

ESTUDIOS DE ANTROPOLOGÍA BIOLÓGICA

VOLUMEN XII

*

Editores

Carlos Serrano Sánchez
Patricia Olga Hernández Espinoza
Francisco Ortiz Pedraza



 **CONACULTA • INAH** 



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO
INSTITUTO DE INVESTIGACIONES ANTROPOLÓGICAS
INSTITUTO NACIONAL DE ANTROPOLOGÍA E HISTORIA
ASOCIACIÓN MEXICANA DE ANTROPOLOGÍA BIOLÓGICA
MÉXICO 2005

Comité editorial

Marco Antonio Cardoso Gómez
Patricia Olga Hernández Espinoza
María Teresa Jaén
Sergio López Alonso
Francisco Ortiz Pedraza
Carlos Serrano Sánchez
Luis Alberto Vargas Guadarrama
José Luis Vera Cortés

Diseño de portada: Ada Ligia Torres Maldonado
Realización de portada: Nohemí Sánchez Sandoval

Todos los artículos fueron dictaminados

Primera edición: 2005

© 2005, Instituto de Investigaciones Antropológicas
Universidad Nacional Autónoma de México
Ciudad Universitaria, 04510, México, D.F.

© 2005, Instituto Nacional de Antropología e Historia
Córdoba 45, Col. Roma, 06700, México, D.F.
sub_fomento.cncpbs@inah.gob.mx

© 2005, Asociación Mexicana de Antropología Biológica

ISSN 1405-5066

D.R. Derechos reservados conforme a la ley
Impreso y hecho en México
Printed in Mexico

ANTROPOLOGÍA GENÉTICA

ESTUDIO DE LA ESTRUCTURA GENÉTICA DE UNA COMUNIDAD NAHUA DEL CENTRO DE VERACRUZ

Leonor Buentello Malo, Rosenda Peñaloza,*
Fabio Salamanca* y Waleska Sanabria**

Instituto de Investigaciones Antropológicas, UNAM

**Unidad de Investigación en Genética Humana, CMN, Siglo XXI, IMSS*

***Facultad de Filosofía y Letras, UNAM*

RESUMEN

En el marco del estudio de la diversidad bioantropológica de la región central de Veracruz, se analizaron marcadores genéticos bioquímicos y moleculares para establecer el grado de diversidad genética de la población nahua de Ixhuatlancillo y compararla con un grupo de población mestiza mexicana. El estudio se llevó a cabo mediante la distribución genotípica de los grupos sanguíneos ABO, RH y alélica de los genes: LDLR, GYPA, HBGG, D7S8, GC y DQ Alfa-I, fracción del antígeno linfocitario de histocompatibilidad (HLA). Los resultados indican que ambas poblaciones siguen manteniendo una frecuencia elevada de genes indígenas, pero los polimorfismos moleculares revelan importantes diferencias genotípicas entre las dos poblaciones y ponen de manifiesto que la de Ixhuatlancillo es más homogénea, por un menor número de heterocigotos en los genes GYPA, HBGG y D7S8, probablemente debido al apareamiento selectivo entre personas del mismo origen étnico. La población mestiza es más heterogénea por los distintos aportes genéticos que la conforman.

PALABRAS CLAVE: población nahua, población mestiza mexicana, marcadores genéticos bioquímicos y moleculares.

ABSTRACT

With the aim to establish the bianthropological diversity in the central region of the state of Veracruz, several biochemical and molecular genetic markers in the Ixhuatlancillo population were analyzed and compared with the findings obtained in a Mexican mestizo population. The genotypic distribution of the ABO and RH blood groups, and the allelic frequencies of LDLR, GYPA, HBGG, D7S8, GC y DQ Alfa-1 (HLA) genes were established in both populations. The results indicate a high frequency of indigenous genes in both populations, but important genotypic differences between the two populations were revealed by the molecular polymorphisms. The Ixhuatlancillo nahua population was more homogeneous and showed a lower number of heterozygote in GYPA, HBGG and D7S8 genes, probably due to a selective pairing within the same ethnic origin. The mestizo population is more heterogeneous because it has been conformed by several different genetic contributions.

KEY WORDS: nahua population, mexican mestizo population, blood groups, genetic and molecular polymorphisms.

INTRODUCCIÓN

La reconstrucción de la historia de las poblaciones humanas ha recibido recientemente el aporte de una amplia gama de disciplinas que contribuyen a analizarlas de acuerdo con las diferentes condiciones ambientales socio-culturales pasadas y presentes, que tienen que ser abordadas por especialistas tanto en ciencias biológicas como sociales.

En este acercamiento multidisciplinario, la genética está aportando los conocimientos para construir un marco de la variación de las características biológicas de las diferentes poblaciones al desarrollar métodos que permiten investigarlas con más precisión.

En el genotipo está contenida la información, la serie de instrucciones que se pasa de una generación a otra, por lo que no sólo transmite la información ontogénica, sino que además almacena la información, lo que permite conservar un registro de la historia evolutiva de la población humana (Cavalli Sforza *et al.* 1993).

El estudio de marcadores genéticos se ha utilizado ampliamente en genética de poblaciones, en localización de genes, determinación de paternidad, evolución molecular y en medicina legal y forense. El análisis se basa en la caracterización de regiones variables, o sea polimór-

ficas del material genético de cada individuo. Un marcador es un cambio en la secuencia del DNA de un gen que no implica necesariamente patología, tiene una frecuencia superior al uno por ciento en la población y marca una diferencia fenotípica reconocible mediante técnicas bioquímicas; puede haber dos o mas variantes en el mismo gen (alelos).

Como la frecuencia de estos marcadores varía en las distintas poblaciones, su estudio permite evaluar el contacto entre diferentes grupos humanos. El análisis estadístico de la distribución de distintos marcadores genéticos consiste en la representación de la frecuencia del número de diferencias encontradas entre todos los marcadores que puedan estudiarse. Así, mediante la distribución geográfica de los principales componentes de las frecuencias génicas se pueden detectar los gradientes debidos a la dispersión de las poblaciones.

El estudio de estos polimorfismos permite reconocer y localizar genes a lo largo de los cromosomas y determinar el grado de heterogeneidad genética presente en los diferentes grupos étnicos de la población, lo que resulta indispensable para identificar oportunamente con más precisión a los individuos susceptibles de presentar y transmitir enfermedades de origen genético; por lo que es de suma importancia conocer la frecuencia de las variantes de cada gen en los diferentes grupos que conforman nuestra población.

OBJETIVO

El propósito del presente estudio fue investigar la variabilidad genética en la población nahua de Ixhuatlancillo, Veracruz, mediante la frecuencia de marcadores eritrocíticos y la distribución genotípica de seis marcadores moleculares polimórficos. Este trabajo forma parte de uno más amplio que se inició hace varios años para contribuir a establecer la estructura genética de los diferentes grupos étnicos de México (Buentello *et al.* 1999, 2003; Salamanca *et al.* 1995), lo que nos permite comparar los resultados con los obtenidos en nahuas del estado de Guerrero y del Distrito Federal y en otras poblaciones de origen indígena, así como con la población mestiza mexicana. Esta investigación aporta información hasta ahora no conocida de una amplia región del estado de Veracruz.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se examinaron 40 adultos de la comunidad indígena y, para propósitos comparativos, se estudiaron 85 mestizos cuyos cuatro abuelos nacieron en diferentes zonas del país.

Criterios de selección: se incluyeron individuos autóctonos, voluntarios, no emparentados entre sí, de uno y otro sexo, aparentemente sanos, sin enfermedades genéticas conocidas y con orígenes geográfico-familiares, hasta la tercera generación en la misma región.

Consideraciones éticas: todos los voluntarios, participantes en este estudio, fueron informados del procedimiento y firmaron otorgando su consentimiento.

Para los estudios moleculares se extrajo el ADN de células mononucleares de sangre periférica siguiendo el método de Kempter (1992) modificado; la purificación del DNA se realizó mediante extracciones fenólicas, la integridad se determinó en geles de agarosa al 2% y se cuantificó la concentración del DNA mediante espectrofotometría.

El DNA obtenido fue amplificado usando el Amplitype PM. Los productos amplificados se hibridizaron en tiras de *nylon* que contienen las sondas de ADN y la unión específica con el ADN amplificado se observa mediante la conversión enzimática de un sustrato incoloro a un precipitado de color azul. Se realizó así la tipificación de los seis loci mediante “*reverse dot blot*” con oligonucleótidos alelo específicos (Perkin Elmer 1995).

Se estableció la distribución de los grupos sanguíneos ABO, Rh (C,-c,-D, -E, -e), y de las variantes de los genes amplificados por PCR que codifican para:

El receptor de lipoproteínas de baja densidad, LDLR (localizado en el cromosoma 19p13.-13.3).

Glicoforina-A, del grupo sanguíneo MN, GYPA (localizado en el cromosoma 4q28-31).

Cadena gama-globina de la hemoglobina HBGG (localizada en el cromosoma 11p15.5).

Marcador anónimo del cromosoma 7, D7S8 (localizado en el cromosoma 7q22-31.1).

Componente específico de grupo Gc (vitamina D) (localizado en el cromosoma 4q11-13).

DQ Alfa-1, fracción del antígeno linfocitario de histocompatibilidad (HLA) (localizado en el cromosoma 6p21.3). Se trata de genes polimórficos: tres genes tienen dos alelos, dos genes tienen tres alelos y el DQ alfa-1 tiene cuatro alelos.

Se calcularon las frecuencias génicas y alélicas de cada marcador codominante y las diferencias estadísticas con la prueba de X^2 que compara el número de fenotipos observados con los esperados para cada población. La posible divergencia del equilibrio de Hardy-Weinberg se calculó usando el programa estadístico GENEPOP (1992), que se basa en la determinación de los valores exactos de P mediante el método de Markov, con una simulación matemática para 1000 casos.

La distancia y la identidad genética se establecieron por el método de Nei (1978), modificado por el procedimiento de Phylip versión 3.5 basado en el método de agrupación UPGMA, que determina las relaciones genéticas entre las poblaciones. Para la comparación entre las dos poblaciones se utilizó la prueba estadística G (Sokal y Rohlf 1981), la cual mostró las ventajas de utilizarla en lugar de chi cuadrada para determinar la homogeneidad interpoblacional, también con una simulación matemática para 1000 casos.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La comunidad de Ixhuatlancillo se eligió pensando en una zona geográfica que, por sus antecedentes culturales e históricos, tiene una contribución de genes que conlleva distinto grado de mestizaje. Se localiza al oeste del centro del estado de Veracruz (18°53' norte, 97°9' oeste a 1420 msnm). El valle de Orizaba, desde la época prehispánica, ha sido punto de confluencia de numerosos grupos nahuas por ser la ruta que comunica el litoral del Golfo de México con el Altiplano. Al igual que el resto del país, sufrió cambios radicales en su organización social, política, económica y en sus referentes culturales debido al descenso demográfico y la reubicación constante de los pueblos durante la primera mitad del siglo XVI (García Márquez 1998).

La migración de la población no indígena de europeos, esclavos africanos y mestizos ha alterado el bagaje genético de la región. Estas modificaciones demográficas han sido continuas hasta la actualidad,

sólo en algunas zonas como Ixhuatlancillo se concentra la población que conserva una fuerte identidad étnica, aunque son pocos los actuales hablantes de la lengua nahua (9% en toda la región de Orizaba).

Cuenta en la actualidad con aproximadamente 10 000 habitantes, cuya principal actividad económica es el comercio y la agricultura (INEGI 2000).

La distribución de los marcadores estudiados en las dos poblaciones se muestra en los cuadros 1 y 2.

Cuadro 1

Frecuencias génicas de los marcadores eritrocíticos ABO, RH y haplotípicas de DQ ALFA-1			
		Ixhuatlancillo n = 40	Mestizos n = 85
Grupo ABO	O	0.8106	0.821
	A	0.137	0.13
	B	0.0524	0.049
Grupo RH	CDE	0.144	0.064
	CDe	0.478	0.482
	cDE	0.289	0.258
	cDe+cde	0.089	0.196
HLA-DQ ALFA-1	1.1, 1.2, 1.3	0.0625	0.100
	2	0.0125	0.00
	3	0.525	0.295
	4.1, 4.2-4.3	0.4	0.605

En el análisis de la variación de los grupos sanguíneos encontramos una alta frecuencia del O en ambas poblaciones; como se sabe, las poblaciones indígenas originales muestran una frecuencia muy elevada del grupo O. Las frecuencias de los grupos sanguíneos A y B están dentro del rango descrito para las poblaciones amerindias (Buentello *et al.* 1999; Peñaloza y Lisker 1993).

El haplotipo CDE del sistema RH tiene una mayor frecuencia en esta comunidad indígena estudiada (0.114) que en la mestiza (0.064), siendo esta última similar a la de los grupos hispanos (0.045); mientras que cDe y especialmente cde, que es un marcador de población

africana, muestran una frecuencia menor en Ixhuatlancillo (0.089) pero significativamente menor que en la población mestiza.

Los cromosomas más frecuentes en la población mexicana general son el CDe y el cDE (Lisker 1981; Lisker *et al.* 1986). Sin embargo, el cromosoma CDE, que es el menos frecuente en otros grupos humanos, tiene una frecuencia elevada entre purépechas, mixtecas, zapotecos y mixes de Guelatao, así como entre los nahuas de Ixhuatlancillo. Esta alta incidencia sólo se ha reportado en quechuas de Perú (0.219) (Best *et al.* 1962), y en los papares y macushi de Venezuela (0.120 y 0.118 respectivamente) (Layrisse *et al.* 1955); por lo cual puede interpretarse como un marcador limitado a los grupos indígenas de América.

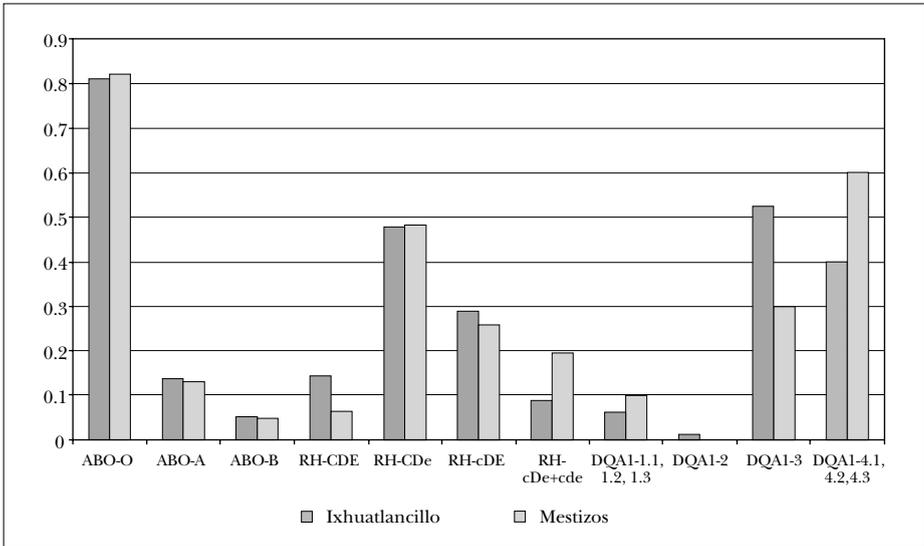
Entre los cuatro alelos de HLA DQ-alfa1 también el haplotipo 3 fue el más frecuente en Ixhuatlancillo, alelo prevalente en poblaciones indígenas del país, lo que concuerda con los estudios fenotípicos, lingüísticos y socioculturales de la región (gráfica 1).

Cuadro 2

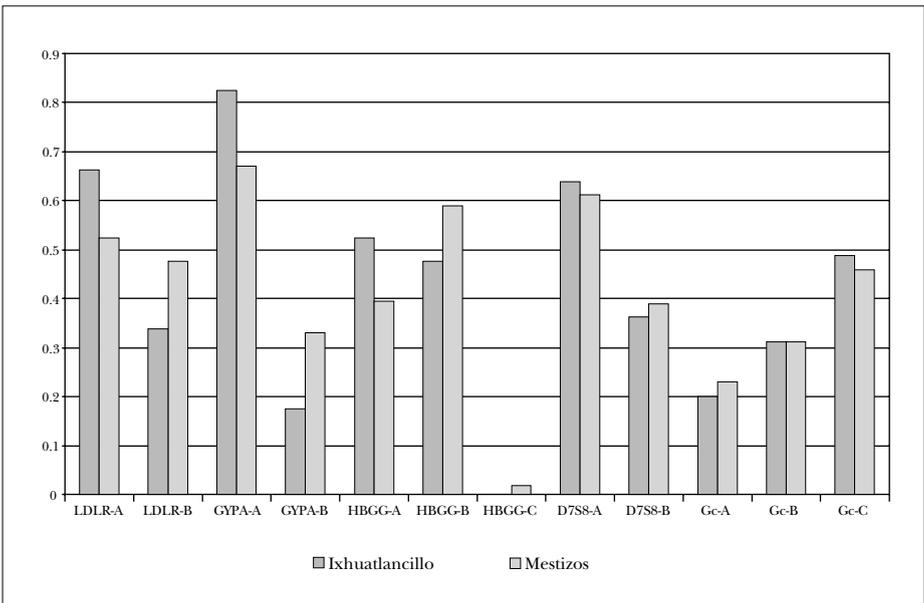
Frecuencias alélicas de LDLR, GYP A, HBGG, D7S8, Gc					
Locus	Alelo	Ixhuatlancillo	Mestizos	X ²	p =
		n = 40	n = 85		
LDLR	A	0.6625	0.5235	6.246	0.181
	B	0.3375	0.4765		
GYP A	A	0.825	0.6706	5.240	0.264
	B	0.175	0.3294		
HBGG	A	0.525	0.3941	13.750	0.008 *
	B	0.475	0.5882		
	C	0	0.0177		
D7S8	A	0.6375	0.6118	2.382	0.666
	B	0.3625	0.3882		
Gc	A	0.2	0.2294	30.351	0.501
	B	0.3125	0.3118		
	C	0.4875	0.4588		

* Diferencia significativa.

El cuadro 2 muestra que las frecuencias alélicas diferentes entre la población indígena y la mestiza corresponden al alelo A de los genes LDLR, HBGG y especialmente GYP A, más frecuentes en Ixhuatlancillo (0.825). Llama la atención que las diferencias más significativas entre las dos poblaciones estudiadas se encuentran en los alelos de HBGG (gráfica 2).



Gráfica 1. Frecuencia génica de los grupos ABO, RH y haplotípica de HLA-DQALFA-1.



Gráfica 2. Frecuencia alélica de cinco marcadores moleculares polifórmicos.

Cuadro 3

Distribución de las frecuencias observadas y esperadas. (Equilibrio de Hardy-Weinberg)														
Población Ixhuatlancillo n=80							Mestizos n=170							
LOCI	Homocigotos		Heterocigotos		p =	DE	Homocigotos		Heterocigotos		p =	DE	Probabilidad X ²	
	O	E	O	E			O	E	O	E				
LDLR	17	21.89	23	18.11	0.155	0.002	48	42.34	37	42.66	0.285	0.005	6.246	0.181
GYPA	30	28.30	10	11.69	0.323	0.003	53	47.22	32	37.77	0.225	0.004	5.240	0.264
HBGG	24	19.79	16	20.20	0.217	0.003	38	42.39	47	42.61	0.005*	0.001	13.750	0.008*
D7S8	25	21.28	15	18.72	0.304	0.003	45	44.38	40	40.61	1.0	0	2.382	0.666
GC	13	14.69	27	25.30	0.355	0.005	36	30.31	49	54.69	0.528	0.006	30.351	0.501

p=0.05 *significativa. O= observado E=esperado. DE= desviación estandar

Prueba de Fisher para las dos poblaciones y los cinco loci: X²=30.97. Prob.= 0.029.

Los resultados del cuadro 3 demuestran que en ambas poblaciones todos los alelos son polimórficos y que las poblaciones se encuentran en equilibrio de acuerdo con la ley de Hardy-Weinberg, excepto para HBGG ($p = 0.005$), debido a que en la población de Ixhuatlancillo no se encontró ningún caso con el alelo C. Esta misma frecuencia significativa la reportamos para las poblaciones de origen nahua tanto de Chilacachapa y Zitlala en Guerrero como en Xochimilco y Milpa Alta (0.0-0.023). Observamos también elevada frecuencia para el alelo A del gen GYPA en los nahuas de Guerrero (0.9625-0.6176). LDLR y D7S8 fueron similares en todas las poblaciones de origen nahua estudiadas (Buentello *et al.* 2003; 2003a).

A pesar de que entre las frecuencias observadas y esperadas no son estadísticamente significativas, existe un menor número de heterocigotos en tres loci de la población nahua (GYPA, HBGG y D7S8), lo que indica una mayor homogeneidad en esta población. En el caso de la población mestiza, el único locus que tiene un exceso de heterocigotos fue HBGG, lo que implica que los apareamientos con poblaciones que tienen una diferente carga genética ha sido mayor en la población mestiza que en la de Ixhuatlancillo, como era de esperarse.

Cuadro 4

Diferenciación genotípica entre las dos poblaciones				
Locus	Total 250 casos	G stad	Valor de p	Desv.Estándar
LDLR	IXHU/MEST	9.218	0.009**	0.003
GYPA	IXHU/MEST	5.938	0.053*	0.007
HBGG	IXHU/MEST	117.6	0.0**	0.0
D7S8	IXHU/MEST	1.023	0.587	0.015
Gc	IXHU/MEST	4.89	0.478	0.015

*p= 0.05 **p<0.05

En el cuadro 4 se hace evidente, mediante la prueba de homogeneidad que establece la comparación pareada entre ambas poblaciones, que los alelos más informativos para establecer la diferenciación genética fueron LDLR ($p=0.009$) y GYPA ($p=0.053$), y el marcador con la mayor diferencia es el HBGG ($p=0.0$). En cambio, no hay diferencia significativa estadísticamente para los genes GC y D7S8. El único sistema que no presenta diferencias, aun cuando se compara con los resultados reportados para varias poblaciones estudiadas en Estados Unidos de Norteamérica (Budowle *et al.* 1995; Jankoski *et al.* 1998), es el marcador D7S8, cuyas frecuencias para el alelo A son similares (0.614 a 0.628) en afroamericanos e hispanos del suroeste, lo cual sugiere que este gene no ha tenido variaciones significativas entre las diferentes poblaciones estudiadas.

A partir de los datos obtenidos se analizó la similitud entre las dos poblaciones estudiadas mediante el cálculo de la distancia y la identidad genéticas entre ellas (Nei 1978). La distancia genética fue de 1.83%, lo que implica que la identidad genética sea de 98.17%. Si consideramos que Cavalli Sforza *et al.* 1993, en el estudio realizado en varias poblaciones de América, encuentran que la distancia es solamente de 0.0038, la distancia genética que hallamos entre el grupo nahua de Veracruz y los mestizos mexicanos (0.0183) resulta ser significativa.

Comparamos también la distribución de estos mismos marcadores obtenida en poblaciones hispanas y afro-americanas de Estados Unidos de Norteamérica (Budowle *et al.* 1995; Jankowski *et al.* 1998). Como era de esperarse, el grupo de mestizos tiene frecuencias semejantes a los hispanos en todos los marcadores estudiados.

Sin embargo, las frecuencias en el grupo nahua de Ixhuatlancillo están muy alejadas de las reportadas en los afro-americanos, a pesar

de que históricamente hubo durante la época colonial población esclava de origen africano (García Márquez 1998). En general, se encuentra mayor número de homocigotos que los esperados, lo que puede deberse a endogamia o apareamientos selectivos, como fue revelado por las encuestas realizadas para el presente estudio, en las cuales se estableció que los casamientos se realizan de preferencia entre las mismas poblaciones indígenas siguiendo los patrones de reproducción determinados por normas culturales, en un intento por mantener su identidad como grupo poblacional.

Si bien los marcadores genéticos tradicionales permiten demostrar un importante componente amerindio en la población actual del país, los polimorfismos moleculares establecen de manera más clara y definitiva los diferentes aportes que han tenido a lo largo de la historia los distintos grupos que conforman la población nacional.

Estudios como el presente contribuyen a identificar marcadores de susceptibilidad que son necesarios para el establecimiento de programas preventivos de salud en el país.

En conclusión, los resultados que obtuvimos con los marcadores eritrocitarios indican que ambas poblaciones siguen manteniendo una alta prevalencia de genes indígenas, pero los polimorfismos moleculares más informativos revelan importantes diferencias genotípicas entre las dos poblaciones y ponen de manifiesto que la de Ixhuatlancillo tuvo menor mezcla interétnica con la africana que poblaciones cercanas del estado de Veracruz, probablemente derivado de sus costumbres de apareamiento entre pobladores del mismo origen étnico.

REFERENCIAS

- BESTS W., M. LAYRISSE Y R. BERMEJO
1962 Blood group antigens in aymara and quechua speaking tribes from near Puno, Peru, *American journal of physical anthropology* 20:321.
- BUENTELLO M. L., P. GARCÍA SÁNCHEZ, F. SALAMANCA Y R. PEÑALOZA
1999 Blood groups and red cell acid phosphatase types in a mixteca population migrated to Mexico City, *American journal of human biology*, 11-4:525-530.

- BUENTELLO M. L., R. PEÑALOZA, F. LOAEZA, F. SALAMANCA Y R. CERDA
 2003 Genetic structure of seven indigenous populations of Mexico base on five polymarker loci, *American journal of human biology* 15:23-28.
- BUENTELLO M. L., L. VEGA, R. PEÑALOZA Y F. SALAMANCA
 2003a Estudio de marcadores genéticos en poblaciones de origen nahua, *Estudios de antropología biológica*, XI: 21-28.
- BUDOWLE B., J.A. LINDSEY, J.A. DECOUY, B.W. KOONS, A.M. GIUSTI Y C.T. COMEY
 1995 Validation and population studies of the loci LDLR, GYPA, HBGG, D7S8 AND GC (PM loci) and HLA-DQalfa using a multiplex amplification and typing procedure, *Journal of forensic sciences* 40: 45-50.
- CAVALLI-SFORZA L., P. MENOZZI Y A. PIAZZA
 1993 *The history and geography of human genes*, Princeton University Press, New Jersey. EU.
- FERNÁNDEZ P. Y E. SERRANO
La población indígena de México en los recuentos censales de 1990 y 1995 (CONAPO/DAF-INAH), México, D.F.
- GARCÍA MÁRQUEZ, A.
 1998 Ahuilizapan y las guerras aztecas en el centro de Veracruz, *Contribuciones a la historia prehispánica de la región Orizaba y Córdoba*, Carlos Serrano (ed.), UNAM, Instituto de Investigaciones Antropológicas, México: 19.
- GENEPOP
 Garnier-Gere y P., C. Dillmann. J. *Heredity* 56: 409-415
 1992 <http://wbiomed.curtin.edu.au/genepop>
- INSTITUTO NACIONAL DE ESTADÍSTICA, GEOGRAFÍA E INFORMÁTICA. INEGI XI Y XII
 2000 Censos Generales de Población y Vivienda, México, <http://www.INEGI.gob.mx>
- JANKOWSKI L. B., B. BUDOWLE, N. T. SWEC, J. A. PINO, S. FRECK T., H. W. COREY, R. SCHWARZ, E. LA RUE, W. ROCHIN, C. J. KEARNEY Y M. L. TARVER.
 1998 New Jersey Caucasian, African American, and Hispanic Population Data on the PCR-Based Loci HLA-DQA1, LDLR, GYPA, HBGG, D7S8, and Gc. *American Journal of Forensic Science* 43 (5) 1037-1040.

KEMPTER B.

- 1992 Quick preparation of high molecular weight DNA by freezing, *TIG*: 8; 7-8.

LAYRISSE M., T. ARENDS Y R. SISCO

- 1955 Nuevo grupo sanguíneo encontrado en descendientes de indios, *Acta médica venezolana* 3:132.

LISKER RUBÉN

- 1981 *Estructura genética de la población Mexicana. Aspectos genéticos y antropológicos*, Ediciones Salvat, México.

LISKER R., R. PÉREZ, J. GRANADOS, V. BABINSKY, J. DE RUBENS, S. ARMENDARES Y L. BUENTELLO

- 1986 Gene frequencies and admixture estimates in Mexico City population, *American journal of physical anthropology* 71:203.

NEI, M.

- 1978 Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals, *Genetics* 89:583-590.

PEÑALOZA, R. Y R. LISKER

- 1993 Polimorfismos genéticos, importancia antropológica y biomédica, *Genética clínica*, 2a ed. Manual Moderno Eds. 188-206.

PERKIN, ELMER

- 1995 *Amplitype PM PCR amplification and Typing Kit User Guide*, Roche Molecular Systems, Inc., Branchburg, New Jersey, USA: 5.

SALAMANCA F., R. CORAL, R. PEÑALOZA, D. ARENAS, M. GONZÁLEZ, C. BARRIENTOS Y L. BUENTELLO

- 1995 Molecular studies of Mendelian disorders, embryonic neoplasias and polymorphisms in selected samples of the general population. A contribution to the genetic characterization of the Mexican population, *Archives of medical research* 26: S69-S75.

SOKAL, R. R. Y F. J. ROHLF

- 1981 *Biometry*, 2nd. Edition, W.H. Freeman and Company, San Francisco, EU.

