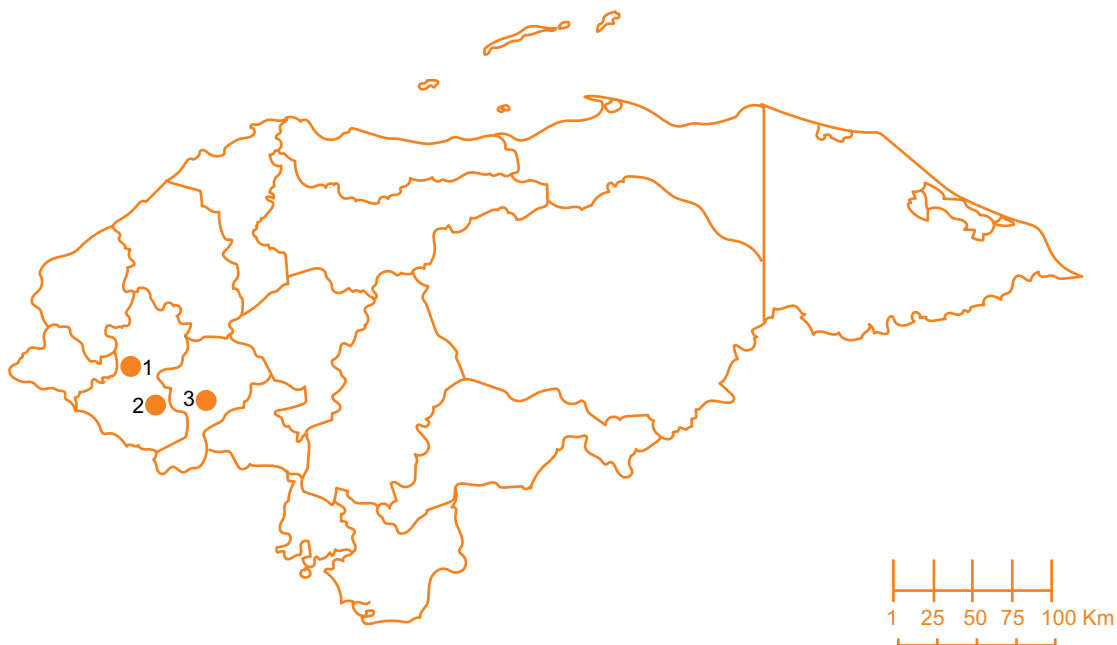


Figura 1 Mapa de Honduras con la división política departamental. Los municipios estudiados son: 1. San Manuel Colohete; 2. Erandique; 3. Yamaranguila

altiplanos de tres departamentos de Honduras, América Central: La Paz, Intibucá y Lempira.¹⁷ Además, se presentan nuevas formas de mostrar gráficamente e interpretar el aislamiento genético y las costumbres endogámicas.

Métodos

El tipo de estudio es observacional, descriptivo y transversal con muestreo no probabilístico intencional. Los listados de apellidos para los análisis se obtuvieron del Tribunal Supremo Electoral. Honduras tiene tres niveles administrativos; el país en su conjunto, dividido en departamentos, dividido en municipios. Sin embargo, desde el punto de vista poblacional, los municipios no son el nivel estructural más bajo, y pueden dividirse en entidades geográficas más pequeñas como los barrios y colonias, en el caso de los lugares urbanos, o aldeas y caseríos, en las zonas rurales de Honduras. Esta subdivisión inferior se contempla en las listas de votantes y es la que se utiliza en este trabajo con el fin de obtener valores fiables de los coeficientes de consanguinidad. Por lo general, un municipio tiene un núcleo poblacional principal que lleva el mismo nombre del municipio, con muchos pueblos con un número menor de habitantes (aldeas y caseríos).

Los municipios considerados para el análisis (figura 1) fueron: San Manuel Colohete en el departamento de Lempira, con 20 lugares poblados; Erandique, en el departamento de Lempira, con 18 lugares; y Yamaranguila, en el departamento de Intibucá, con 19 lugares. Se estudiaron un total de 408 apellidos diferentes encontrados en las listas de los primeros y segundos apellidos de 20712 electores.

Coeficiente de endogamia FST

El grado de aislamiento de un pueblo, una ciudad, o cualquier otro lugar poblado es principalmente una función de dos parámetros: 1) la tasa de inmigración, y 2) el número de habitantes (en el caso de aislamiento geográfico) o el tamaño poblacional efectivo (en el caso de aislamiento reproductivo). Cuanto menor sea el tamaño de una población, más alta es la probabilidad de que un matrimonio sea consanguíneo. A la inversa, mientras más alta la tasa de inmigración mayor la exogamia y menor la probabilidad de matrimonios no consanguíneos. Sin embargo la proporción de *loci* genéticos en homocigosis también depende del tiempo durante el cual una población se ha mantenido en aislamiento. Un tamaño pequeño de la población acompañado de una tasa baja de inmigración, tiene el efecto de eliminar alelos y fijar otros cambiando

drásticamente las frecuencias de genes en cada generación (deriva génica), disminuyendo la variabilidad y aumentando la homocigocidad y por ende el riesgo de padecimientos recesivos.

La Isonimia Aleatoria (IR) mide la deriva génica histórica y se define simplemente como la probabilidad aleatoria de matrimonio entre personas que lleven el mismo apellido. Para cada pueblo se calculó la proporción de cada apellido. Entonces, IR se computó como la suma de los cuadrados de esas proporciones. Finalmente, el coeficiente FST para un lugar es aproximadamente $\frac{1}{4}$ IR.^{10,14-16} Para los cálculos de FST se utilizó la lista total de los primeros mas los segundos apellidos. Los valores del parámetro se encuentran entre 0 (en el caso de una población en la que cada individuo no está relacionado con el resto y tiene un apellido diferente al de todos los demás) y 1 (en el caso de fijación, es decir, un solo apellido en la población).

Coeficiente de endogamia FIS

El coeficiente FST no puede medir la endogamia total por sí mismo debido a la posibilidad de estructuración del lugar poblado en unidades endogámicas más pequeñas. Mientras que FST estimaría la endogamia total en el caso de que todos los matrimonios fueran al azar, las poblaciones reales suelen mostrar costumbres no aleatorias de apareamiento. Estas costumbres varían entre la evasión completa de apareamientos consanguíneos, al apareamiento exclusivo dentro de las familias, tribus o grupos étnicos debido a factores culturales, religiosos, económicos o sociales. Una característica importante de FIS calculado a partir de los apellidos es su capacidad para diferenciar unas de las otras. Un valor negativo es indicativo de evitación de la endogamia, y uno positivo indica una población estructurada en grupos endogámicos. Un valor de 0 indica apareamientos aleatorios (panmixia), y el rango del parámetro se encuentra entre -1 y 1.^{10,15,18,19}

El valor de FIS para un poblado es igual a $\frac{1}{4}$ del componente no aleatorio de la Isonimia (IN), esta última calculada como $(IT-IR) / (1-IR)$ donde IT es la isonimia total, es decir, la proporción de votantes con ambos apellidos iguales. Para el cálculo de este parámetro se excluyeron los votantes con solo un apellido.

Coeficiente de endogamia FIT

Este coeficiente mide la endogamia total, y toma en cuenta tanto el componente aleatorio (aislamiento) como el no aleatorio (costumbres de apareamiento) de la endogamia. Para cada poblado, FIT se calculó como $FIS + FST (1-FIS)$.^{10,15,18,19}

Cuadro I Coeficientes de endogamia en 57 comunidades hondureñas

Comunidad	N	FIS	FST	FIT
San Manuel Colohete ¹	837	-0.0085	0.0210	0.0126
Corante ¹	392	-0.0143	0.0214	0.0074
Guacutao ¹	358	-0.0122	0.0254	0.0136
San Antonio ¹	200	-0.0293	0.0413	0.0133
San Pedro ¹	556	-0.0083	0.0161	0.0079
Pulaje ¹	181	0.0017	0.0268	0.0284
El Cipres ¹	261	-0.0302	0.0273	-0.0020
San Isidro o El horno ¹	292	-0.0232	0.0269	0.0043
Santa Teresa ¹	550	-0.0023	0.0241	0.0219
San Lorenzo ¹	356	-0.0093	0.0257	0.0167
El cedro ¹	159	-0.0020	0.0285	0.0266
San Antonio del aguacatillo ¹	85	-0.0007	0.0270	0.0263
Chimis Mataras ¹	317	-0.0116	0.0212	0.0098
San José del naranjo ¹	136	-0.0078	0.0304	0.0229
La miande ¹	137	-0.0172	0.0367	0.0202
Torola ¹	177	-0.0215	0.0297	0.0088
El encontradero ¹	270	0.0043	0.0264	0.0306
Tierra colorada ¹	202	-0.0192	0.0245	0.0058
El membrillal ¹	164	-0.0053	0.0213	0.0162
Chimis montaña ¹	233	-0.0159	0.0305	0.0151
Promedio (no ponderado) ¹	293.15	-0.0115	0.0266	0.0154
Total ¹	5863	-0.0028	0.0185	0.0157
Erandique ²	1504	0.0062	0.0083	0.0145
Azacualpa montaña ²	649	-0.0001	0.0214	0.0213
El carrizal ²	422	0.0073	0.0444	0.0513
El chimizal ²	306	-0.0014	0.0247	0.0233
Guantincara ²	341	0.0089	0.0233	0.0320
La laguna ²	387	-0.0108	0.0324	0.0220
San Antonio montaña ²	503	0.0027	0.0175	0.0201
Joscamón ²	531	-0.0026	0.0115	0.0089
Valle de la cruz ²	323	-0.0082	0.0367	0.0288
El matasano ²	214	-0.0149	0.0408	0.0265
Gualguire ²	203	0.0117	0.0178	0.0292
Concepción o barrio nuevo ²	391	-0.0067	0.0249	0.0184
Azacualpa grande ²	226	-0.0051	0.0107	0.0056
San Sebastián ²	202	0.0024	0.0244	0.0268
Yolomon ²	141	0.0139	0.0168	0.0305
El rodeo 2 ²	157	0.0026	0.0307	0.0332
El conal ²	225	-0.0075	0.0464	0.0393
Tierra colorada ²	138	0.0292	0.0467	0.0745
Promedio (no ponderado) ²	381.278	0.0015	0.0266	0.0281
Total ²	6863	0.0123	0.0112	0.0233
Yamaranguila ³	1651	0.0022	0.0122	0.0144
Azacualpa ³	585	-0.0128	0.0224	0.0099
El cerron ³	526	0.0018	0.0205	0.0223
Semane ³	609	-0.0114	0.0275	0.0164
Oloas ³	532	-0.0163	0.0216	0.0056
Planes ³	416	-0.0045	0.0217	0.0173
Sequire ³	321	-0.0148	0.0235	0.0091
Zacate blanco ³	331	-0.0149	0.0238	0.0092
El pericon ³	184	-0.0193	0.0200	0.0011
El tablon no. 2 ³	220	-0.0086	0.0208	0.0124
El carrizal ³	235	-0.0074	0.0218	0.0145
Yace ³	193	-0.0130	0.0203	0.0075
Los olivos ³	203	0.0059	0.0265	0.0323
Las lajas ³	292	-0.0214	0.0197	-0.0013
El membrillo no. 1 ³	391	-0.0076	0.0242	0.0168
Cofradia ³	190	-0.0113	0.0374	0.0265
El picacho ³	288	-0.0071	0.0221	0.0152
La puerta ³	320	-0.0128	0.0234	0.0108
El pelon ³	499	-0.0041	0.0172	0.0133
No ponderado (promedio) ³	420.316	-0.0093	0.0225	0.0134
Total ³	7986	0.0000	0.0140	0.0140

N = número de votantes; ¹San Manuel Colohete; ²Erandique; ³Yamaranguila

Análisis de Componentes principales

Para visualizar la forma en que se agrupan las comunidades y la dirección de difusión de los apellidos, se llevó a cabo un análisis de componentes principales (PCA) utilizando las frecuencias de apellidos mediante el software Multibase 2014. El PCA ordena los elementos en ejes determinados por vectores propios. Cada uno de estos vectores explica un porcentaje de la varianza. Para el análisis se tomaron los tres primeros componentes.

Para fines de comparación se realizaron todos los análisis en las poblaciones estudiadas y en otras previamente publicadas.¹⁵

Diagramas de distribución de frecuencias de apellidos

Las frecuencias de los apellidos se utilizaron para mostrar gráficamente la historia del poblamiento de cada municipio. Brevemente, los diagramas contruidos a partir de frecuencias de apellidos asumen que: 1) las distribuciones log-log de apellidos siguen una ley de potencias o de Pareto, con solo unos pocos apellidos frecuentes y un número abundante de apellidos de baja ocurrencia.²⁰ 2) Los apellidos más frecuentes corresponden a los fundadores de la población, mien-

tras los más raros son en su mayoría de los recién llegados. Una línea que conecta los puntos en una gráfica de frecuencias de apellidos frente a la fracción de la población, representaría de izquierda a derecha, la historia del poblamiento del lugar.

La proporción de la población que lleva apellidos de diferentes frecuencias se debe mantener constante en el tiempo en el caso en que la inmigración haya sido también constante y con una magnitud en equilibrio exacto con la deriva génica. En ese caso, la línea sería aproximadamente plana y horizontal. Por lo tanto, cualquier fluctuación en la “planitud” de la línea se correspondería con las fluctuaciones en el proceso de poblamiento. Un inicio alto, junto con una pendiente negativa y final bajo mostraría un predominio de la deriva génica sobre la migración, y viceversa. Además, los picos representarían olas de inmigración.²¹

Resultados

Los coeficientes de consanguinidad de los 57 lugares poblados incluidos en este estudio se muestran en el cuadro I. Los valores F_{ST} (que mide el efecto del aislamiento histórico y de la deriva génica) oscilaron entre 0.0083 a 0.0467. Las comunidades más aisladas fueron Tierra Colorada, El Conal, y El Carrizal,

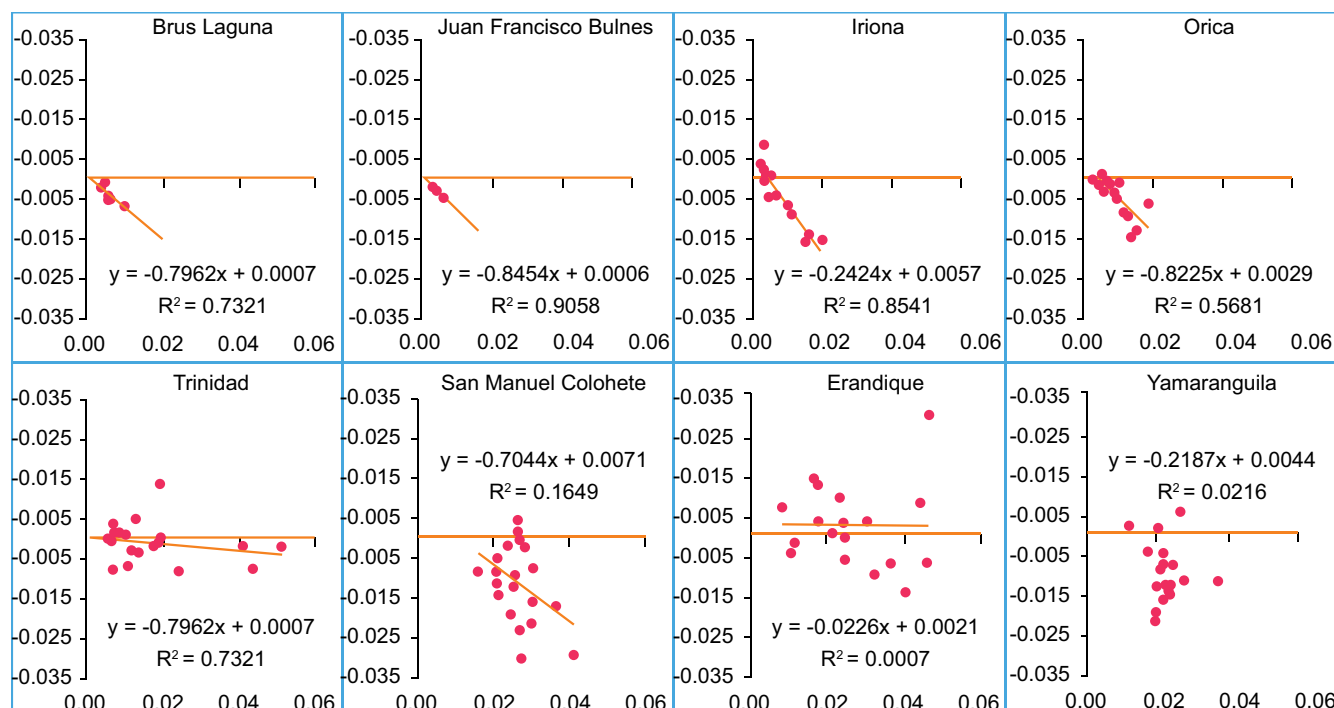


Figura 2 F_{ST} (eje X) frente a F_{IS} (eje Y) en ocho municipalidades hondureñas. Cada punto representa una comunidad. Las municipalidades de la fila superior muestran un comportamiento exógamo caracterizado por una alta correlación negativa entre F_{ST} y F_{IS} . Las municipalidades de la fila inferior contienen muchas comunidades con costumbres endogámicas o, alternativamente, segregación étnica, denotado por una pobre correlación, aumento de la pendiente y/o corrimiento hacia la derecha de la línea de tendencia, y una alta dispersión

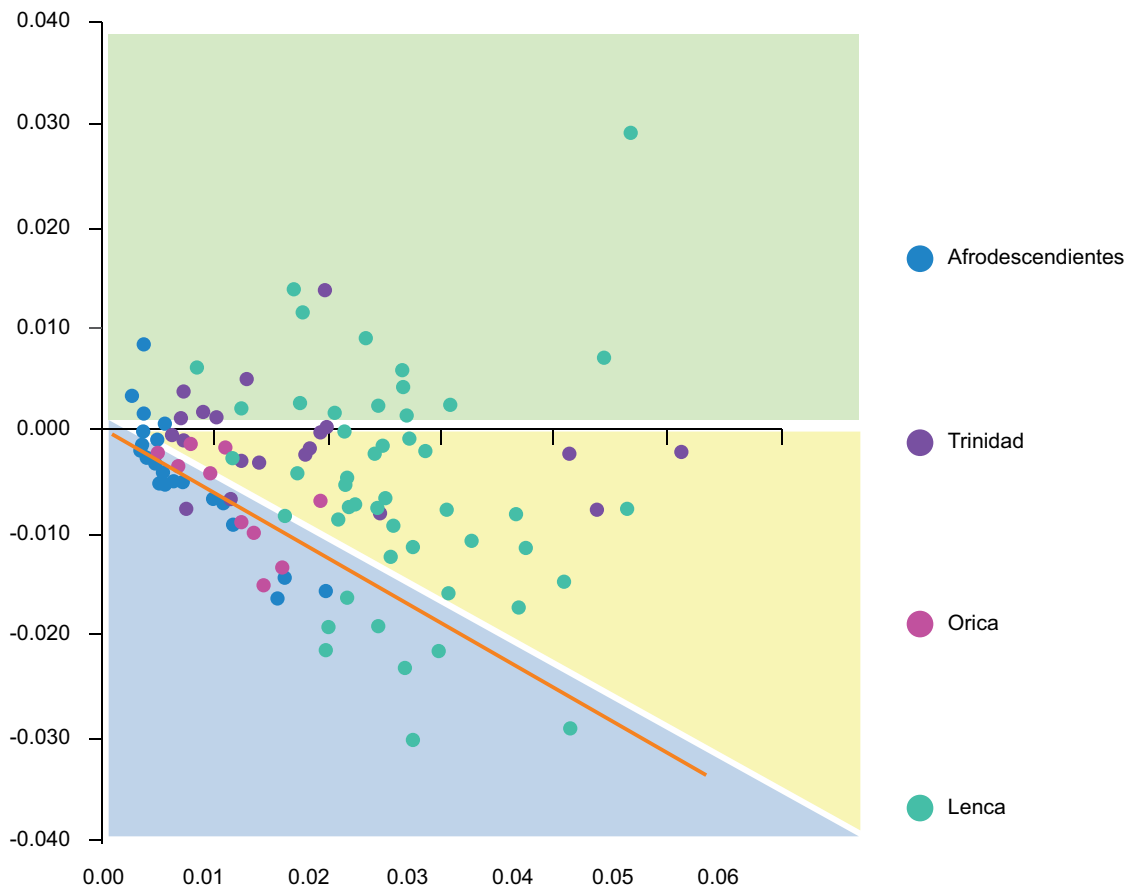


Figura 3 FST (eje X) frente a FIS (eje Y) en ocho municipalidades hondureñas. Cada punto representa una comunidad. Las municipalidades se han coloreado según su afiliación étnica. La línea diagonal representa la tendencia exogámica ideal, con una correlación de FST y FIS igual a 1. Cada comunidad se encuentra en una de tres áreas posibles: las exógamas en donde la magnitud negativa de FIS compensa la endogamia debida a un alto aislamiento, se encuentran cerca o por debajo de la diagonal; las exógamas que no compensan el aislamiento, entre la diagonal y el eje X; y las comunidades con una alta endogamia, por arriba del eje X

todas localizadas en Erandique, con valores de FST por encima de 0.05. Los valores más bajos se encontraron en Erandique, Azacualpa Grande y Joscámón, también pertenecientes a Erandique, evidenciando una mayor variación en el grado de aislamiento entre los lugares dentro de este municipio, en comparación con el resto.

Cuarenta y un lugares presentaron valores negativos de FIS y dos prácticamente cero (< 0.002). Este resultado es indicativo de que en las aldeas y caseríos, en su mayoría, no existe estructuración adicional, es decir, subdivisión poblacional en unidades dentro de las cuales los apareamientos sean más frecuentes que con el resto del lugar poblado. Antes bien, las personas prefieren los matrimonios con individuos no emparentados (evitación de la endogamia), lo que indica que el nivel de subdivisión geográfico considerado para el análisis es el adecuado para estos sitios. Sin embargo, el resto de los lugares mostró valores positivos iguales o por arriba de 0.002. Esta estructuración puede

deberse a costumbres endogámicas (matrimonios entre familiares), o alternatively, a que los lugares poblados están formados por grupos étnicos que se mezclan muy poco entre sí. Los lugares con mayor FIS fueron Tierra Colorada, Yolomón y Gualguirre, mientras que los valores con un FIS (que muestra la endogamia total) más altos se encontraron en Tierra Colorada, El Carrizal y El Conal.

Con el fin de interpretar las causas de los valores altos de FIS, estos se analizaron conjuntamente con FST. La figura 2 muestra gráficos de FIS frente a FST de los tres municipios estudiados y cinco de trabajos anteriores.¹⁵ Curiosamente, Brus Laguna, Juan Francisco Bulnes, Iriona y Orica muestran un FIS que tiende a comportarse como una función lineal de FST. En estos cuatro municipios, FIS tienen una fuerte tendencia a disminuir con el aislamiento. Las gráficas muestran lo que parece coincidir con una tendencia natural de las poblaciones humanas a evitar los apareamientos endogámicos, por ejemplo, mientras más homogénea desde

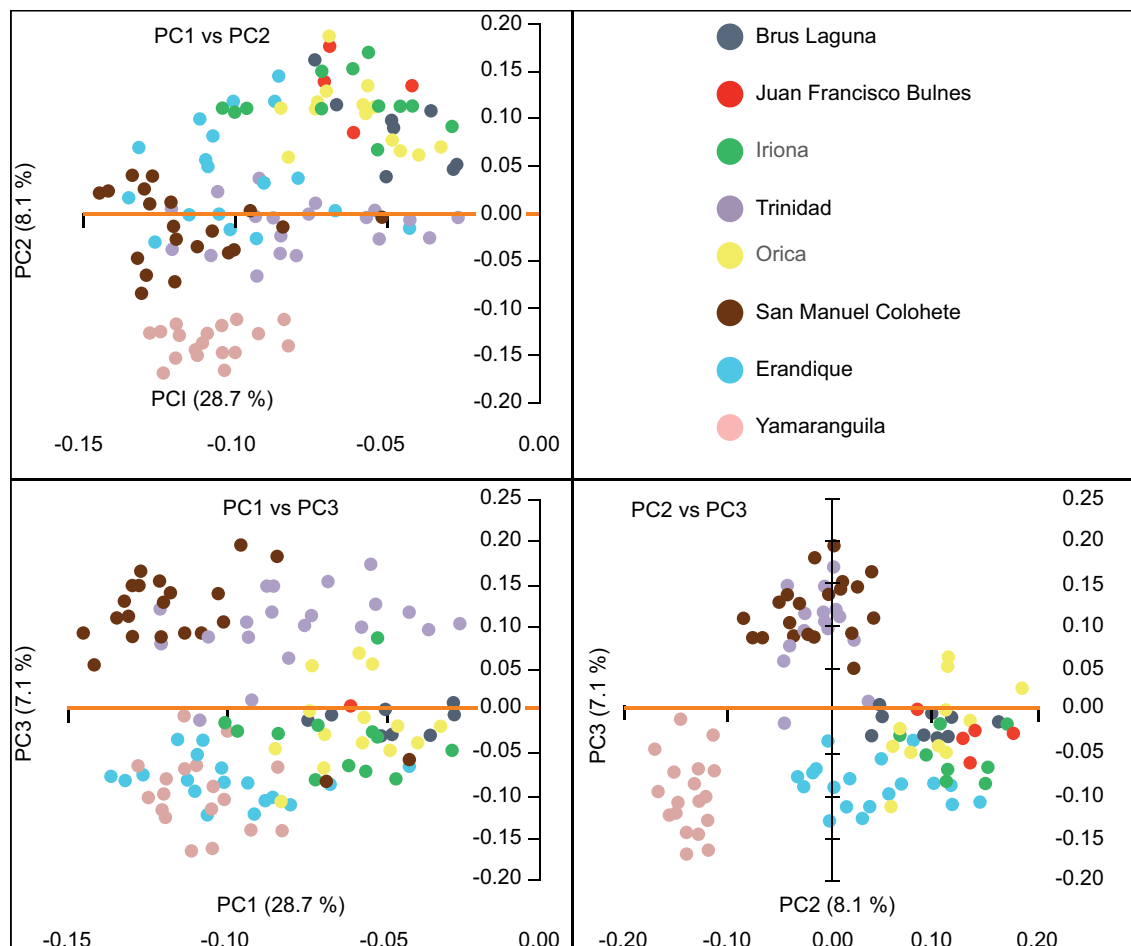


Figura 4 Análisis de Componentes Principales (PCA). Se muestran los primeros tres componentes. Cada punto es una comunidad. Los componentes (representados por cada eje) se extienden de menor a mayor variabilidad de apellidos

el punto de vista genético debido al aislamiento histórico es una población, más activamente los individuos evitan los apareamientos consanguíneos.

El panorama es diferente en Trinidad, San Manuel Colohete, Erandique y Yamaranguila. Aquí, las gráficas se caracterizan por una baja correlación entre F_{ST} y F_{IS} , una alta dispersión de los puntos, y un corrimiento de la línea de tendencia hacia la derecha, lo que indica una alta variación en las costumbres matrimoniales debido a la composición variable europea / amerindia entre los poblados. En particular, el corrimiento a la derecha y numerosos valores positivos de F_{IS} junto con valores altos de F_{ST} indican la existencia de lugares con fuertes costumbres endogámicas en los cuatro municipios.

Para la construcción de la figura 3 se trazó una línea oblicua desde el origen con una pendiente de -1. Las comunidades ubicadas siguiendo esa línea tendrían, en teoría, un comportamiento exogámico perfecto (que podría definirse como la magnitud de la tendencia de las poblaciones humanas a evitar los apareamientos entre familiares), de tal forma que contrarreste los

efectos del aislamiento genético, acercando los valores de endogamia total a cero. Entonces, los poblados ubicados en y por debajo de esta línea deben presentar una conducta exogámica que probablemente contrarreste en gran medida los efectos de la endogamia por aislamiento, bajando como consecuencia el número de loci genéticos en homocigosis y por ende, disminuyendo la prevalencia de enfermedades recesivas. Tal es el caso de la mayoría de las comunidades de los municipios afrodescendientes (Juan Francisco Bulnes, Brus Laguna e Iriona) y de Orica. Por otro lado, las comunidades que se encuentran entre esta línea oblicua y el eje X probablemente tienen un riesgo genético elevado a pesar de presentar valores negativos de F_{IS} puesto que su magnitud no es suficiente para contrarrestar los efectos de la endogamia por aislamiento. Finalmente, las comunidades que se encuentran por arriba del eje X exhiben un franco comportamiento endogámico. La mayoría de las comunidades de este estudio se ubican en las últimas dos zonas, evidenciándose un riesgo genético aumentado.

Si las costumbres de matrimonios consanguíneos se deben a la fracción europea, a la indígena o a ambas es algo difícil de dilucidar, ya que las costumbres, la segregación, y los porcentajes de la composición étnica podrían covariar de una manera compleja, no lineal en estos territorios (sin embargo sí hay evidencia de fuertes costumbres endogámicas en la población de ascendencia europea sefardita de Trinidad).¹⁵ La evaluación de las costumbres matrimoniales diferenciales en los tres municipios estudiados requiere un análisis demográfico detallado subsecuente.

La figura 4 representa gráficamente los lugares poblados utilizando PCA. Se graficaron las tres primeras dimensiones, las cuales explican el 44 % de la varianza. Claramente PC1, que representa casi el 28 % de la varianza, separa los tres municipios de filiación Lenca del resto (como se mencionó, tres afrodescendientes y uno de afiliación Indígena Jicaque) indicando escasa migración entre ambos grupos. Las comunidades dentro de cada municipio tienden a agruparse juntas; sin embargo, la dispersión varía entre los municipios. Por ejemplo, las comunidades de Erandique están más dispersas que las de San Manuel Colohete y Yamaranguila, lo que demuestra un mayor nivel de aislamiento de los pueblos en Erandique.

Tomadas como un todo las comunidades de San Manuel Colohete no muestran una clara separación con las de Erandique, mientras Yamaranguila se separa de ambas (PC2). Puesto que cada componente se distribuye a lo largo del eje según la variabilidad de apellidos, la gráfica es congruente con la difusión de apellidos desde la costa hondureña (comunidades afrodescendientes) hacia tierra adentro (comunidades indígenas), más evidente en PC1 y PC2, reflejando los hallazgos a nivel nacional.¹⁰ Es llamativo el hecho de que San Manuel Colohete se superponga con Trinidad, una comunidad con fuerte influencia sefardita, observándose a lo largo de PC1 una difusión de apellidos desde Trinidad a San Manuel Colohete. La sospecha de una estrecha relación entre ambas comunidades se incrementa con el hallazgo reciente de un componente cultural sefardita importante en San Manuel Colohete.²²

La figura 5 muestra los diagramas de distribuciones de frecuencias de apellidos para los tres municipios estudiados y para Iriona (añadido para comparación). Cada diagrama muestra el poblamiento histórico de un municipio en su conjunto. En los tres, los apellidos frecuentes son llevados por una muy alta proporción de la población y los raros por muy pocos habitantes. Esto da lugar a curvas típicas de poblaciones aisladas con un poblamiento inicial seguido de una alta deriva génica y

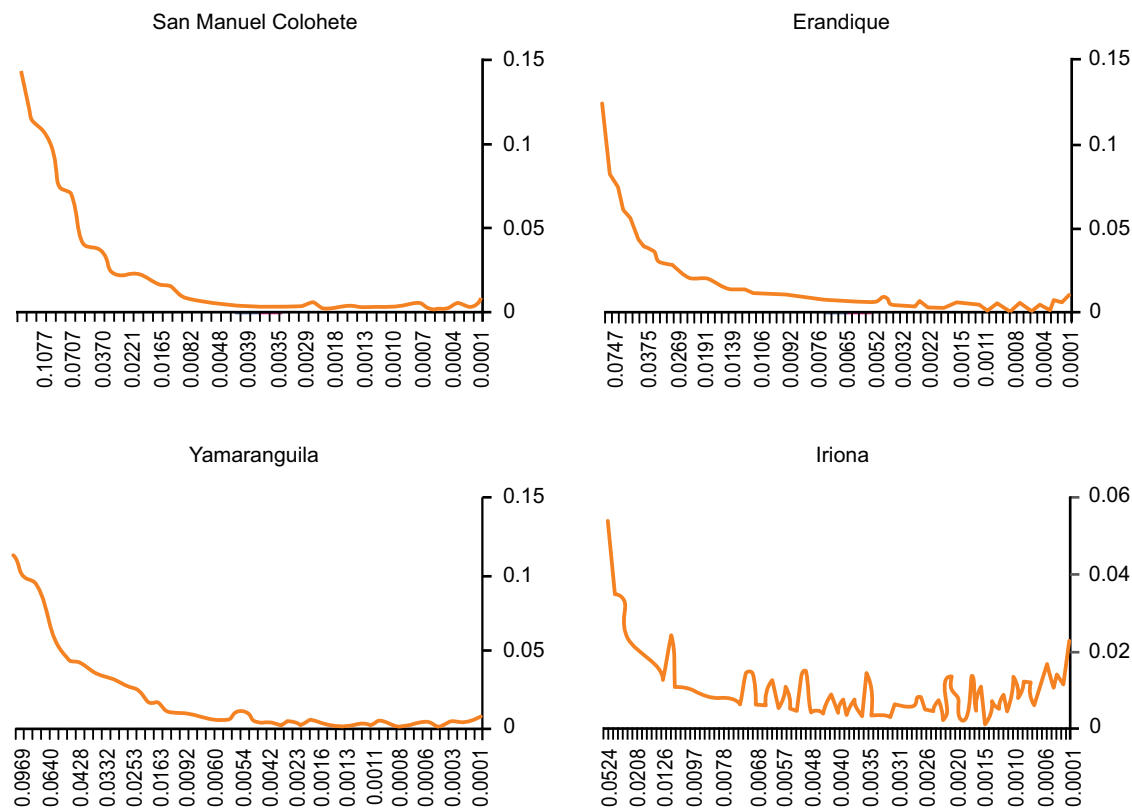


Figura 5 Diagramas de distribución de frecuencias de apellidos. El eje X representa las proporciones de los apellidos, y el eje Y la proporción de la población

escasa inmigración histórica (y reciente). En contraste, el municipio de Iruya (habitado en gran parte por la etnia afrodescendiente garífuna) muestra una fuerte deriva inicial, pero también una inmigración reciente relativamente alta, con muchas oleadas de inmigración histórica menores representadas por picos.

Discusión

Los estudios de isonimia son de gran ayuda en la evaluación de la estructura de las poblaciones humanas, y en la actualidad han adquirido un nuevo impulso con la disponibilidad de grandes cantidades de datos contenidos en los registros electorales o registros civiles de los diferentes países. El estudio de la isonimia ha mostrado ser especialmente eficaz en la determinación de la predominancia de las inmigraciones sobre la deriva génica o viceversa, y por lo tanto para la evaluación del aislamiento genético y el riesgo de trastornos recesivos,²³ con la ventaja en América Latina de poder además calcularse el riesgo adicional derivado de las costumbres de apareamiento. En este estudio la fragmentación del territorio al nivel más bajo posible mediante la estimación del FIS nos revela un territorio en parte segregado, poblado por algunos grupos altamente endogámicos.

Las costumbres de apareamiento preferencial entre familiares y el aislamiento genético no son infrecuentes, y se estima que alrededor del 10 % de la población mundial es el resultado de matrimonios consanguíneos.²⁴ Dentro de sociedades antiguas, con una historia de alta proporción de matrimonios endogámicos, una cantidad suficiente de tiempo habrá pasado para que el mecanismo de selección natural purgue muchos de los alelos deletéreos que provocan trastornos genéticos recesivos.²⁵ Sin embargo, en las poblaciones que han experimentado una reciente reducción en número o que han emigrado recientemente para establecer nuevos asentamientos (como las estudiadas aquí), el efecto fundador y deriva génica puede elevar al azar las frecuencias de algunos alelos deletéreos.²⁶ En estas condiciones el riesgo de enfermedades genéticas recesivas se puede ver aumentado, especialmente en los hijos de matrimonios consanguíneos.

En Honduras, durante la época de la conquista y la dominación española, los inmigrantes europeos se asentaron en los valles fértiles mientras llevaban a cabo un proceso de mestizaje. Diversos grupos indígenas temerosos de la guerra y deseosos de preservar sus costumbres, entre los que se encuentran los Lenca, fueron desplazados a tierras altas donde aún mantienen muchas de sus costumbres.²⁷ Entre los grupos indígenas de Honduras el Lenca es el más grande, con alrededor de 217 000 personas que viven en las zonas montañosas del suroeste de Honduras. En su mayoría,

siguen viviendo aislados en pequeños pueblos en condiciones de pobreza rural extrema.²⁸

La Lenca, así como muchas otras poblaciones étnicas en las Américas, se encuentra en alto riesgo social debido a varios factores que afectan su salud, incluida la segregación social, el aislamiento geográfico, la pobreza, la escasez y la mala calidad de los servicios de salud.²⁹ En las zonas rurales de Honduras, un niño afectado con un trastorno genético no solo puede representar una gran carga económica para la familia, sino también sus posibilidades de supervivencia son mínimas. Por lo tanto, cualquier esfuerzo en la prevención de este tipo de enfermedades puede tener un impacto positivo en la población. En este trabajo se demuestra sin lugar a dudas que las comunidades estudiadas se encuentran en aislamiento, pero aun más importante, que muchas de ellas mantienen fuertes costumbres endogámicas. Este conocimiento puede permitir a los proveedores de salud pública y otras instituciones, como las ONG, intervenir proporcionando el asesoramiento genético adecuado a los pobladores. Sin embargo, los estudios isonímicos complementan pero no sustituyen los estudios epidemiológicos genéticos, y se necesitan trabajos adicionales para determinar la prevalencia de diferentes afecciones genéticas en las poblaciones Lencas de Honduras.

Aparte de la existencia de comunidades altamente endogámicas en los territorios estudiados, se revela una tendencia general de la mayoría de las poblaciones a evitar los apareamientos consanguíneos. En este trabajo se muestra que la magnitud de este “impulso” de buscar hacer el nido fuera del círculo familiar es mayor cuanto mayor es el aislamiento, siguiendo una tendencia lineal. Es interesante que dicho comportamiento se encuentre tan finamente regulado, de tal manera que contrarreste los efectos del componente aleatorio de la endogamia. Un resultado similar se puede encontrar en el trabajo de Baldi et al. en siete comunidades de la etnia Rama de Nicaragua, donde se observó aislamiento acompañado de evitación de la endogamia, con valores de FST altamente correlacionados de manera negativa a FIS.³⁰ Los factores genéticos y psicosociales que guían esta tendencia natural, que puede verse modificada por estructuración debido a comportamientos asociados a la cultura que conducen a sistemas de apareamiento preferencial, merecen ser explorados con mayor profundidad. Finalmente, los resultados de la alta correlación negativa de FST y FIS nos indican que es probable que los estudios que incluyen el FST como único estadístico para explorar territorios en busca de poblados con riesgo genético, después de todo no sean suficientes, puesto que muchos aislamientos genéticos (si no la mayoría) evitarían instintivamente las enfermedades recesivas mediante ese comportamiento.

Agradecimientos

El autor agradece al Abogado Carlos Humberto Arita Mejía, del Tribunal Supremo Electoral de Honduras, por conceder los datos.

Declaración de conflicto de interés: los autores han 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 que tuviera relación con este artículo.

Referencias

- Charlesworth D, Willis JH. The genetics of inbreeding depression. *Nat Rev Genet* 2009; 10(11):783-796
- Bittles A, Neel JV. The costs of human inbreeding and their implications for variations at the DNA level. *Nat Genet* 1994;8(2):117-121.
- Sherwin JC, Hewitt AW, Ruddle JB, Mackey DA. Genetic isolates in ophthalmic diseases. *Ophthalmic Genet* 2008;29(4):149-161.
- Hamamy H. Consanguineous marriages. *J Community Genet* 2012;3(3):185-192.
- Nei M. Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proc Natl Acad Sci U S A* 1973;70(12):3321-3323.
- Rousset F. Inbreeding and relatedness coefficients: what do they measure? *Heredity* 2002;88(5):371-380.
- King TE, Jobling MA. Founders, drift, and infidelity: the relationship between Y chromosome diversity and patrilineal surnames. *Mol Biol Evol* 2009;26(5):1093-1102.
- Crow JF, Mange AP. Measurement of inbreeding from the frequency of marriages between persons of the same surname. *Biodemogr Soc Biol* 1965;12(4):199-203.
- Colantonio S, 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.
- Herrera-Paz EF, Scapoli C, Mamolini E, Sandri M, Carrieri A, Rodríguez-Larralde, et al. Surnames in Honduras: A Study of the Population of Honduras through Isonymy. *Ann Hum Genet* 2014;78(3):165-177.
- Matamoros M, Pinto Y, Inda FJ, García O. Population genetic data for 15 STR loci (Identifiler™ kit) in Honduras. *Legal Medicine* 2008;10(5):281-283.
- Herrera-Paz EF, García LF, Aragon-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-e10
- Herrera-Paz EF, Matamoros M, Carracedo Á. 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.
- Herrera-Paz EF, Mejía DA. Surnames in Gracias a Dios: Population structure and residence patterns in the Honduran Miskito Territory assessed through Isonymy; 2010. Disponible en <http://lahondurasvaliente.blogspot.com/2010/09/surnames-isonymy-genetics-honduran>. Revisado el 3 de mayo de 2014.
- Herrera-Paz EF. Estimación del aislamiento genético e ilegitimidad en 60 comunidades hondureñas mediante el análisis de apellidos. *Rev Med Hondur* 2013;81(1):18-28.
- Herrera-Paz EF. Apellidos e isonimia en las comunidades garífunas de la costa atlántica de Honduras. *Rev Med Inst Mex Seguro Soc* 2013;51(2):150-157.
- Herranz AH. El lenca de Honduras: una lengua moribunda. *Mesoamérica* 1987;8(14):429-466.
- Barrai I. Subdivision and inbreeding. *Am J Hum Genet* 1971;23(1):95-96.
- Dipierri J, Rodríguez-Larralde A, Alfaro E, Scapoli C, Mamolini E, Salvatorelli G, et al. A study of the population of Paraguay through isonymy. *Ann Hum Genet* 2011;75(6):678-687.
- Manrubia SC, Zanette DH. At the boundary between biological and cultural evolution: The origin of surname distributions. *J Theor Biol* 2002;216(4):461-477.
- Herrera-Paz EF. Signatures of peopling processes revealed through diagrams of surnames frequencies distributions; 2014. Disponible en <http://lahondurasvaliente.blogspot.com/2014/05/research-signatures-of-peopling.html>. Revisado el 20 de junio de 2014.
- Ventura Lara LR. El templo de Colohete y su significado simbólico. *Revista de Estudios Históricos de la Masonería* 2014;6(1):78-107
- Dipierri J, Rodríguez-Larralde A, Barrai I, Camelo JL, Redomero EG, Rodríguez CA, et al. Random inbreeding, isonymy, and population isolates in Argentina. *J Comm Genet* 2014;5(3):241-248
- Bittles AH. Consanguinity and its relevance to clinical genetics. *Clin genet* 2001;60(2):89-98
- Overall AD, Ahmad M, Nichols RA. The effect of reproductive compensation on recessive disorders within consanguineous human populations. *Heredity* 2002;88(6): 474-479.
- Risch N, Tang H, Katzenstein H, Ekstein J. Geographic distribution of disease mutations in the Ashkenazi Jewish population supports genetic drift over selection. *Am J Hum Genet* 2003;72(4):812-822
- Newson LA. The cost of conquest: Indian decline in Honduras under Spanish rule (Vol. 20). Boulder, Colorado: Westview Press; 1986.
- Von Gleich U, Gálvez E. Pobreza étnica en Honduras. Washington, D.C.: Banco Interamericano de Desarrollo; 1999. Disponible en <http://www.bvsde.paho.org/bvsacd/cd47/etnica.pdf>. Revisado el 3 de mayo de 2014
- Torres C. La equidad en materia de salud vista con enfoque étnico. *Rev Panam Salud Publ* 2001;10(3): 188-201
- Baldi NF, Melton PE, Crawford MH. Effect of recent historical events on migration and isonymic stratification among the Rama Amerindians from Nicaragua. *Hum Biol* 2014;86(1):37-50.