

REVISIÓN: DATOS SOBRE LOS APELLIDOS HISPANOAMERICANOS EN LOS ESTUDIOS DE BIOLOGÍA HUMANA*

Gabriel Ward Lasker

Departamento de Anatomía y Biología Celular, Wayne State University

INTRODUCCIÓN

En 1960, Richard Shaw publicó un breve artículo que no hacía referencia a ninguna bibliografía anterior. En él hacía notar que el uso de un patronímico y un matronímico en el sistema español de apellidos significa que los dos miembros de un matrimonio entre primos hermanos comparten un apellido. Shaw señalaba que este hecho podría ser útil a la hora de distinguir la consanguinidad en los países de lengua española.

Crow y Mange (1965) mostraron después que la medida de consanguinidad que se da en una población determinada puede calcularse a partir de la isonimia marital (la frecuencia de matrimonios en los que ambos cónyuges tienen el mismo apellido). Demostraron, asimismo, que el coeficiente de consanguinidad (F) puede dividirse en Fr , un componente aleatorio (derivado de la frecuencia con que cada uno de los apellidos de los esposos de la población coincide con uno de los apellidos de cualquiera de las esposas), y Fn , un componente no aleatorio (la medida en que la consanguinidad calculada a partir de la isonimia marital tiende a diferir del componente aleatorio). Crow (1983) mencionó después que él había creído tomar de H. J. Muller la aplicación de la isonimia a la consanguinidad, pero que Muller había negado tener ningún conocimiento anterior de dicha noción. Sin embargo, Newton Morton me dijo recientemente que un artículo escrito por él en co-

* Traducción del inglés de Francisco Segovia.

laboración con ambos, Crow y Muller (Morton, Crow y Muller, 1956), citaba a Arner (1908), quien a su vez hacía remontar la noción hasta George Darwin (1875), hijo de Charles Darwin.

En esta reseña sólo me ocuparé de la aplicación de la "genética de apellidos" en las poblaciones hispanoamericanas. El sistema de apellidos empleado por las comunidades hispánicas en Estados Unidos es, desde luego, el mismo que se usa en España. En este último país se han llevado a cabo algunas investigaciones, empezando por las tesis de Bertranpetit (1981), de la Universidad de Barcelona, y de Fúster (1982), de la Universidad Complutense de Madrid. El aspecto isonímico de esta última fue ampliado más tarde (Fúster, 1986).

Las poblaciones lusoamericanas también han sido estudiadas desde la perspectiva isonímica. De hecho, el trabajo de Azevêdo, Morton y otros (p. ej. Azêvedo *et al.*, 1969) ha contribuido de manera importante a la teoría que fundamenta la sustitución de genes por apellidos en los modelos de procesos genéticos poblacionales. Sin embargo, en Brasil, donde sobreviven numerosas culturas autóctonas, gran parte del interés científico dedicado a los apellidos se ha centrado, no en la consanguinidad sino en la asociación de dichos apellidos con los orígenes étnicos (p. ej. Tavares-Neto y Azevêdo, 1978), de donde proviene su utilidad para evaluar el mestizaje (p. ej. Azevêdo, 1980). En Azevêdo *et al.*, (1983) se puede hallar una breve muestra de los estudios brasileños sobre estos temas.

El empleo de dos apellidos por individuo y el hecho de que las mujeres casadas conserven el apellido paterno otorgan al sistema español muchas ventajas sobre los otros sistemas europeos, sobre todo cuando se trata de hacer investigaciones basadas en datos sobre los nombres propios. Desde el punto de vista de la onomástica (estudio de los nombres) aplicada a la biología humana, estas ventajas son de tres tipos principales: 1) duplicación de la cantidad de información que los nombres dan sobre el parentesco, 2) evidenciación del parentesco tanto matrilineal como patrilinealmente, y 3) empleo, en los registros de boda, de los apellidos matrimoniales en dos generaciones sucesivas y no sólo en una.

Los apellidos se inventaron para señalar relaciones. El uso del apellido pasó de la pequeña aristocracia terrateniente a la población general durante la Edad Media, cuando creció la población

de las ciudades del sur y el oeste de Europa. Los colonizadores de España y otras partes de Europa llevaron sus respectivos sistemas de nombrar al Nuevo Mundo, donde acabaron por establecerse tanto entre los supervivientes de los pueblos autóctonos como entre el resto de los recién llegados. De esta manera, en las primeras colonias españolas se hizo oficial, y luego universal, el uso de matronímicos y patronímicos.

La herencia legal reconocía, en España, el derecho de las hijas tanto como el de los hijos; la propiedad de los dos padres pasaba a los hijos de ambos sexos del mismo modo en que se heredan biológicamente los genes autosómicos. Los apellidos hispánicos pasan de este mismo modo a la última generación, pero en todas las generaciones anteriores el apellido materno es patrilineal. Cualquier diferencia en las tendencias del primer y segundo apellidos hispánicos indica, así, una diferencia de estructura genética entre la última y la penúltima generaciones de la población.

Aparte de la herencia biológica de tipo autosómico, existen también la de cromosomas sexuales y la del ADN mitocondrial. El cromosoma Y se comporta como un clon masculino; el ADN mitocondrial se comporta como un clon femenino. Del mismo modo, la transmisión de apellidos es como un clon: un clon femenino en la última generación del matronímico, un clon masculino en todas las otras transmisiones. La transmisión clonal es distinta de la transmisión autosómica: en un clon la información pasa intacta, mientras que en la transmisión autosómica cada uno de los padres pasa una mitad de la información. La transmisión autosómica pierde en el hijo la mitad de la contribución de cada padre. Para cada individuo resulta, pues, que a un mayor número de generaciones corresponde una menor proporción de genes autosómicos provenientes del ascendiente que le haya dado su apellido. Estas pérdidas resultan en cambio muy pequeñas, para las poblaciones. En la medida en que no cambian, los apellidos ofrecen un modelo satisfactorio de lo que ocurre con los genes en una población. Las mismas deriva y migración genéticas que provocan cambios en las frecuencias génicas pueden atestiguar en los cambios de frecuencia de los apellidos. Y, lo que es más, el modelo de apellidos es simple porque los apellidos son selectivamente neutros: los apellidos no van asociados a ninguna diferencia en cuanto a fertilidad o mortalidad.

Creo haberme enterado de los planteamientos de Crow y Mange (1965), y de los trabajos anteriores, gracias a la conferencia que Yasuda y Morton (1967) pronunciaron en Chicago durante el Tercer Congreso Internacional de Genética Humana. Con todo, ya en 1957-1958, Berenice Kaplan y yo nos habíamos interesado en recabar datos sobre los apellidos del Perú, pues habíamos notado que las comunidades endogámicas y aisladas tienen pocos apellidos, y que algunos de ellos tienen un índice de ocurrencia muy alto. Cuando entré en contacto con el trabajo de Crow y Mange, abandoné mis anteriores esfuerzos por analizar los datos peruanos comparando la distribución de las frecuencias de los apellidos y en cambio me dediqué a calcular los índices de isonimia (Lasker, 1968, 1969). Más tarde desarrollé una manera de estudiar las relaciones que aparecen tanto entre comunidades distintas como dentro de una misma y apliqué tal método a las comunidades peruanas. Al principio no me di cuenta de ello, pero este último método es esencialmente similar al que emplearon Azevêdo *et al.*, (1969) para estudiar el parentesco.

Durante nuestras investigaciones hemos estado observando el tratamiento que otros autores han dado a la llamada "genética de apellidos" (véase Lasker, 1985) y a sus aplicaciones a las poblaciones hispanoamericanas. Dichos estudios, que son el tema de esta síntesis, caen *grosso modo* en tres categorías: 1) diferenciación étnica, 2) consanguinidad, y 3) relación.

DIFERENCIACIÓN ÉTNICA

El uso de los apellidos en Hispanoamérica data de la época de la conquista española, por lo que los linajes marcados por apellidos no se remontan más allá del siglo XVI. Hay sólo unos cuantos nombres amerindios que sobreviven bajo la forma de apellidos, como *Tzintzun* en la región tarasca de Michoacán y *Xiú* en la región maya de Yucatán.

McCullogh *et al.*, (1985) han señalado que los nombres mayas siguieron usándose en las áreas mayas después de la conquista, pero que hoy se emplean según el sistema español. Los nombres mayas son fácilmente distinguibles de los apellidos españoles de origen latino, germano (visigótico), moro y vasco. Pero hay que te-

ner cuidado; el nombre maya *Chan*, por ejemplo, se encuentra también en Monsefú, Perú, sólo que ahí es de origen chino. En Ticul, McCullough *et al.*, encontraron que la transcripción o traducción de algunos nombres mayas producía ambigüedades. No obstante, fueron capaces de clasificar a los individuos según tuvieran apellidos paternos y maternos español-español, maya-maya, español-maya, maya-español. Encontraron que había una fuerte tendencia hacia las dos primeras clases, pero que, entre las otras dos, la combinación español-maya dominaba sobre la maya-español. Así pues, los apellidos españoles aumentaban a expensas de los mayas. Esta discrepancia no puede explicarse en términos de migración porque la migración hacia la población de la muestra provenía más frecuentemente de áreas donde dominaban los nombres mayas. Esto significa que, en esta situación, los apellidos no pueden ser considerados como selectivamente neutrales.

En una población aimara de Chile y Bolivia, Chakraborty *et al.*, (1989) clasificaron a 2 525 individuos en cuatro clases comparables a las estudiadas en Ticul. Una vez más, hallaron una marcada deficiencia, por comparación con las probabilidades aleatorias, de individuos que tuvieran un nombre aimara y otro no aimara. Una comparación de la clasificación por nombre y la clasificación de los marcadores genéticos mostró que, de acuerdo con los cálculos empleados, el grupo aimara-aimara era amerindio en 89%, mientras que el grupo con dos apellidos no aimara tenía 67% de genes de origen amerindio.

Muchos estudios han echado mano de los apellidos para identificar a los mexicano-americanos de Estados Unidos. Así, Gottlieb (1983) preguntó a 982 padres de recién nacidos en Denver sobre la posibilidad de que tuviesen ascendencia mexicana y comparó las respuestas con las atribuciones que podía hacer basándose en una lista de 8 000 apellidos españoles. De todos los individuos que tenían apellido español, 4.2% declaró no tener ascendencia mexicana y, de aquellos que dijeron tener "alguna" ascendencia mexicana, 1.6% tenía un apellido no español. De los tres individuos que delararon no tener ascendencia no mexicana, pero que tenían nombres no españoles, dos poseían apellidos que probablemente eran variantes de los nombres que la lista consignaba como españoles.

Weiss *et al.*, (1983) trajeron a cuento la cuestión del cambio de

nombre. En 21 391 registros de matrimonio de la Iglesia católica de Laredo, Texas, hallaron muchos tipos de cambio. No sólo había cambios que implicaban pronunciaciones equivalentes (como *s* y *z* o *b* y *v*), sino sonidos similares (como *r* y *rr* o *gues* y *ques*), vocales intercambiadas y pérdida o ganancia de una consonante final. Algunos cambios se debían a errores (como *Ramírez* por *Hernández*) o a una anglicanización (como *Hill* por *Gil*).

Conjuntar nombres parecidos con la idea de que son el mismo incrementará siempre la isonimia. Weiss *et al.*, concluyeron que esto planteaba un problema sustancial. Con todo, comparadas con otras fuentes de variación en los cálculos de consanguinidad, las que implica una fusión de este tipo parecen pocas, menos del 10% en total. Hallaron, así, que el incremento total en isonimia después de conjuntar o mezclar aquellos nombres oscilaba entre .0128 y .0130; para la consanguinidad aleatoria el aumento iba de .0026 a .0027; la consanguinidad no aleatoria resultó ser de .0006 tanto para los cálculos con mezcla como para los cálculos sin mezcla. En cualquier caso, las variantes de escritura son un problema mucho menos grave en los documentos de lengua española que en los viejos documentos escritos en inglés. Como muchos de los registros que se emplean en los estudios de isonimia han sido escritos por terceras personas, es de esperar que haya variaciones en la escritura, de modo que en general se justifica la mezcla de variantes similares.

CONSANGUINIDAD

Hasta ahora, la biología humana ha aprovechado los estudios sobre apellidos principalmente para calcular el índice de consanguinidad según el método ideado por George Darwin (1875), desarrollado por Crow y Mange (1965) y perfeccionado por Crow (1980).

Tabla 1

Cálculo de la consanguinidad a partir de la isonimia.

Cow (1980) discute dos métodos. Se prefiere el método A sólo para poblaciones estrechamente consanguíneas, pero en poblaciones que no son tan estrechamente consanguíneas las diferencias entre los resulta-

dos de los métodos *B* y *A* son insignificantes, tienen sólo un interés teórico y no se distinguen a la hora de aplicarlos. Según el método *A*:

Consanguinidad total	$F = I/4$
Consanguinidad aleatoria	$F_r = \sum(S_{i,1}S_{i,2})/4 + S_{i,1} \sum S_{i,2}$
Consanguinidad no aleatoria	$F_n = (I - 4F_r)/(4 - 4F_r)$

donde

I es la frecuencia de isonimia marital;

$S_{i,1}$ es el número de esposos del *i*-ésimo apellido;

$S_{i,2}$ es el número de esposas del primer apellido y

Σ es sobre todos los apellidos.

Como ha subrayado Rogers (1965), los cálculos sobre consanguinidad se relacionan siempre con el tiempo de las generaciones. Esto quiere decir que la consanguinidad es un proceso acumulativo y que la medida en que un ascendiente cualquiera es endogámico debe añadirse a la consanguinidad subsecuente. En teoría, todos nosotros somos completamente endogámicos ($F=1$), dado el número indefinidamente grande de generaciones anteriores. Pero, como no nos autofecundamos (y no somos, en términos de genética vegetal, autofecundantes), $F=0$ en la última generación. Así pues, la isonimia tendrá que relacionarse con la consanguinidad en un periodo determinado de tiempo. Esto sólo es posible en la rara circunstancia de que haya un grupo conocido de fundadores en el que cada miembro masculino tenga un apellido diferente. Rogers muestra que, debido a esto, sólo el cambio de isonimia entre dos puntos temporales nos ofrece datos confiables sobre el cálculo de consanguinidad por isonimia. Sin embargo, sobre la base de ciertas consideraciones, otras comparaciones resultarían también razonables. De esta manera, si la historia previa de dos poblaciones puede ser considerada como similar, sus diferencias en cuanto a isonimia reflejarán una diferencia en el grado de consanguinidad. Del mismo modo, si los factores que afectan la distribución de apellidos han conducido a una situación estable, el tiempo que les ha tomado llegar a ella puede considerarse irrelevante. El mayor problema a la hora de calcular la consanguinidad a partir de la isonimia es, probablemente, que los apellidos —sobre todo los apellidos de gran frecuencia, que dan cuenta de la mayor parte de la isonimia marital en las sociedades abiertas— tienden a tener

orígenes polifiléticos. En la mayoría de los casos es imposible rastrear un apellido compartido hasta dar con un ancestro común que también lo lleve. Para dichas sociedades sólo tiene sentido interpretar las estadísticas relativas de isonimia, pero no los valores absolutos.

En cualquier caso, cuando inicié mis estudios de isonimia en Perú (Lasker, 1968, 1969) ya eran evidentes las limitaciones del método, así que, más que deducir los coeficientes de consanguinidad, preferí consignar los índices de isonimia e investigar su variación. En el pueblo pesquero de San José, separado de la ciudad de Chiclayo por diez kilómetros de desierto, había poca variación en el índice de isonimia de las 18 distintas relaciones estudiadas. De ello podía concluirse razonablemente que las líneas de descendencia empleadas para probar la isonimia eran representativas de todas las líneas de descendencia. Sin embargo, el grado de isonimia (I) de la última generación ($I = .0622$) era un poco más alto que el de isonimia aleatoria, y también algo más elevado que la isonimia de las dos generaciones anteriores ($I = .0433$ e $I = .0505$, respectivamente). Atribuimos la consanguinidad positiva no aleatoria que esto indicaba a una tendencia a elegir pareja en las subdivisiones de la población (el efecto Wahlund). Los factores que intervienen en la subdivisión son probablemente la contraposición entre uniones endogámicas y exogámicas y, tal vez, la etnicidad (*cholos* contra *mestizos*).

Un estudio posterior (Lasker, 1969), que empleaba cuatro fuentes de datos (entrevistas, lápidas funerarias, registros de nacimiento y registros de defunción), mostró que las diferencias entre las fuentes no eran estadísticamente significativas ($p \geq .1$). Sin embargo, una pequeña hacienda situada a 3 kilómetros del pueblo propiamente dicho arrojó un conjunto muy distinto de apellidos y un nivel más bajo de isonimia, lo que sugería que la diferencia de actividades económicas puede asociarse con los distintos grados de consanguinidad.

La isonimia también ha sido estudiada en poblaciones mexicanas. Halberstein y Crawford resumieron los resultados que obtuvieron en numerosas poblaciones de origen tlaxcalteca. En la ciudad de Tlaxcala registraron una $I = .0130$ (igual a la que Weiss *et al.*, 1983, hallaron en Laredo, Texas). En el municipio de San Pablo, Tlaxcala, cercano a dicha ciudad, pero más aislado, Halberstein y Crawford hallaron una $I = .0216$, y en la población tlaxcalte-

ca emigrada a Cuanalan, en el valle de México, una $I = .0184$. La posición relativa de estas cifras está, en general, de acuerdo con la migración registrada en los tres lugares durante las últimas cuatro generaciones: 18.75%, 4.09% y 16.30%, respectivamente.

Otro estudio sobre México se refiere a la vieja colonia menonita, compuesta por unas 23 000 personas que viven en cuatro regiones aisladas de los estados de Chihuahua y Durango (Allen y Redekop, 1987; Allen, 1988). Estos menonitas habían llegado a México desde Canadá durante los años veinte y no se habían mezclado ni con mexicanos ni con otros grupos menonitas. Para 3 398 parejas de este grupo, el índice de consanguinidad calculada por isonimia (F) era de .0078 (lo que correspondía a una $I = .0312$), cifra menor que la aleatoria, lo que indicaba que la formación de parejas se llevaba a cabo de manera selectiva y desechaba a las personas que tuviesen el mismo nombre y, seguramente, también a los parientes cercanos.

Aunque nosotros habíamos reunido datos sobre los apellidos en Paracho, Michoacán, durante los trabajos de campo que realizamos en 1948 y 1952, no ofrecimos ningún resultado sobre su isonimia hasta hace poco (Lasker *et al.*, 1990), y eso sólo en cuanto a los valores máximos. Las cifras para el componente aleatorio de consanguinidad (F_r) alcanzan el .003 sobre la base de un censo y el .0037 entre los padres de los individuos considerados en un estudio antropométrico. La isonimia no aleatoria resultó ser negativa (como en el estudio sobre los menonitas mexicanos), pero no era significativamente distinta de cero. La razón para considerar que estos cálculos de isonimia representan valores máximos es que muchos de los informantes habían estado en Estados Unidos y tal vez se hallaban al tanto del sistema que ahí se emplea para nombrar a las personas. Así, al responder a un *anglo*, algunos de ellos pudieron haber designado a una mujer casada con el apellido de su marido en vez de con su propio patronímico o matronímico. Cualquier error de esta naturaleza haría que los índices de consanguinidad tuvieran un sesgo hacia arriba.

En Paracho observamos un aspecto de isonimia en el que los errores del tipo antes mencionado podían diluir un resultado, pero no sesgarlo. En un estudio comparado entre peruanos y mexicanos intentamos averiguar si había evidencia de una supresión del crecimiento debida a la consanguinidad y evidenciada en los hijos

de las parejas isonímicas (Lasker y Kaplan, 1974). No registramos ninguna reducción consistente en las medias de las dimensiones antropométricas. Se discute aún la influencia que sobre la antropometría tiene la oposición consanguinidad-no consanguinidad en las poblaciones humanas comunes (Lasker *et al.*, 1990), de manera que no podemos esperar que un pequeño estudio por isonimia sea definitivo. Aun cuando hubiese una diferencia de tamaño entre los hijos de las parejas isonímicas y no isonímicas, ésta podría deberse a la subdivisión de la población y a la diversidad de circunstancias en que crecieron los miembros de cada subdivisión.

Vale la pena mencionar aquí otro estudio sobre la población hispánica. Devor (1980) analizó nombres en Abiquiu, en el condado de Río Arriba, Nuevo México. La comunidad fue fundada como puesto defensivo por la columna hispano-amerindia de los *jenízaros*. Sus habitantes hablaban español y practicaban el catolicismo. Por lo que indica su índice de isonimia, la consanguinidad entre ellos era considerable:

En 1882-1910 $F = .0556$, $Fr = .0117$ y $F_n = .0444$

En 1947-1977 $F = .0495$, $Fr = .0071$ y $F_n = .0426$

En Rosa, otro pueblo norteño de Nuevo México, también era tradicional el matrimonio entre primos de familias terratenientes (*vecinos*), cuya consanguinidad calculada por isonimia era $F = .0506$.

RELACIÓN

La relación se define como la probabilidad de que dos individuos reciban un mismo gene por descender del mismo ancestro. Dado que la consanguinidad se define como la probabilidad de recibir genes homocigóticos por descender del mismo ancestro, y como los padres sólo transmiten a sus hijos la mitad de sus autosomas, el coeficiente de relación entre una pareja de padres equivale exactamente al doble del coeficiente de consanguinidad de sus hijos. Así, los coeficientes de consanguinidad se pueden convertir en coeficientes de relación y viceversa con sólo multiplicar o dividir por dos, respectivamente. Para muchos propósitos, relación es el término más amplio, pues puede aplicarse a cualquier par de in-

dividuos, y no sólo a las parejas de padres o a los padres potenciales. El término relación y su cálculo, a partir de los apellidos, como coeficiente de relación (R_i) se usa comúnmente, ya que cuando se estudian pares de poblaciones o subgrupos dentro de poblaciones. Los mismos presupuestos, restricciones y limitaciones que se aplican al uso de los apellidos en los estudios de consanguinidad se aplican a los estudios de relación. De hecho, hay probablemente una posibilidad aún mayor de que dos individuos que lleven el mismo apellido en dos poblaciones distintas no estén emparentados entre sí. Por ejemplo, en su estudio sobre los apellidos de Tzintzuntzan, en el distrito de la laguna tarasca, y de Paracho, en la sierra tarasca, Lasker *et al.*, (1984) encontraron que la causa de los altos índices de comunidad de apellidos entre los pueblos podría hallarse, principalmente, en los procesos históricos por los cuales los mismos apellidos fueron asignados independientemente a individuos que no tenían relación alguna entre sí.

Se dice que el Coeficiente de Relación por Isonimia es

$$R_i = \frac{\sum(S_{i1} \cdot S_{i2})}{2(\sum S_{i1})(\sum S_{i2})}$$

donde S_{i1} es el número de personas del i -ésimo apellido en una muestra de una población. S_{i2} es el número de personas del mismo nombre en una muestra de otra población y las sumatorias se hacen sobre todos los apellidos (Lasker, 1977).

Para cinco comunidades de la costa norteña del Perú, los valores del coeficiente de relación entre hombres y mujeres de la misma comunidad iban de .00183 en una gran hacienda heterogénea a .02003 en un poblado pesquero (Lasker, 1977). Los valores de R_i entre pares de las mismas comunidades ocupaban una franja más estrecha, entre .00104 y .00236. Entre comunidades, la correlación de R_i con la distancia era $-.41$, lo cual no es significativamente distinto de cero en un número tan pequeño de comunidades.

Los valores arrojados por estas relaciones fueron contrastados con el componente que pudo derivarse de las migraciones conocidas en la última generación (Lasker, 1978). Según estos cálculos, habría sido necesario un número variable de generaciones, con una media de 28, para alcanzar las presentes relaciones a partir de una situación en la que no hubiese habido ningún apellido en común entre las poblaciones. Como los apellidos no podían haber

existido en Perú desde hacía más de unas 15 generaciones, parece probable que muchos de los nombres tuviesen múltiples orígenes (entre los que se incluye, quizá, la migración al Perú de unas cuantas parejas de hermanos u otros parientes cercanos). Relethford (1988) ha calculado la microdiferenciación a partir de varios grupos de datos, entre los que se incluyen las cinco comunidades peruanas previamente estudiadas (Lasker, 1977; Lasker y Kaplan, 1974). Sus resultados muestran (entre otras comparaciones) que las comunidades de aquellas regiones del norte de España que estudió Fúster (1986) están más estrechamente interrelacionadas que las comunidades peruanas.

Pinto-Cisternas (1983) y sus colegas (Pinto-Cisternas *et al.*, 1985a) desarrollaron aún más el uso de los cuatro distintos apellidos que se unen (bajo el sistema español de apellidos) en el matrimonio. En Venezuela (a diferencia de los resultados que Lasker había encontrado antes en el Perú) los índices de isonimia variaban entre las cuatro combinaciones de nombres (patronímico de la esposa-patronímico del esposo; patronímico de la esposa-matronímico del esposo; matronímico de la esposa-patronímico del esposo; matronímico de la esposa-matronímico del esposo). Tales diferencias podrían estar asociadas con tipos específicos de preferencias a la hora de buscar pareja. Pinto-Cisternas *et al.*, (1990a) estudiaron dos poblaciones venezolanas de origen africano. Los 16 valores de R_i entre ambas poblaciones fueron más altos que cualquiera de los 32 valores de R_i por lapso de tiempo, lo que demuestra una considerable continuidad local. Los valores individuales eran algo variables debido al tamaño limitado de las muestras, pero las relaciones específicas que tenían coeficientes elevados de relación apuntaban a una tendencia hacia la matrifocalidad, como ocurría en otros dos reportes anteriores que trataban sobre poblaciones venezolanas (Pinto-Cisternas, 1983; Pinto-Cisternas y Pineda, 1986).

En contraste con las poblaciones de origen africano, Pinto-Cisternas *et al.*, (1990b) hallaron que en el pueblo agrícola de Quibor, Venezuela, muestreado dos veces en el lapso de un siglo, la mayor continuidad de patronímicos apuntaba hacia una organización local predominantemente patrilocal.

Un estudio más detallado sobre la población general de Venezuela fue llevado a cabo por Rodríguez-Larralde (1989). Valiéndolo

se de los listados de los padrones electorales, examinó el primer apellido de 36 804 individuos en 17 condados que se hallaban bastante separados entre sí en cinco áreas del país. Los valores de R_i y la distancia euclidiana de los apellidos se hallaban en correlación con las extensiones de la separación geográfica. Los coeficientes de correlación eran similares: $-.44$ para R_i y $-.48$ para las distancias euclidianas. La intercorrelación entre los dos métodos para establecer la distancia fue, sin embargo, de sólo $.41$, pues ambos métodos tienen distinto énfasis: R_i otorga mucho más peso a los nombres comunes, para los que el error de la muestra es más bajo; las distancias euclidianas dan peso a los nombres más raros, que son los que más probablemente cumplirán la condición de origen único (monofilético).

Otras relaciones entre apellidos

Una de las dificultades del estudio de la consanguinidad por isonimia es que los ejemplos de isonimia marital por lo común sólo representan una fracción pequeñísima del total de los matrimonios, de manera que el error aleatorio en el cálculo de la consanguinidad que resulta de estimar la isonimia marital es relativamente alto. En un esfuerzo por extraer información adicional de los matrimonios en que los apellidos no son idénticos, Devor (1983) desarrolló un método matricial. Como en su estudio (y virtualmente en cualquier otro estudio) el número de combinaciones posibles entre dos apellidos excedía con mucho al número de matrimonios de la muestra, Devor dividió la muestra en cinco categorías de apellidos, según su frecuencia. En términos generales había pocas elecciones de pareja por categoría, aunque las que contenían los apellidos que ocurrían con más frecuencia —compuestas en su mayoría por miembros de las "viejas familias"— tendían a casarse entre sí. En los lapsos comprendidos entre dos periodos de tiempo (1882-1910 y 1947-1977), la transición de las matrices de relaciones entre las cinco categorías mostró que la estructura matrimonial de la comunidad había cambiado considerablemente.

Pinto-Cisternas *et al.*, (1985b) aplicaron un método comparable a la población venezolana de Los Teques. Encontraron que, dividiendo los apellidos en tres categorías (frecuentes, intermedios

y raros), lo más probable era que los individuos de apellido frecuente hubiesen nacido en Los Teques y se casaran con otros individuos de apellido frecuente. Los de apellido infrecuente tendían a casarse con personas de apellido infrecuente. Al parecer, era más probable que los apellidos más raros pertenecieran a aquellos que habían inmigrado recientemente a la comunidad. Estos últimos también parecían más inclinados a casarse entre sí. De esta manera, pues, la formación de parejas parecía distribuirse según la categoría del nombre, lo que se tomó como indicador de la homogamia social. Esta selección de apellidos según su frecuencia ha sido demostrada también gráficamente en otras poblaciones (*p. ej.* Kosten y Mitchell, 1990).

Nos parecía, sin embargo, que incluso dentro de la misma categoría de frecuencia los distintos apellidos podrían tener diferente significación social. Por eso propusimos formar el *pool* de información sobre las diferentes combinaciones de apellidos de manera diferente, de tal manera que pudiésemos preservar la variación no sólo dentro de las categorías de apellidos sino también entre ellas (Lasker y Kaplan, 1985). Llamamos a nuestra estadística "pares repetidos" (*RP*) y consideramos que representaba la frecuencia con que cualquier par de apellidos formado por el matrimonio de un individuo con otro cualquiera se repite en otra pareja de la muestra:

$$RP = \sum [S_{ij}(S_{ij} - 1)] / N(N - 1)$$

donde S_{ij} es el número de parejas con los *i*-ésimos y *j*-ésimos apellidos, respectivamente, y *N* es la suma de S_{ij} sobre todos los pares de apellidos.

En Paracho, Michoacán, hallamos que la frecuencia de los pares de apellidos repetidos en los matrimonios era de alrededor de 25% más alto que la frecuencia de repeticiones en los pares elegidos aleatoriamente. La diferencia era estadísticamente significativa para las parejas formadas por el apellido del padre del esposo y el del padre de la esposa y, especialmente, para la que formaban el apellido de la madre del esposo y el del padre de la esposa. Como no encontramos una excedencia parecida en los pares aleatorios de la submuestra compuesta sólo por las parejas endogámicas de Paracho, el componente no aleatorio de *RP* pudo haberse debido a los diferentes *pools* de parejas potenciales disponibles tanto

endogámica como exogámicamente. Los RP pueden dividirse también de otras maneras; por ejemplo, el componente debido a la isonimia marital (en la diagonal de la matriz de los apellidos del esposo por los apellidos de la esposa) puede distinguirse de los pares de apellidos diferentes (fuera de la diagonal).

Un numerador distinto también tiene ventajas: "pares repetidos en un linaje" (RP_w) (Gottlieb *et al.*, 1990).

$$RP_w = \frac{\sum[S_{ij}(S_{ij} - 1)]}{\sum[S_i(S_i - 1)]}$$

que tiene como resultado calcular el índice de pares repetidos *dentro de cada linaje separadamente* y luego acumular los valores para todos los linajes en una media ponderada. La ventaja es que RP_w es una forma de la isonimia aleatoria (la isonimia aleatoria de tales matrimonios dentro de cada linaje) y es por lo tanto susceptible de comparación directa con cualesquiera otros valores de isonimia, como el de la isonimia aleatoria de toda la población o la isonimia marital dentro de la misma población.

El futuro de los estudios sobre apellidos en las poblaciones hispanoamericanas

Sólo se ha estudiado un número limitado de poblaciones hispanoamericanas. Entre ellas se incluyen algunos ejemplos de muy variados tipos de población: las de origen mayoritariamente amerindio, africano o europeo, las urbanas y rurales, las migratorias y las aisladas, etc. Pero hasta ahora el único país que ha sido muestreado eficazmente es Venezuela.

Además de ampliar los estudios ya probados en algunas muestras de Hispanoamérica, podrían aplicarse a las áreas hispanoparlantes del Nuevo Mundo otros tipos de estudio probados antes en otras partes del mundo, como las técnicas de mapeo. Estos métodos abarcan desde los simples mapas de distribución de apellidos simples (*p. ej.* Lasker y Mascie-Taylor, 1990; Mascie-Taylor y Lasker, 1990) hasta las regresiones en las coordenadas geográficas (*p. ej.* Mascie-Taylor *et al.*, 1985), el análisis factorial (*p. ej.* Mascie-Taylor y Lasker, 1984), las correlaciones con los tamaños de la población (*p. ej.* Relethford y Jaquish, 1988) y el escalamiento multidimensional (*p. ej.* Smith *et al.*, 1990). Sokal *et al.*, (en prensa) han

introducido recientemente otros cuatro métodos para analizar la distribución geográfica de los apellidos. Como los datos sobre apellidos son cuantiosos, es posible desarrollar sobre ellos métodos potencialmente adecuados para otras cuestiones geográficas, como las planteadas por la arqueología y la etnología. Por ejemplo, los coeficientes de relación pueden aplicarse a cualquier serie de rasgos para obtener una medida numérica de la comunalidad.

Nosotros hemos aplicado recientemente las fórmulas para los componentes aleatorios y no aleatorios de isonimia a los nombres de pila (*p. ej.* Lasker y Raspe, 1992). Como los apellidos y los nombres de pila surgieron de manera similar, la diferencia en sus patrones de distribución subsecuentes puede ser adjudicada al componente genético de transmisión del apellido más que a un componente socio-cultural cualquiera que los apellidos pudiesen compartir con los nombres de pila.

Barrai y sus asociadas (*p. ej.* Barrai *et al.*, 1989, 1990, 1991) están siguiendo otros métodos, basados en la forma de la curva que describe la distribución de frecuencias de los apellidos, para estudiar algunos problemas de migración y deriva genética y para añadir informes estadísticos a los cálculos de isonimia.

Incluso los viejos métodos pueden hacerse extensivos a problemas nuevos: Gianfranco Biondi está comparando la variedad de grupos étnicos diferentes en Italia; Jesper Bolsden se ocupa de lo que ocurre con la isonimia de apellidos al cruzar una frontera nacional y lingüística que se ha movido hacia un lado y el otro de manera conocida a lo largo de la historia de los dos países limítrofes. Hay mucho que hacer también en la esfera hispanoamericana, pero el uso del apellido doble en el sistema de nombres español garantiza que el empeño se verá bien recompensado.

ABSTRACT

A review of studies concerning isonymy in Hispanic-Americans is carried out in populations in which the use of the Spanish system for assigning last names aids in the examination of diverse aspects of the biological structure of such populations.

The applications of "genetics of last names" includes three clearly

distinguishable aspects: ethnic differentiation, consanguinity, and relationship among population groups.

Due to the fact that up to date a limited number of studies exist concerning the topic, the potential in this line of investigation in the human biology of this wide geographic region is stressed.

LITERATURA CITADA

ALLEN, Gordon

- 1988 Random Genetic Drift Inferred from Surnames in Old Colony Mennonites. *Human Biology* 60: 639-653.

ALLEN, Gordon y C. W. REDEKOP

- 1987 Old Colony Mennonites in México. *Social Biology* 34: 166-179.

ARNER, G. B. L.

- 1908 Consanguineous Marriages in the American Population. *Columbia University Studies in History, Economics and Public Law* (XXXI) 3. Longman Green and Co. Nueva York.

AZÉVEDO, E. S.

- 1980 The Anthropological and Cultural Meaning of Family Names in Bahia. *Current Anthropology* 21: 360-363.

AZÉVEDO, E. S., N. E. MORTON; C. MIKI y S. YEE

- 1969 Distance and Kinship in Northeastern Brazil. *American Journal of Human Genetics* 21: 1-22.

AZÉVEDO, E. S., T. PINTO DA COSTA, M. Cristina B. O. SILVA y L. R. RIBEIRO

- 1983 The Use of Surnames for Interpreting Gene Frequency Distribution and Past Racial Admixture. *Human Biology* 55: 235-242 y 399-407.

BARRAI, I., G. FORMICA, R. BARALE y M. BERETTA

- 1989 Isonymy and Migrations Distance. *Annals of Human Genetics* 53: 249-262.

- BARRAI, I., G. FORMICA; R. BARALE; C. SCAPOLI; R. CANELLA y M. BERETTA
- 1990 Isonymy in Emigrants from Ferrara in 1981-1988. *Annals of Human Biology* 17: 7-18.
- 1991 Isonymy in Records of Births and Deaths in Ferrara. *Annals of Human Biology* 18: 395-404.
- BERTRANPETIT, J.
- 1981 *Estructura demogràfica e genètica de la població de Formentera*. Tesis doctoral, Universidad de Barcelona. Citado por Fúster, 1986.
- CHAKRABORTY, R., S. S. BARTON, R. E. FERRELL y W. J. SCHULL
- 1989 Ethnicity Determination by Names Among the Aymara of Chile and Bolivia. *Human Biology* 61: 159-177.
- CROW, James F.
- 1980 The Estimation of Inbreeding from Isonymy. *Human Biology* 52: 1-14.
- 1983 Discussion. En GOTTLIEB, KAREN, (editor). *Surnames as Markers of Inbreeding and Migration*. *Human Biology* 55: 383-389 y 399-407.
- CROW, James F. y A. P. MANGE
- 1965 Measurement of Inbreeding from the Frequency of Marriages Between Persons of the Same Surname. *Eugenics Quarterly* 12: 199-203.
- DARWIN, George
- 1875 Marriages Between First Cousins in England and their Effects. *Journal Statistical Sociology* 38: 153-184.
- DEVOR, Eric J.
- 1980 Marital Structure and Genetic Isolation in a Rural Hispanic Population in Northern New Mexico. *American Journal of Physical Anthropology* 53: 257-265.
- 1983 Matrix Methods for the Analysis of Isonymous Surname Pairs. *Human Biology* 55: 277-288 y 399-407.
- FÓSTER, V.
- 1982 *Estructura antropogenética de la población de nueve parroquias del municipio de Los Nogales, Lugo (1871-1977)*. Te-

sis doctoral, Editorial de la Universidad Complutense, Madrid.

- 1986 Relationship by Isonymy and Migration Pattern in Northwest Spain. *Human Biology* 58: 391-606.

GOTTLIEB, Karen

- 1983 Genetic Demography of Denver, Colorado: Spanish Surname as Marker of Mexican Ancestry. *Human Biology* 55: 227-234 y 399-407.

GOTTLIEB, Karen; Pamela RASPE y Gabriel W. LASKER

- 1990 Patterned Selection of Mates in St. Ouen, Jersey, and the Scilly Isles Examined by Isonymy. *Human Biology* 62: 637-674.

HALBERSTEIN, R. A. y M. H. CRAWFORD

- 1975 Demographic Structure of a Transplanted Tlaxcalan Population in the Valley of Mexico. *Human Biology* 47: 201-232.

KOSTEN, M. y R. J. MITCHELL

- 1990 Examining Population Structure Through the Use of Surname Matrices: Methodology for Visualizing Nonrandom Mating. *Human Biology* 62: 319-335.

LASKER, Gabriel W.

- 1968 The Occurrence of Identical (Isonymous) Surnames in Various Relationships: A Preliminary Analysis of the Relation of Surname Combinations to Inbreeding. *American Journal of Human Genetics* 20: 250-257.
- 1969 Isonymy (Recurrence of the Same Surname in Affinal Relatives); A Comparison of Rates Calculated from Pedigrees, Grave Markers and Death and Birth Registers. *Human Biology* 41: 309-321.
- 1977 A Coefficient of Relationship by Isonymy: A Method for Estimating the Genetic Relationship Between Populations. *Human Biology* 49: 489-493.
- 1978 Increments Through Migration to the Coefficient of Relationships Between Communities Estimated by Isonymy. *Human Biology* 50: 235-240.

- 1985 *Surnames and Genetic Structure*. Cambridge University Press. Cambridge.
- LASKER, Gabriel W. y Bernice A. KAPLAN
- 1974 Anthropometric Variables in the Offspring of Isonymous Matings. *Human Biology* 46: 713-717.
- 1985 Surnames and Genetic Structure: Repetition of the Same Pair of Names of Married Couples, a Measure of Subdivision of the Population. *Human Biology* 57: 431-440.
- LASKER, Gabriel W., Bernice A. KAPLAN y James A. SEDENSKY
- 1990 Are there Anthropometric Differences Between the Offspring of Endogamous and Exogamous Matings? *Human Biology* 62: 247-249.
- LASKER, Gabriel W. y C. G. N. MASCIE-TAYLOR
- 1990 *Atlas of British Surnames with 154 Maps of Selected Surnames*. Wayne State University Press, Detroit.
- LASKER, Gabriel W. y Pamela D. RASPE
- 1992 Given Name Relationships Support Surname "Genetics": A Note and Correction. *Journal of Biosocial Science* 24: 131-133.
- LASKER, Gabriel W., Roland K. WETHERINGTON, Berenice A. KAPLAN y Robert V. KEMPER
- 1984 Isonymy Between Two Towns in Michoacan, Mexico. *Estudios de antropología biológica (II Coloquio de Antropología Física Juan Comas)*. Instituto de Investigaciones Antropológicas, UNAM. México. 159-163.
- MASCIE-TAYLOR, C. G. N. y Gabriel W. LASKER
- 1984 Geographical Distribution of Common Surnames in England and Wales. *Annals of Human Biology* 12: 397-401.
- 1990 *Maps and diagrams...* (p. 30 del original).
- 1990 *The Distribution of Surnames in England and Wales: A Model for Genetic Distribution*. *Man* 25: 521-530.
- MCCULLOUGH, John M., Eugene GILES y Richard A. THOMPSON
- 1985 Evidence for Assortative Mating and Selection in Surna-

mes: A Case from Yucatan, Mexico. *Human Biology* 57: 375-386.

MORTON, Newton E., James F. CROW y H. J. MULLER

1956 An Estimate of the Mutational Damage in Man from Data on Consanguineous Marrings. *Proceedings National Academic Science* 42: 855-863.

PINTO-CISTERNAS, J.

1983 Tipos de isonimia en tres poblaciones venezolanas. *Acta Científica Venezolana* 34 (suppl.), 242 abstract. Citado por Pinto-Cisternas *et al.*, (1990).

PINTO-CISTERNAS, J.; M. C. CASTELLI y L. PINEDA

1985 Use of Surnames in the Study of Population Structure. *Human Biology* 57: 353-363.

PINTO-CISTERNAS, J. y L. PINEDA

1986 Tipos de isonimia y su relación con patri y matrifocalidad y *F* ligado al sexo. *Acta Científica Venezolana* 37 (suppl.), 63 abstract. Citado por Pinto-Cisternas *et al.*, (1990).

PINTO-CISTERNAS, J., L. PINEDA e I. BARRAI

1985 Estimation of Inbreeding by Isonymy in Ibero-American Populations. An Extension of the Method of Crow and Mange. *American Journal of Human Genetics* 37: 373-385.

PINTO-CISTERNAS, J., A. RODRÍGUEZ-LARRALDE y D. CASTRO DE GUERRA

1990a Comparison of Two Venezuelan Populations Using the Coefficient of Relationship by Isonymy. *Human Biology* 62: 413-419.

PINTO-CISTERNAS, J., E. ZIMMER e I. BARRI

1990b Comparison of Lasker's Coefficient of Relationship in a Venezuelan Town in Two different Periods. *Annals of Human Biology* 17: 305-314.

RELETHFORD, John H.

1988 Estimation of Kinship and Genetic Distance from Surnames. *Human Biology* 60: 475-492.

RELETHFORD, John H. y C. E. JAQUISH

- 1988 Isonymy, Inbreeding and Demographic Variation in Historical Massachusetts. *American Journal of Physical Anthropology* 77: 243-252

RODRÍGUEZ-LARRALDE, Álvaro

- 1989 Relationship between 17 Venezuelan Countries Estimated Through Communality of Surnames. *Human Biology* 61: 31-44.

ROGERS, A. R.

- 1991 Doubts About Isonymy. *Human Biology* 63: 633-668.

SHAW, R. F.

- 1960 An Index of Consanguinity Based in the Use of the Surname in Spanish Speaking Countries. *Journal of Heredity* 51: 221-230.

SMITH, M. T., W. R. WILLIAMS, J. J. McHUGH y A. H. BITTLES

- 1990 Isonymic Analysis of Post-famine Relationships in the Ards Peninsula, N. E. Ireland: Effects of Geographical and Politico-Religious Boundaries. *American Journal of Human Biology* 2: 245-254.

SOKAL, Robert R., R. M. HARDING, G. W. LASKER y C. G. N. MASCIE-TAYLOR

- En prensa A Spatial Analysis of 100 Surnames in England and Wales. *Annals of Human Biology*.

TAVARES-NETO y E. S. AZÊVEDO

- 1977 Racial Origin and Historical Aspects of Family Names in Bahia, Brazil. *Human Biology* 49: 287-299.

WEISS, K. M., R. CHAKRABORTY, A. V. BUCHANAN y R. J. SCHWARTZ

- 1983 Mutations in Names: Implications for Assessing Identity by Descent from Historical Records. *Human Biology* 55: 313-322 y 309-407.

YASUDA, N. y Newton E. MORTON

- 1967 Studies in Human Population Structure. *Proceedings of the Third International Congress of Human Genetics*. J. F. Crown y J. V. Neel (eds.), The Johns Hopkins University Press, Baltimore.