

COANCESTRÍA DE APELLIDOS Y LINAJES DEL CROMOSOMA Y EN EL NOROESTE DE COLOMBIA:

*una herramienta útil para establecer migración
entre poblaciones*

WINSTON ROJAS^A (winstonrojas@yahoo.com),

OMER CAMPO^A, JENNY GARCÍA^B, IVÁN SOTO^A, CONSTANZA DUQUE^A,

GABRIEL BEDOYA^A, ANDRÉS RUIZ-LINARES^{A,C}

Resumen

Por medio del análisis de marcadores genéticos del cromosoma Y, se estudió la composición de los linajes y su distribución en los apellidos más comunes en una muestra de 471 hombres provenientes del municipio de Marinilla (Antioquia) y su zona de influencia y del municipio de Aranzazu (Caldas), y en un grupo de muestras de la población general de Medellín. Además de encontrar una tasa variable de coancestría entre apellidos y linajes del cromosoma Y, también se detectó una gran similitud en el patrón de distribución de haplogrupos/haplotipos/apellidos entre Marinilla y su zona de influencia y Aranzazu, hallazgo que refuerza la idea de la migración histórica entre estas dos regiones. Esta similitud indicaría además que en las dos poblaciones pueden circular variantes genéticas comunes vinculadas a enfermedades humanas.

PALABRAS CLAVE: apellidos, cromosoma Y, paternidad.

SURNAMES AND Y CHROMOSOME COANCESTRY IN NORTHWEST COLOMBIA: A USEFUL TOOL TO ESTABLISH MIGRATION BETWEEN POPULATIONS

Abstract

Using Y chromosome genetic markers we studied the lineage composition and distribution in the most common surnames in 471 males from the municipality of Marinilla and its zone of influence, the municipality of Aranzazu (department of Caldas) and a group of samples from the general population of Medellín (Antioquia). Despite a variable rate of coancestry between surnames and Y-chromosome markers, we found a high similarity in the pattern of distribution of haplogroups/haplotypes/surnames between Marinilla and its zone of influence and Aranzazu, reinforcing the historical migration between these two regions. This similarity would indicate that in both populations may be circulating common genetic variants linked to human diseases.

KEYWORDS: surnames, Y chromosome, paternity.

A Laboratorio de Genética Molecular, Instituto de Biología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia.

B Laboratorio de Psiquiatría, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia.

C Department of Genetics, Evolution and Environment, University College London, Londres, Reino Unido.

INTRODUCCIÓN

Entre los movimientos de expansión territorial que hubo en Antioquia desde el periodo colonial, un acontecimiento importante fue el establecimiento de poblaciones de pequeños agricultores en el altiplano de la región oriental cercana a Medellín (capital de Antioquia), que llevó desde el año 1750 a la fundación de los municipios de Rionegro y Marinilla (Parsons 1968; Zapata-Cuéncar 1941). Posteriormente, los habitantes de Marinilla influyeron en la fundación de otros municipios como El Santuario, El Peñol, Carmen de Viboral, Granada, Cocorná y Guatapé (Parsons 1968), y se constituyó así el área de Marinilla y su zona de influencia (MZI) (Bedoya, García et ál. 2006; Soto 2003). En 1787 otro movimiento de expansión, denominado *colonización antioqueña*, se inició desde Antioquia, incluida la MZI, hacia la región centro-oeste de Colombia. Esta migración estableció nuevos asentamientos en la región hoy conocida como Eje Cafetero, que abarca los departamentos de Caldas, Risaralda, Quindío, Tolima y Valle del Cauca (Álvarez 1996). Los habitantes de Antioquia, incluida la MZI, participaron en la fundación de varios centros urbanos en Caldas, por ejemplo de su capital Manizales y de los municipios de Aguadas, Salamina, Salento, Chinchiná y Aranzazu. Estudios previos que comparan los censos de 1824 en Aranzazu y de 1851 en Marinilla informaron que ambas poblaciones compartían diez de sus apellidos principales, lo que sugiere que las familias de Marinilla contribuyeron a la fundación de Aranzazu (Arango-Mejía 1993). Cabe destacar que los actuales habitantes de estas poblaciones comparten aproximadamente el 46% de sus apellidos (Bedoya, Montoya et ál. 2006). Estudios anteriores sobre la MZI indican que su diversidad genética y de apellidos es compatible con un escaso número de hombres fundadores (Bedoya, García et ál. 2006; Bedoya, Montoya et ál. 2006; Soto 2003).

La transmisión patrilineal del primer apellido, en muchas poblaciones, simula la transmisión de un alelo neutral a través de la región no recombinante del cromosoma Y (King y Jobling 2009a). Se espera que los hombres que comparten el primer apellido compartan también el linaje del cromosoma Y, y por ello el análisis de los apellidos puede ser una herramienta útil para examinar la composición poblacional, el flujo genético y

la endogamia (Bowden et ál. 2008; Jobling 2001; King y Jobling 2009a, 2009b; Piazza et ál. 1987; Zei et ál. 2003). Sin embargo, es posible que una fracción de los apellidos compartidos no se correlacione con la ascendencia genética del cromosoma Y, por ejemplo, un apellido puede tener múltiples orígenes genéticos o un linaje genético puede contener varios apellidos. Además, la adopción y la infidelidad pueden alterar las correlaciones esperadas entre ambos marcadores (Bowden et ál. 2008; Jobling 2001).

En este estudio se analizó el patrón de distribución de los linajes del cromosoma Y en el primer apellido de personas con ancestros originarios de la MZI y Aranzazu, y se comparó este patrón con el de una muestra general de Antioquia. A pesar de encontrar un grado variable de paternidad, medido como las correlaciones entre linajes genéticos y apellidos, cuando las muestras fueron estratificadas por apellido se encontró una fuerte correlación en la composición y la distribución de haplogrupos/haplotipos del cromosoma Y en los apellidos de ambas poblaciones, hallazgo que apoya la idea de la migración histórica entre la MZI y Aranzazu.

MATERIALES Y MÉTODOS

Muestras

En total se incluyeron muestras de ADN de 497 personas voluntarias mayores de 18 años, agrupadas de acuerdo con su origen en Marinilla y su zona de influencia (MZI), Antioquia (personas de otros municipios de Antioquia excepto la MZI) y Aranzazu (departamento de Caldas). Varias muestras incluidas se analizaron en estudios previos (Bedoya, García et ál. 2006; Bedoya, Montoya et ál. 2006; Carvajal-Carmona et ál. 2000; Rojas et ál. 2010). La muestra de la MZI incluye individuos provenientes de Marinilla, El Peñol, Santuario, Cocorná, Carmen de Viboral, Granada y Guatapé. Las muestras de la MZI y de Aranzazu fueron colectadas en un anterior estudio epidemiológico sobre el síndrome bipolar. En la figura 1 se observa la ubicación aproximada del origen de las muestras. Marinilla y Medellín están distanciados por 28 km; Marinilla y Aranzazu por 102 km y Medellín y Aranzazu por 108 km. Una entrevista genealógica estándar se utilizó para confirmar que los individuos de la muestra no estuvieran relacionados

consanguíneamente (por lo menos hasta tres generaciones) y que por lo menos cuatro de ocho ancestros fueran de origen local. Todos los individuos incluidos en este estudio firmaron un consentimiento informado y la aprobación ética fue proporcionada por el Comité de Ética de la Universidad de Antioquia.



FIGURA 1. LOCALIZACIÓN APROXIMADA DE POBLACIONES

Fuente: Elaboración propia.

Análisis de apellidos

En los tres grupos se analizó el primer apellido de 497 hombres y en cada grupo se estimó la diversidad de apellidos como el número de apellidos en la muestra total. Además se obtuvo el estimador alfa de Fisher, descrito en Barraí et ál. (2001), el cual representa el número efectivo de apellidos y es definido como:

$$\alpha = 1/I_{ii} \text{ [donde } I_{ii} = \sum_{ik} (nik_{-1})/N_i(N_{i-1})]$$

donde n_{ik} es la frecuencia absoluta del apellido k en la muestra i , con un tamaño N . Un valor pequeño de α indicaría un alto nivel de consanguinidad y baja inmigración, mientras que un valor alto sugeriría un bajo nivel de consanguinidad y una alta inmigración (Barrai et ál. 2001). La distancia euclidiana entre grupos se estimó como:

$$E = \sqrt{1 - \sum_k \sqrt{p_{ki} p_{kj}}}$$

donde p_{ki} y p_{kj} son las frecuencias relativas del apellido k en las muestras i y j , respectivamente (Cavalli-Sforza y Edwards 1967). La distancia euclidiana es la unidad cuando dos grupos no comparten apellidos.

Análisis del cromosoma Y

Las muestras de ADN fueron extraídas por procedimientos de laboratorio de rutina, que fueron descritos previamente (Bedoya, García et ál. 2006; Carvajal-Carmona et ál. 2000). Para definir los linajes paternos mayores del cromosoma Y (haplogrupos), se emplearon ocho marcadores genéticos binarios (de evolución lenta) en ensayos de reacción en cadena de la polimerasa combinados con polimorfismos en la longitud de fragmentos de restricción, utilizando la actual nomenclatura del cromosoma Y (Karafet et ál. 2008). Estos marcadores se han definido jerárquicamente y permiten la identificación de los principales linajes en poblaciones continentales europeas, africanas y nativas americanas. El estado derivado en el marcador YAP sumado al estado derivado M2 definen el haplogrupo E1b1a, y sumado al estado ancestral M2 definen el haplogrupo DE*(xE1b1a); el estado ancestral en M9 define el haplogrupo F*, y sumado al estado ancestral en 92R7 define K*(xP); o sumado al estado derivado en 12f2a define el haplogrupo J; el estado derivado 92R7 y el ancestral en M167 definen el haplogrupo P*(xQ); el estado derivado M167 define R1b1b2d; el derivado en M242 define el haplogrupo Q*(xQ1a3a), y sumado al estado derivado en M3 define Q1a3a.

Los linajes indicados con un asterisco (paragrupos) son potencialmente parafiléticos. Ambos haplogrupos Q son los principales linajes presentes en grupos nativos americanos. El

linaje E1b1a incluye los haplogrupos más frecuentes en África y se considera como la contribución africana paterna; el linaje J tiene una frecuencia alta en las poblaciones del este y centro del Mediterráneo (Di Giacomo et ál. 2004). Los restantes haplogrupos tienen una alta frecuencia en poblaciones europeas (aunque algunos de ellos se han observado en el este de Asia, Oceanía, Indonesia y Australia). La mayoría de los linajes de Europa occidental pueden ser asignados al haplogrupo P*(xQ); el haplogrupo R1b1b2d tiene sus más altas frecuencias en poblaciones vascas y catalanas (Flores et ál. 2004).

Además de los linajes mayores se tipificaron seis marcadores genéticos microsatélites de la región no recombinante del cromosoma Y, que consisten en polimorfismos de repeticiones cortas (DYS19, DYS388, DYS390, DYS391, DYS392 y DYS393); estos marcadores fueron útiles para evaluar la diversidad y composición de los haplogrupos del cromosoma Y, como se describió previamente (Bedoya, García et ál. 2006; Thomas, Bradman y Flinn 1999). En cada muestra se estimó la composición y frecuencia de haplotipos microsatélites (tabla suplementaria 1). La diversidad genética de los haplogrupos y haplotipos del cromosoma Y en cada grupo se obtuvo mediante el uso del programa Arlequin versión 3.1 (<http://cmpg.unibe.ch/software/arlequin3>) de Excoffier, Laval y Schneider (2005).

El mismo apellido en dos haplotipos que difieren en solo un paso mutacional podría reflejar un origen ancestral común, con divergencia debido a una mutación reciente (Bedoya, García et ál. 2006); en consecuencia, se definió la tasa de paternidad (T_P) dentro de cada apellido como la frecuencia del haplotipo modal más aquellos haplotipos que difieren a un paso mutacional, todos ellos asignados al mismo haplogrupo. La tasa de no paternidad se estimó como $T_{NP} = T_P - 1$. La distribución de los apellidos en los haplotipos de cada haplogrupo se obtuvo a través de redes, usando el programa Network v. 2.0 (<http://fluxus-engineering.com>) de Bandelt, Forster y Rohl (1999).

RESULTADOS

Apellidos

En un total de 497 hombres se encontró un total de 115 apellidos diferentes, 16 de los cuales (con una frecuencia de 38,6%) se observaron simultáneamente en los tres grupos. Cada grupo tiene apellidos no presentes en ningún otro (tabla 1 y tabla suplementaria 2). En el grupo de Antioquia se encontró la mayor diversidad de apellidos. Los grupos de la MZI y Aranzazu compartieron 35 apellidos (78,9 y 70% respectivamente), mientras que la MZI y Antioquia compartieron 26 (42,7% y 60,7, respectivamente) y Aranzazu y Antioquia compartieron 21 (49,5 y 50,8% respectivamente) (tabla 1). Los apellidos más frecuentes en la muestra total y en cada sitio, además del estimativo α , se presentan en la tabla 1 y en la tabla suplementaria 2. Los 15 apellidos más frecuentes sumaron 63,8%, 54,8% y 47,6% en la MZI, Aranzazu y Antioquia, respectivamente. De estos apellidos de alta frecuencia la MZI y Aranzazu comparten ocho, la MZI y Antioquia comparten seis y Aranzazu y Antioquia comparten siete. Entre la MZI y Aranzazu se encontró la menor distancia euclidiana (0,57), mientras que la MZI y Antioquia, y Aranzazu y Antioquia, tuvieron distancias similares (0,73 y 0,72, respectivamente).

TABLA 1. FRECUENCIA DE LOS QUINCE APELLIDOS MÁS COMUNES Y PARÁMETROS ESTÁNDAR

Apellido	Frecuencia			
	Todos	MZI	Aranzazu	Antioquia
	n=497	n = 246	n = 190	n = 61
# Apellidos	115	71	64	47
Diversidad (# apellidos/n)	0,23	0,29	0,34	0,77
# Apellidos únicos (%)		26 (14,2)	40 (21,1)	17 (27,9)
Giraldo	0,09	0,13	0,068	
Gómez	0,074	0,094	0,053	0,066
Ramírez	0,046	0,069	0,021	0,033
García	0,038	0,029	0,047	0,049
Zuluaga	0,034	0,041	0,037	

Salazar	0,032	0,008	0,063	0,033
Alzate	0,032	0,049	0,021	
Duque	0,03	0,053	0,011	
López	0,028	0,029	0,032	0,016
Quintero	0,024	0,024	0,032	
González	0,022	0,02	0,026	0,016
Castaño	0,022	0,02	0,021	0,033
Botero	0,02	0,012	0,032	0,016
Cardona	0,016	0,004	0,032	0,016
Jiménez	0,016	0,02	0,011	0,016
Serna	0,016	0,024	0,011	
Mejía	0,014	0,02	0,005	0,016
Cuartas	0,008	0,016		
Noreña	0,012		0,032	
Marín	0,014	0,004	0,026	0,016
Martínez	0,014	0,004	0,026	0,016
Arias	0,01		0,021	0,016
Escobar	0,004			0,033
Londoño	0,008		0,011	0,033
Montoya	0,012	0,016		0,033
Ospina	0,008	0,008		0,033
Pulgarín	0,004			0,033
Soto	0,014	0,012	0,011	0,033
Otros	0,338	0,294	0,35	0,444
α	38	24	43	102

Nota: La frecuencia de los apellidos más recurrentes en cada grupo está sombreada.

Fuente: Elaboración propia.

Cromosoma Y

Las frecuencias de nueve haplogrupos del cromosoma Y son muy similares en las tres muestras (tabla suplementaria 1). En promedio, las frecuencias de los linajes Q nativos americanos y del linaje E1b1a africano fueron muy bajas; dentro de los linajes europeos (aproximadamente el 96% del total), el haplogrupo P*(xR1b1b2d) fue el más frecuente, seguido de los haplogrupos J y K*(xP).

Dentro de los 9 haplogrupos del cromosoma Y se encontraron 120 haplotipos microsátelites (tabla suplementaria 1), de los cuales 74 se encontraron en la MZI, 53 en Aranzazu y 38 en Antioquia. Setenta haplotipos se encontraron una sola vez y 40 fueron compartidos por todas las muestras (54,7%): 27 haplotipos fueron compartidos entre la MZI y Aranzazu (75,2 y 74,7%, respectivamente), 17 entre la MZI y Antioquia (60,2 y 64%, respectivamente) y 14 entre Aranzazu y Antioquia (50 y 59,1%, respectivamente). El haplotipo/haplogrupo más frecuente (haplotipo 1-P*(xQ), cuya composición de alelos microsátelites es 14-12-24-11-13-13) en la muestra total alcanzó una frecuencia de 25,8%; se encontró en la MZI (30,1%), Aranzazu (22,1%) y Antioquia (19,7%). El segundo haplotipo/haplogrupo más frecuente (haplotipo 2, 11,3%) estuvo presente en los haplogrupos P*(xQ) y R1b1b2d. La diversidad en la composición de haplogrupos, así como la diversidad de haplotipos, es mayor en el grupo de Antioquia.

Coancestría entre apellidos y cromosoma Y

Algunos individuos con apellidos diferentes portaron el mismo haplotipo (tabla 2, figura 2); además, muchos haplotipos no relacionados fueron vinculados a un apellido (tabla 3, tabla suplementaria 1). Cuando se asumió un modelo mutacional por pasos (Kimura y Ohta 1978), la correlación entre haplotipos/haplogrupos/apellidos (expresada como la tasa de paternidad) fue menor en Antioquia, seguida por la MZI (tabla 3). Sin embargo, esta correlación fue variable entre los apellidos más frecuentes. Por ejemplo, en 45 individuos que portaban el apellido Giraldo, 34 portaban dos haplotipos estrechamente relacionados (haplotipos 1-P*(xQ) y 2-P*(xQ); tasa de paternidad ~76%). Dentro de los apellidos Duque, Ramírez, Castaño, Gómez y Botero la tasa

de paternidad fue más alta (> 80%), mientras que fue muy baja en Quintero (33,3%), Cardona (50%), Alzate (56,3%) y García (55,8%). El haplotipo 1-P* (xQ) está presente en 11 de los 15 apellidos más frecuentes y se encontró de forma simultánea en todas las muestras que portaban el apellido Gómez; sin embargo, en la MZI y Aranzazu este haplotipo fue compartido como haplotipo de paternidad dentro de los apellidos Giraldo, Ramírez, Alzate, Quintero, González y Castaño, así como haplotipo compartido de no paternidad en los apellidos Zuluaga, Salazar y Botero.

TABLA 2. FRECUENCIA DE LOS HAPLOGRUPOS MAYORES DEL CROMOSOMA Y

Haplogrupo		Población			
		Muestra total	MZI	Aranzazu	Antioquia
Europeo	P*(xR1b1b2d)	0,5	0,58	0,46	0,45
	R1b1b2d	0,04	0,05	0,01	0,05
	K*(xP)	0,12	0,07	0,13	0,17
	F*(xK)	0,08	0,09	0,09	0,06
	J	0,13	0,1	0,13	0,16
	DE*(xE1b1a)	0,09	0,08	0,14	0,06
Nativo americano	Q*(xQ1a3a)	0,00	0,00	0,01	0,00
	Q1a3a	0,01	0,01	0,01	0,02
Africano	E1b1a	0,02	0,02	0,02	0,03
H ¹		0,70+/-0,02	0,63+/-0,03	0,73+/-0,03	0,75+/-0,04

¹ La diversidad H fue calculada como $n/n-1(1-\sum p_i^2)$, donde n es el número de copias génicas en la muestra y pi es la frecuencia del haplogrupo i en la muestra.

Fuente: Elaboración propia.

Al analizar los 15 apellidos más frecuentes, los siguientes haplotipos/haplogrupos nucleares son evidentes: haplotipo 1-P (xQ) con los apellidos Giraldo, Gómez, Ramírez, Alzate, González y Castaño; haplotipo 3 DE*(xE1b1a) con García; haplotipo 4-F* (xK) con Zuluaga; haplotipo 8-K*(XP) con Salazar; haplotipo 2-R1b1b2d con Duque; haplotipo 7-K*(XP) con López; haplotipo 15-P*(xQ) con Jiménez; haplotipo 10-J con Botero y el haplotipo 11-J con Cardona (tabla 3). Cuando se consideran los apellidos menos frecuentes

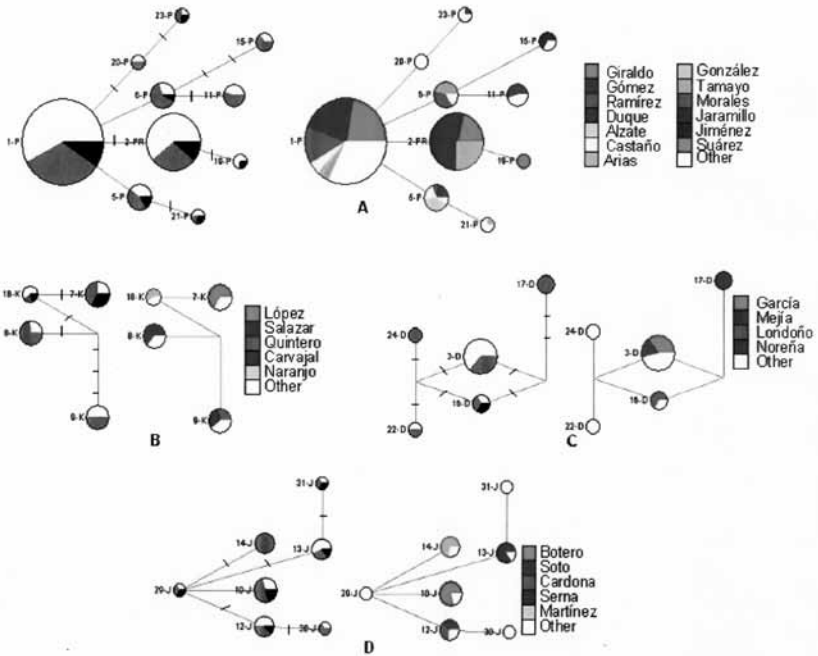


FIGURA 2. RED *MEDIAN JOINING* DE LOS HAPLOTIPOS EUROPEOS EN LAS MUESTRAS Y APELLIDOS PRESENTES EN LOS HAPLOTIPOS

Nota: El código del haplotipo es el consignado en la tabla 2. Los círculos representan haplotipos y el área de cada círculo representa su frecuencia. Los guiones que conectan a cada círculo representan el número de pasos mutacionales entre haplotipos. Solo se muestran los haplotipos encontrados en más de tres individuos. Blanco = MZI, gris = Aranzazu, negro = Antioquia. A: haplotipos del haplogrupo P*(xQ) y R1b1b2d (P y R); B: haplotipos del haplogrupo K*(xP); C: haplotipos del haplogrupo DE*(xE1b1a); y D: haplotipos del haplogrupo J. El haplogrupo F*(xK) no se muestra debido a que muchos cromosomas Y son agrupados en un único haplotipo (haplotipo 4).

Fuente: Elaboración propia.

(datos no mostrados), se observan las siguientes correlaciones, todas ellas compartidas entre la MZI y Aranzazu: haplotipo 2-P*(xQ)/Aristizábal, 6-P*(xQ)/Tamayo, 11-P*(xQ)/Jaramillo, 9-K*(xP)/Carvajal; 31-J/Montes y 13-J/Serna. En la MZI y Antioquia se observaron simultáneamente las siguientes correlaciones: haplotipo 1-P*(xQ)/Echeverry, 40-P*(xQ)/Franco; 2-P*(xQ)/Montoya y 19-P*(xQ)/Suárez; mientras en Aranzazu y Antioquia se observaron las correlaciones: haplotipo 16-DE*(xE1b1a)/Londoño, 1-P*(xQ)/Marín y 1-P*(xQ)/Valencia.

Coancestría de apellidos y linajes del cromosoma Y en el noroeste de Colombia: una herramienta útil para establecer migración entre poblaciones

TABLA 3. FRECUENCIA DE HAPLOGRUPOS/HAPLOTIPOS PRESENTES EN LOS QUINCE APELLIDOS MÁS RECURRENTES Y TASAS DE PATERNIDAD

Apellido	Haplotipo ¹	Haplogrupo	Composición microsatélites						Pater. ²	n	Frecuencia ³			
			Composición microsatélites								Todos	MZI	Aranzazu	Antioquia
			19	388	390	391	392	393						
Giraldo	1	P*(xR1b1b2d)	14	12	24	11	13	13	P	28	0,056	0,069	0,058	
	2	P*(xR1b1b2d)	14	12	24	10	13	13	P	6	0,012	0,020	0,005	
	8	K*(xP)	15	12	23	11	13	13	N.P.	2	0,004	0,004	0,005	
	25	P*(xR1b1b2d)	15	12	24	11	11	13	N.P.	1	0,002		0,005	
	33	P*(xR1b1b2d)	14	12	25	10	13	13	N.P.	2	0,004	0,008		
	42	F*(xK)	13	12	21	10	11	14	N.P.	2	0,004	0,008		
	51	P*(xR1b1b2d)	14	12	24	11	9	13	N.P.	1	0,002	0,004		
	52	P*(xR1b1b2d)	14	12	24	11	11	13	N.P.	1	0,002	0,004		
	59	F*(xK)*	13	12	24	9	11	12	N.P.	1	0,002	0,004		
	77	P*(xR1b1b2d)	15	13	25	11	13	13	N.P.	1	0,002	0,004		
	84	Q*(xQ1a3a)	14	12	24	6	14	13	N.P.	1	0,002	0,004		
Paternidad											0,739	0,689	0,863	
Gómez	1	P*(xR1b1b2d)	14	12	24	11	13	13	P	27	0,054	0,069	0,037	0,049
	2	P*(xR1b1b2d)	14	12	24	10	13	13	P	1	0,002	0,004		
	5	P*(xR1b1b2d)	14	12	23	11	13	13	P	2	0,004	0,008		
	4	F*(xK)	14	14	23	11	11	13	N.P.	1	0,002	0,004		
	9	K*(xP)	15	12	25	10	14	13	N.P.	1	0,002	0,004		
	15	P*(xR1b1b2d)	14	12	26	11	14	13	N.P.	1	0,002		0,005	
	23	P*(xR1b1b2d)	16	12	24	11	13	13	N.P.	1	0,002		0,005	
	73	P*(xR1b1b2d)	14	12	27	11	13	13	N.P.	1	0,002	0,004		
	86	P*(xR1b1b2d)	17	12	24	10	13	13	N.P.	1	0,002		0,005	
	120	Q1a3a	13	12	22	10	14	12	N.P.	1	0,002			0,016

Paternidad														
Ramírez	<u>1</u>	P*(xR1b1b2d)	14	12	24	11	13	13	P	18	0,811	0,871	0,698	0,742
	<u>5</u>	P*(xR1b1b2d)	14	12	23	11	13	13	P	1	0,002	0,004		
	<u>54</u>	P*(xR1b1b2d)	14	13	24	11	13	13	P	1	0,002	0,004		
	<u>7</u>	K*(xP)	13	12	23	10	13	13	N.P.	1	0,002			0,016
	56	P*(xR1b1b2d)	14	12	23	11	8	13	N.P.	1	0,002	0,004		
	106	P*(xR1b1b2d)	13	12	23	11	13	13	N.P.	1	0,002			0,016
Paternidad														
García	<u>3</u>	DE*(xE1b1a)	13	12	24	9	11	13	P	8	0,870	0,942	1	0,000
	<u>47</u>	DE*(xE1b1a)	14	12	24	9	11	13	P	2	0,004			0,021
	1	P*(xR1b1b2d)	14	12	24	11	13	13	N.P.	3	0,006	0,004		0,033
	29	J	14	15	23	10	11	12	N.P.	1	0,002			0,005
	34	P*(xR1b1b2d)	14	12	24	11	13	12	N.P.	1	0,002	0,004		
	91	F*(xK)	17	13	24	9	11	13	N.P.	1	0,002			0,005
	96	E1b1a	16	13	22	10	11	14	N.P.	1	0,002			0,005
	103	P*(xR1b1b2d)	14	12	24	11	9	12	N.P.	1	0,002			0,016
Paternidad														
Zuluaga	<u>4</u>	F*(xK)	14	14	23	11	11	13	P	11	0,558	0,667	0,681	
	<u>79</u>	F*(xK)	15	14	23	11	11	13	P	1	0,022	0,016	0,037	
	<u>80</u>	F*(xK)	14	14	23	11	12	13	P	1	0,002	0,004		
	1	P*(xR1b1b2d)	14	12	24	11	13	13	N.P.	1	0,002	0,004		
	2	P*(xR1b1b2d)	14	12	24	10	13	13	N.P.	2	0,004	0,008		
	58	F*(xK)	14	12	23	11	11	13	N.P.	1	0,002	0,004		

Coancestría de apellidos y linajes del cromosoma Y en el noroeste de Colombia: una herramienta útil para establecer migración entre poblaciones

Paternidad															
	<u>g</u>		15	12	23	11	13	13	P	7	0,765	0,585	1,000		
Salazar		K*(xP)	16	12	23	11	13	13	P	1	0,014	0,004	0,032		
	<u>36</u>	K*(xP)	15	12	23	11	13	14	P	2	0,002		0,005		
	<u>45</u>	K*(xP)	14	12	24	11	13	13	N.P.	1	0,002		0,011		
	<u>1</u>	P*(xR1b1b2d)	14	15	23	10	11	13	N.P.	1	0,002		0,005		
	<u>14</u>	J	13	12	25	10	11	13	N.P.	2	0,004		0,005		0,033
	<u>22</u>	DE*(xE1b1a)	15	12	21	10	11	13	N.P.	1	0,002	0,004			
	<u>43</u>	E1b1a	15	12	26	11	13	13	N.P.	1	0,002		0,005		
	<u>85</u>	P*(xR1b1b2d)													
Paternidad															
Alzate	<u>2</u>	P*(xR1b1b2d)	14	12	24	10	13	13	P	7	0,014	0,012	0,021		
	<u>1</u>	P*(xR1b1b2d)	14	12	24	11	13	13	P	2	0,004	0,008			
	<u>21</u>	P*(xR1b1b2d)	14	12	23	11	14	13	N.P.	1	0,002	0,004			
	<u>38</u>	DE*(xE1b1a)	13	12	23	9	11	13	N.P.	2	0,004	0,008			
	<u>60</u>	F*(xK)	15	14	21	10	11	14	N.P.	1	0,002	0,004			
	<u>61</u>	F*(xK)	14	17	23	11	11	13	N.P.	1	0,002	0,004			
	<u>66</u>	E1b1a	15	12	21	11	14	13	N.P.	1	0,002	0,004			
	<u>67</u>	Q1a3a	13	15	24	11	14	13	N.P.	1	0,002	0,004			
Paternidad															
Duque	<u>2</u>	R1b1b2d	14	12	24	10	13	13	P	14	0,028	0,049	0,011		
	<u>78</u>	R1b1b2d	14	12	24	10	12	13	P	1	0,002	0,004			
Paternidad															
López	<u>Z</u>	K*(xP)	13	12	23	10	13	13	P	8	0,016	0,008	0,026	0,016	
	<u>18</u>	K*(xP)	14	12	23	10	13	13	P	1	0,002	0,004			
	<u>2</u>	P*(xR1b1b2d)	14	12	24	10	13	13	N.P.	1	0,002	0,004			
	<u>37</u>	DE*(xE1b1a)	13	12	24	10	11	13	N.P.	2	0,004	0,008			
	<u>41</u>	P*(xR1b1b2d)	14	12	25	10	11	12	N.P.	1	0,002	0,004			
	<u>98</u>	Q1a3a	13	13	23	11	14	13	N.P.	1	0,002		0,005		

Paternidad																
Quintero	<u>1</u>	P*(xR1b1b2d)	14	12	24	11	13	13	P	1	0,002	0,429	0,813	1,000		
	<u>20</u>	P*(xR1b1b2d)	15	12	24	11	13	13	P	1	0,002	0,004				
	<u>2</u>	P*(xR1b1b2d)	14	12	24	10	13	13	P	2	0,004		0,011			
	68	P*(xR1b1b2d)	16	12	25	10	14	13	N.P.	1	0,002	0,004				
	9	K*(xP)	15	12	25	10	14	13	N.P.	3	0,006	0,008	0,005			
	82	E1b1a	16	12	21	10	11	14	N.P.	1	0,002	0,004				
	94	J	15	15	21	10	11	13	N.P.	1	0,002		0,005			
	3	DE*(xE1b1a)	13	12	24	9	11	13	N.P.	2	0,004		0,011			
Paternidad																
González	<u>1</u>	P*(xR1b1b2d)	14	12	24	11	13	13	P	2	0,004	0,333	0,344			
	<u>2</u>	P*(xR1b1b2d)	14	12	24	10	13	13	P	1	0,002	0,004	0,005			
	<u>5</u>	P*(xR1b1b2d)	14	12	23	11	13	13	P	4	0,008	0,004	0,016			
	4	F*(xK)	14	14	23	11	11	13	N.P.	1	0,002	0,004				
	14	J	14	15	23	10	11	13	N.P.	1	0,002		0,005			
	5	P*(xR1b1b2d)	14	11	23	11	13	13	N.P.	1	0,002	0,004				
	110	F*(xK)	15	14	22	10	11	14	N.P.	1	0,002			0,016		
Paternidad																
Castaño	<u>1</u>	P*(xR1b1b2d)	14	12	24	11	13	13	P	6	0,012	0,600	0,808			
	5	P*(xR1b1b2d)	14	12	23	11	13	13	P	2	0,004	0,012	0,016			
	39	P*(xR1b1b2d)	14	12	24	11	12	13	P	1	0,002	0,004	0,005	0,016		
	43	E1b1a	15	12	21	10	11	13	N.P.	1	0,002	0,004				
	109	K*(xP)	12	12	23	10	13	13	N.P.	1	0,002			0,016		

Coancestría de apellidos y linajes del cromosoma Y en el noroeste de Colombia: una herramienta útil para establecer migración entre poblaciones

Paternidad		10	14	15	22	10	11	12	P	8	0,818	0,800	1,000	0,5
Botero	J		14	15	22	10	11	12	P	8	0,016	0,012	0,026	
	P*(xR1b1b2d)	14	12	24	11	13	13	13	N.P.	1	0,002		0,005	
	J	114	14	12	25	10	13	15	N.P.	1	0,002			0,016
Paternidad											0,8	1	0,813	0,000
Cardona	J	11	14	16	23	10	11	12	P	3	0,006		0,016	
	J	30	14	17	23	10	11	12	P	1	0,002		0,005	
	P*(xR1b1b2d)	12	14	12	25	12	13	13	N.P.	1	0,002	0,004		
	DE*(xE1b1a)	24	14	12	24	10	11	13	N.P.	2	0,004		0,011	
	K*(xP)	108	16	13	23	10	11	13	N.P.	1	0,002			0,016
Paternidad											0,500	0,000	0,656	0,000
Jiménez	P*(xR1b1b2d)	15	14	12	26	11	14	13	P	4	0,008	0,008	0,011	
	P*(xR1b1b2d)	74	14	12	26	10	14	13	P	1	0,002	0,004		
	P*(xR1b1b2d)	53	14	12	26	11	12	13	N.P.	1	0,002	0,004		
	J	63	14	17	26	11	14	13	N.P.	1	0,002	0,004		
	P*(xR1b1b2d)	107	16	12	23	10	12	13	N.P.	1	0,002			0,016
Paternidad											0,625	0,6	1,000	0,000
Paternidad promedio											0,685	0,628	0,828	0,224

1 Ver tabla suplementaria 1. Los haplotipos a un paso mutacional del haplotipo nuclear están subrayados.

2 P se refiere a linajes de paternidad y NP a linajes de no paternidad.

3 La frecuencia es calculada en 262 individuos, 53% de la muestra total.

Fuente: Elaboración propia.

Todos los cromosomas Y nativos americanos (8 individuos asignados a haplogrupos Q) y africanos (10 individuos asignados al haplogrupo E1b1a) fueron portadores de alguno de los apellidos más frecuentes (Giraldo, Gómez, García, Castaño, Quintero, Salazar y Alzate). Teniendo en cuenta que la no paternidad se ha acumulado durante 250 años desde la fundación de la población (10 generaciones, para un tiempo de 25 años por cada generación), el promedio de la tasa de no paternidad fue de $\sim 1,07 \times 10^{-3}$ /generación, consistente con previos reportes (Bedoya, García et ál. 2006; Macintyre y Sooman 1991; Sykes e Irven 2000).

Discusión

El análisis de los apellidos patrilineales es una potencial herramienta complementaria del análisis de marcadores genéticos para investigar el flujo y la estructura de las poblaciones humanas recientes y contemporáneas (Barrai et ál. 1996; Barrai et ál. 2000, 2001; Cabral et ál. 2005; Castro de Guerra, Arvelo y Pinto-Cisternas 1999; Dipierri et ál. 2005; González-Martín et ál. 2006; Rodríguez-Larralde et ál. 1993; Rodríguez-Larralde, Barrai y Alfonso 1993). Sin embargo, el supuesto de que un apellido común entre individuos también implica una ascendencia genética compartida ha sido probado solamente en algunas poblaciones (Bedoya, García et ál. 2006; Bowden et ál. 2008; Zei et ál. 2003; King y Jobling 2009b). En este estudio se analizaron marcadores de ADN binarios de evolución lenta, simultáneamente con marcadores microsatélites polimórficos de evolución rápida, en una muestra de individuos provenientes de Antioquia, la MZI y Aranzazu, para estimar la coancestría de estos marcadores con los apellidos paternos.

Marinilla se estableció como municipio en 1750 y fue fundado por don Juan Duque de Estrada y Francisco Manzueto Giraldo (Zapata-Cuéncar 1941). El núcleo colonizador de Marinilla hacia Caldas fue iniciado por apellidos como Duque, Giraldo, Aristizábal Botero, García, Gómez, González, Ramírez y Hoyos (Arango-Mejía 1993), algunos de los cuales fueron los apellidos más frecuentes en la muestra de la MZI y Aranzazu; esta constatación muestra la persistencia de los apellidos fundadores en la población de Aranzazu. La alta frecuencia de apellidos como Giraldo en ambas poblaciones sugiere que no se han visto afectados

por el crecimiento demográfico, a diferencia de apellidos como Ramírez y Duque, cuya menor frecuencia en Aranzazu apunta a una deriva en un corto tiempo, en contraste con su alta frecuencia en la población de origen.

Los resultados del estudio muestran que muchos apellidos presentes en estas poblaciones son de origen polifilético. Debido a la naturaleza y la abundancia de muchos apellidos patronímicos (por ejemplo García, Gómez, González, López y Ramírez), no se espera hallar una correlación entre los haplotipos/haplogrupos y los apellidos, ya que muchos apellidos se encontraron en varios linajes genéticos sin relación de parentesco entre ellos. Sin embargo, la similitud en el patrón de distribución de los apellidos en la MZI (Antioquia) y Aranzazu (Caldas) proporciona una fuerte evidencia del flujo genético histórico entre ellas: los apellidos más frecuentes en la MZI y Aranzazu también portan el haplotipo modal más frecuente; y algunos de estos haplotipos/apellidos no se encuentran en la muestra de Antioquia. Además, la MZI y Aranzazu son también los grupos con menor diversidad tanto en los apellidos como en el cromosoma Y. Aunque no es posible determinar si todos los territorios entre estos dos departamentos comparten estas características, el análisis de los apellidos podría complementar los estudios genéticos sobre la estructura y el origen de los emigrantes en poblaciones de Antioquia y Caldas.

Otro aspecto relevante es que se encontraron varios haplotipos no relacionados dentro de un apellido, lo cual representa la tasa de no paternidad acumulada en el pasado; esta tasa es variable dentro de los apellidos examinados. Esto sugiere que en la dinámica social del periodo colonial existió una selección social de algunos apellidos: portar ciertos apellidos representaba acceder a importantes beneficios sociales en la población mestiza en formación. Sin embargo, otra explicación posible consiste en que el linaje genético ancestral correspondiente al apellido haya acumulado suficiente variación genética y por ello el apellido fundador pertenezca a varios linajes. Además, el hecho de que todos los individuos portadores de haplogrupos nativos americanos y africanos sean portadores de apellidos europeos sugiere un alto índice de no paternidad en estos componentes ancestrales, que confirma que estas personas adoptaban el apellido de sus propietarios.

Algunos estudios anteriores realizados en Antioquia mostraron una mezcla interétnica genética principalmente de linajes

paternos provenientes de Europa (Bedoya, García et ál. 2006; Carvajal-Carmona et ál. 2000; Rojas et ál. 2010). En este estudio, la mayoría de los cromosomas Y se asignaron al haplogrupo europeo P*(xQ), que alcanza sus mayores frecuencias en Europa occidental. Sin embargo, los resultados mostraron una importante frecuencia de los haplogrupos R1b1b2d y J, con una alta frecuencia en poblaciones vascas y sefardíes, respectivamente. Esto no es un patrón propio de poblaciones de Antioquia y Caldas, tal como se reportó recientemente (Rojas et ál. 2010). Aunque los registros históricos sugieren una importante migración de Sevilla y Andalucía (España) a Antioquia (Boyd-Bowman 1976), se ha sugerido que durante la época de la Conquista llegó un grupo considerable de vascos (Twinam 1980) y judíos conversos (Mesa 1989); por lo tanto, nuestros resultados formulan de nuevo la pregunta acerca de su llegada a la región.

Nuestros hallazgos pueden tener implicaciones médicas, ya que indican que la MZI y Aranzazu comparten una composición y una diversidad genéticas disminuidas. Marinilla y Aranzazu podrían también compartir patrones epidemiológicos de enfermedades complejas y mendelianas (Jenny García, comunicación personal), y así aumentaría la posibilidad de que en ambas poblaciones puedan circular variantes genéticas comunes relacionadas con enfermedades humanas. Estos resultados destacan la importancia de identificar enfermedades en estas poblaciones y emprender estudios de mapeo genético de potenciales genes causales.

CONCLUSIONES

En este estudio se comprueba la complejidad de la coancestría entre apellidos y linajes genéticos del cromosoma Y en las poblaciones humanas de Colombia. Además, pese al origen polifilético y la tasa variable de no paternidad de apellidos comunes en poblaciones colombianas, se demuestra la utilidad del análisis simultáneo de apellidos y linajes del cromosoma Y para inferir procesos poblacionales.

AGRADECIMIENTOS

Los autores agradecen a todos los voluntarios que participaron en este estudio, así como a las entidades que contribuyeron en la colección de muestras. La financiación para este estudio fue aportada por el Comité para el Desarrollo de la Investigación (CODI) de la Universidad de Antioquia, Sostenibilidad de Grupos 2009-2011.

REFERENCIAS

- ÁLVAREZ, VÍCTOR M. 1996. "Poblamiento y población en el valle de Aburrá y Medellín, 1541-1951". En *Historia de Medellín*, editado por Jorge Orlando Melo, 57-84. Medellín: Suramericana de Seguros.
- ARANGO-MEJÍA, GABRIEL. 1993. *Genealogías de Antioquia y Caldas*, 3.^a ed. Medellín: Litoarte.
- BANDELT, HANS J., PETER FORSTER Y ARNE ROHL. 1999. "Median-joining Networks for Inferring Intraspecific Phylogenies". *Molecular Biology and Evolution* 16 (1): 37-48.
- BARRAI, ITALO, ÁLVARO RODRÍGUEZ-LARRALDE, ELISABETTA MAMOLINI, FRANZ MANNI Y CHIARA SCAPOLI. 2000. "Elements of the Surname Structure of Austria". *Annals of Human Biology* 27 (6): 607-622.
- BARRAI, ITALO, ÁLVARO RODRÍGUEZ-LARRALDE, ELISABETTA MAMOLINI, FRANZ MANNI Y CHIARA SCAPOLI. 2001. "Isonymy Structure of USA Population". *American Journal of Physical Anthropology* 114 (2): 109-123.
- BARRAI, ITALO, CHIARA SCAPOLI, MARÍA BERETTA, CARLO NESTI, ELISABETTA MAMOLINI Y ÁLVARO RODRÍGUEZ-LARRALDE. 1996. "Isonymy and the Genetic Structure of Switzerland. I. The Distributions of Surnames". *Annals of Human Biology* 23 (6): 431-455.
- BEDOYA, GABRIEL, JENNY GARCÍA, PATRICIA MONTOYA, WINSTON ROJAS, MARÍA AMÉZQUITA, IVÁN SOTO, MARÍA LÓPEZ, JORGE OSPINA-DUQUE Y ANDRÉS RUIZ-LINARES. 2006. "Análisis de isonimia entre dos poblaciones del noroeste de Colombia". *Biomédica* 26 (4): 538-545.
- BEDOYA, GABRIEL, PATRICIA MONTOYA, JENNY GARCÍA, IVÁN SOTO, STEPHANE BOURGEOIS, LUIS CARVAJAL, DAMIAN LABUDA, VÍCTOR ÁLVAREZ, JORGE OSPINA, PHILIP HEDRICK Y ANDRÉS RUIZ-LINARES. 2006. "Admixture Dynamics in Hispanics: A Shift in the Nuclear Genetic Ancestry of a South American Population Isolate". *Proceedings of the National Academy of Sciences USA* 103 (19): 7234-7239.

- BOWDEN, GEORGINA, PATRICIA BALARESQUE, TURI KING, ZIFF HANSEN, ANDREW LEE, GILES PERGL-WILSON, EMMA HURLEY, STEPHEN ROBERTS, PATRICK WAITE, JUDITH JESCH, ABIGAIL JONES, MARK THOMAS, STEPHEN HARDING Y MARK JOBLING. 2008. "Excavating Past Population Structures by Surname-based Sampling: The Genetic Legacy of the Vikings in Northwest England". *Molecular Biology and Evolution* 25 (2): 301-309.
- BOYD-BOWMAN, PETER. 1976. "Patterns of Spanish Emigration to the Indies until 1600". *The Hispanic American Historical Review* 56 (4): 580-604.
- CABRAL, RITA, CLAUDIA BRANCO, SONIA COSTA, GIANUMBERTO CARAVELLO, MIRO TASSO, BERNARDO PEIXOTO Y LUISA MOTA-VIEIRA. 2005. "Geography of Surnames in the Azores: Specificity and Spatial Distribution Analysis". *American Journal of Human Biology* 17 (5): 634-645.
- CARVAJAL-CARMONA, LUIS, IVÁN SOTO, NICOLÁS PINEDA, DANIEL ORTIZ-BARRIENTOS, CONSTANZA DUQUE, JORGE OSPINA-DUQUE, MARK MCCARTHY, PATRICIA MONTOYA, VÍCTOR ÁLVAREZ, GABRIEL BEDOYA Y ANDRÉS RUIZ-LINARES. 2000. "Strong Amerind/white Sex Bias and a Possible Sephardic Contribution among the Founders of a Population in Northwest Colombia". *American Journal of Human Genetic* 67 (5): 1287-1295.
- CASTRO DE GUERRA, DINORAH, HENRY ARVELO Y JUAN PINTO-CISTERNAS. 1999. "Population Structure of Two Black Venezuelan Populations Studied through Their Mating Structure and Other Related Variables". *Annals of Human Biology* 26 (2): 141-150.
- CAVALLI-SFORZA, LUIGI Y ANTHONY EDWARDS. 1967. "Phylogenetic Analysis. Models and Estimation Procedures". *American Journal of Human Genetic* 19 (3, parte 1): 233-257.
- DI GIACOMO, FABIO, FRANCESCA LUCA, LUIS POPA, NEJAT AKAR, NICHOLAS ANAGNOU, JURAJ BANYKO, RADIM BRDICKA, GUIDO BARBUJANI, FRANCO PAPOLA, GIOVANNI CIAVARELLA, FRANCESCO CUCCI, LEANDRO DI STASI, LUCIAN GAVRILA, MARINA KERIMOVA, DIMITAR KOVATCHEV, ANDREY KOZLOV, APHRODITI LOUTRADIS, VINCENZO MANDARINO, CORRADO MAMMI, EMMANUEL MICHALODIMITRAKIS, GIORGIO PAOLI, KALLIOPI PAPPAS, GIULIANA PEDICINI, LUCIANO TERRENATO, SERGIO TOFANELLI, PATRIZIA MALASPINA Y ANDREA NOVELLETTO. 2004. "Y Chromosomal Haplogroup J as a Signature of the Post-neolithic Colonization of Europe". *Human Genetics* 115 (5): 357-371.
- DIPIERRI, JOSÉ, EMMA ALFARO, CHIARA SCAPOLI, ELISABETTA MAMOLINI, ÁLVARO RODRÍGUEZ-LARRALDE E ITALO BARRAI. 2005. "Surnames in Argentina: A Population Study through Isonymy". *American Journal of Physical Anthropology* 128 (1): 199-209.
- EXCOFFIER, LAURENT, GUILLAUME LAVAL Y STEFAN SCHNEIDER. 2005. "Arlequin (version 3.0): An Integrated Software Package for Population Genetics Data Analysis". *Evolutionary Bioinformatics Online* 1: 47-50.

- FLORES, CARLOS, NICOLE MACA-MEYER, ANA GONZÁLEZ, PETER OEFNER, PEIDONG SHEN, JOSÉ PÉREZ, ANTONIO ROJAS, JOSÉ LARRUGA Y PETER UNDERHILL. 2004. "Reduced Genetic Structure of the Iberian Peninsula Revealed by Y-chromosome Analysis: Implications for Population Demography". *European Journal of Human Genetics* 12 (10): 855-863.
- GONZÁLEZ-MARTÍN ANTONIO, CLARA GARCÍA-MORO, MIGUEL HERNÁNDEZ Y PEDRO MORAL. 2006. "Inbreeding and Surnames: a Projection into Easter Island's Past". *American Journal of Physical Anthropology* 129 (3): 435-445.
- JOBLING, MARK. 2001. "In the Name of the Father: Surnames and Genetics". *Trends in Genetics* 17 (6): 353-357.
- KARAFET, TATIANA, FERNANDO MÉNDEZ, MÓNICA MEILERMAN, PETER UNDERHILL, STEPHEN ZEGURA Y MICHAEL HAMMER. 2008. "New Binary Polymorphisms Reshape and Increase Resolution of the Human Y Chromosomal Haplogroup Tree". *Genome Research* 18 (5): 830-838.
- KIMURA, MOTOO Y TOMOKO OHTA. 1978. "Stepwise Mutation Model and Distribution of Allelic Frequencies in a Finite Population". *Proceedings of the National Academic of Sciences USA* 75 (6): 2868-2872.
- KING, TURI Y MARK JOBLING. 2009a. "Founders, Drift, And Infidelity: The Relationship between Y Chromosome Diversity and Patrilineal Surnames". *Molecular Biology and Evolution* 26 (5): 1093-1102.
- KING, TURI Y MARK JOBLING. 2009b. "What's in a Name? Y Chromosomes, Surnames and the Genetic Genealogy Revolution". *Trends in Genetics* 25 (8): 351-360.
- MACINTYRE, SALLY Y ANNE SOOMAN. 1991. "Non-paternity and Prenatal Genetic Screening". *Lancet* 338 (8771): 869-871.
- MESA, DANIEL. 1989. "Los judíos en el descubrimiento de America". *Repertorio histórico de la Academia Antioqueña de Historia* 38 (252): 1-20.
- PARSONS, JAMES. 1968. *Antioqueño Colonization in Western Colombia*. Berkeley: University of California Press.
- PIAZZA, ALBERTO, SABINA RENDINE, GIANNA ZEI, ANTONIO MORONI Y LUIGI CAVALLI-SFORZA. 1987. "Migration Rates of Human Populations from Surname Distributions". *Nature* 329 (6141): 714-716.
- RODRÍGUEZ-LARRALDE, ÁLVARO, ITALO BARRAI Y J. C. ALFONZO MORENO. 1993. "Isonymy Structure of Four Venezuelan States". *Annals of Human Biology* 20 (2): 131-145.
- RODRÍGUEZ-LARRALDE, ÁLVARO, G. FORMICA, CHIARA SCAPOLI, MARÍA BERETTA, ELISABETTA MAMOLINI E ITALO BARRAI. 1993. "Microevolution in Perugia: Isonymy 1890-1990". *Annals of Human Biology* 20 (3): 261-274.

- ROJAS, WINSTON, MARÍA VICTORIA PARRA, OMER CAMPO, MARÍA ANTONIETA CARO, JUAN GUILLERMO LOPERA, WILLIAM ARIAS, CONSTANZA DUQUE, ANDRÉS NARANJO, JAIR GARCÍA, CANDELARIA VERGARA, JAIME LOPERA, ÉRICK HERNÁNDEZ, ANA VALENCIA, YURI CAICEDO, MAURICIO CUARTAS, JAVIER GUTIÉRREZ, SERGIO LÓPEZ, ANDRÉS RUIZ-LINARES Y GABRIEL BEDOYA. 2010. "Genetic Make Up and Structure of Colombian Populations by Means of Uniparental and Biparental DNA Markers". *American Journal of Physical Anthropology* 143 (1): 13-20.
- SOTO, IVÁN. 2003. "Evaluación histórica y genética del origen de Marinilla y su zona de influencia". Tesis, Instituto de Biología, Universidad de Antioquia, Medellín.
- SYKES, BRYAN Y CATHERINE IRVEN. 2000. "Surnames and the Y Chromosome". *American Journal of Human Genetic* 66 (4): 1417-1419.
- THOMAS, MARK, NEIL BRADMAN Y HELEN M. FLINN. 1999. "High Throughput Analysis of 10 Microsatellite and 11 Diallelic Polymorphisms on the Human Y-Chromosome". *Human Genetics* 105 (6): 577-581.
- TWINAM, ANN. 1980. "From Jew to Basque: Ethnic Myths and Antioqueño Entrepreneurship". *Journal of Interamerican Studies and World Affairs* 22 (1): 81-107.
- ZAPATA-CUÉNCAR, HERIBERTO. 1941. *Monografías de Antioquia*. Medellín: Cervecería Unión.
- ZEI, GIANNA, ANTONELLA LISA, ORNELLA FIORANI, CHIARA MAGRI, LUIS QUINTANA-MURCI, ORNELLA SEMINO Y AUGUSTA SANTACHIARA-BENERECETTI. 2003. "From Surnames to the History of Y Chromosomes: The Sardinian Population as a Paradigm". *European Journal of Human Genetics* 11 (10): 802-807.

ARCHIVOS SUPLEMENTARIOS

TABLA SUPLEMENTARIA 1. FRECUENCIA DE HAPLOTIPOS DE SEIS LOCI EN CADA MUESTRA

Haplotipo	Loci ¹					# apellidos	Haplogrupo	Frecuencia			
	19	388	390	391	392			393	Todos	MZI	Aranzazu
1	14	12	24	11	13	13	P*(xQ)	0,258	0,301	0,221	0,197
2	14	12	24	10	13	13	P*(xQ); R1b1b2d ²	0,113	0,138	0,084	0,098
3	13	12	24	9	11	13	DE*(xE1b1a)	0,044	0,057	0,042	
4	14	14	23	11	11	13	F*(xK)	0,028	0,029	0,037	
5	14	12	23	11	13	13	P*(xQ)	0,026	0,02	0,032	0,033
6	14	12	25	11	13	13	P*(xQ)	0,026	0,016	0,042	0,016
7	13	12	23	10	13	13	K*(xP)	0,024	0,012	0,026	0,066
8	15	12	23	11	13	13	K*(xP)	0,022	0,012	0,042	
9	15	12	25	10	14	13	K*(xP)	0,02	0,02	0,026	
10	14	15	22	10	11	12	J	0,02	0,012	0,026	0,033
11	14	12	25	12	13	13	P*(xQ)	0,018	0,016	0,026	
12	14	16	23	10	11	12	J	0,016	0,016	0,016	0,016
13	15	15	24	10	11	12	J	0,014	0,016	0,011	0,016
14	14	15	23	10	11	13	J	0,014		0,037	
15	14	12	26	11	14	13	P*(xQ)	0,012	0,008	0,021	
16	13	12	23	10	11	13	DE*(xE1b1a)	0,012	0,008	0,011	0,033
17	13	12	22	8	11	13	DE*(xE1b1a)	0,012		0,032	
18	14	12	23	10	13	13	K*(xP)	0,01	0,012	0,005	0,016
19	14	12	24	9	13	13	P*(xQ)	0,008	0,012		0,016
20	15	12	24	11	13	13	P*(xQ)	0,008	0,008	0,011	
21	14	12	23	11	14	13	P*(xQ)	0,008	0,008	0,005	0,016

22	13	12	25	10	11	13	2	DE*(xE1b1a)	0,008	0,008	0,008	0,011	0,033
23	16	12	24	11	13	13	4	P*(xQ)	0,008	0,004	0,004	0,011	0,016
24	14	12	24	10	11	13	2	DE*(xE1b1a)	0,008			0,021	
25	15	12	24	11	11	13	2	P*(xQ)	0,006	0,008	0,005		
26	14	12	24	11	13	14	3	P*(xQ)	0,006	0,008			0,016
27	14	12	24	10	14	12	3	P*(xQ)	0,006	0,004	0,011		
28	14	14	22	10	11	13	1	F*(xK)	0,006	0,012			
29	14	15	23	10	11	12	3	J	0,006	0,004	0,005		0,016
30	14	17	23	10	11	12	3	J	0,006	0,004	0,011		
31	15	15	25	10	11	12	3	J	0,006	0,004	0,005		0,016
32	14	12	23	11	12	13	2	P*(xQ)	0,006		0,016		
33	14	12	25	10	13	13	1	P*(xQ)	0,004	0,008			
34	14	12	24	11	13	12	1	P*(xQ)	0,004	0,008			
35	14	12	26	11	13	13	1	P*(xQ)	0,004	0,004	0,005		
36	16	12	23	11	13	13	3	K*(xP)	0,004	0,004	0,005		
37	13	12	24	10	11	13	1	DE*(xE1b1a)	0,004	0,008			
38	13	12	23	9	11	13	1	DE*(xE1b1a)	0,004	0,008			
39	14	12	24	11	12	13	2	P*(xQ)	0,004	0,008			
40	13	12	25	11	13	12	1	P*(xQ)	0,004	0,004			0,016
41	14	12	25	10	11	12	2	P*(xQ)	0,004	0,004	0,005		
42	13	12	21	10	11	14	1	F*(xK)	0,004	0,008			
43	15	12	21	10	11	13	2	E1b1a	0,004	0,008			
44	13	12	24	10	14	14	2	Q1a3a	0,004	0,008			
45	15	12	23	11	13	14	1	K*(xP)	0,004		0,011		
46	14	12	23	11	11	14	1	F*(xK)	0,004		0,011		
47	14	12	24	9	11	13	1	DE*(xE1b1a)	0,004		0,011		

Coancestría de apellidos y linajes del cromosoma Y en el noroeste de Colombia: una herramienta útil para establecer migración entre poblaciones

48	16	12	22	10	11	15	1	DE*(xE1b1a)	0,004	0,011
49	16	12	21	11	11	15	1	DE*(xE1b1a)	0,004	0,011
50	13	12	24	9	12	13	1	DE*(xE1b1a)	0,004	0,011
51	14	12	24	11	9	13	1	P*(xQ)	0,002	0,004
52	14	12	24	11	11	13	1	P*(xQ)	0,002	0,004
53	14	12	26	11	12	13	1	P*(xQ)	0,002	0,004
54	14	13	24	11	13	13	1	P*(xQ)	0,002	0,004
55	14	12	24	11	12	15	1	P*(xQ)	0,002	0,004
56	14	12	23	11	8	13	1	P*(xQ)	0,002	0,004
57	15	12	23	10	11	13	1	F*(xK)	0,002	0,004
58	14	12	23	11	11	13	1	F*(xK)	0,002	0,004
59	13	12	24	9	11	12	2	F*(xK)	0,002	0,004
60	15	14	21	10	11	14	2	F*(xK)	0,002	0,004
61	14	17	23	11	11	13	2	F*(xK)	0,002	0,004
62	14	15	24	11	13	13	1	J	0,002	0,004
63	14	17	26	11	14	13	1	J	0,002	0,004
64	15	14	21	10	11	13	1	J	0,002	0,004
65	15	13	21	10	11	14	1	E1b1a	0,002	0,004
66	15	12	21	11	14	13	1	E1b1a	0,002	0,004
67	13	15	24	11	14	13	1	Q1a3a	0,002	0,004
68	16	12	25	10	14	13	1	P*(xQ)	0,002	0,004
69	14	12	24	11	14	13	1	P*(xQ)	0,002	0,004
70	16	12	22	10	11	13	1	P*(xQ)	0,002	0,004
71	14	12	27	11	14	13	1	P*(xQ)	0,002	0,004
72	15	12	23	12	13	13	1	P*(xQ)	0,002	0,004
73	13	12	24	10	13	13	1	P*(xQ)	0,002	0,004

74	14	12	26	10	14	13	1	P*(xQ)	0,002	0,004	
75	14	11	23	11	13	13	1	P*(xQ)	0,002	0,004	
76	14	12	27	11	13	13	1	P*(xQ)	0,002	0,004	
77	15	13	25	11	13	13	1	P*(xQ)	0,002	0,004	
78	14	12	24	10	12	13	1	R1b1b2d	0,002	0,004	
79	15	14	23	11	11	13	1	F*(xK)	0,002	0,004	
80	14	14	23	11	12	13	1	F*(xK)	0,002	0,004	
81	15	15	23	10	11	13	1	J	0,002	0,004	
82	16	12	21	10	11	14	1	E1b1a	0,002	0,004	
83	15	12	21	10	11	14	1	E1b1a	0,002	0,004	
84	14	12	24	6	14	13	1	Q1a3a	0,002	0,004	
85	15	12	26	11	13	13	1	P*(xQ)	0,002	0,005	
86	17	12	24	10	13	13	1	P*(xQ)	0,002	0,005	
87	16	12	24	11	13	14	1	P*(xQ)	0,002	0,005	
88	17	12	22	10	11	13	1	F*(xK)	0,002	0,005	
89	16	13	21	10	11	13	1	F*(xK)	0,002	0,005	
90	15	13	22	10	11	14	1	F*(xK)	0,002	0,005	
91	17	13	24	9	11	13	1	F*(xK)	0,002	0,005	
92	13	15	23	10	11	12	1	J	0,002	0,005	
93	14	18	23	10	11	13	1	J	0,002	0,005	
94	15	15	21	10	11	13	1	J	0,002	0,005	
95	14	16	23	10	11	11	1	J	0,002	0,005	
96	16	13	22	10	11	14	1	E1b1a	0,002	0,005	
97	15	12	22	10	10	15	1	E1b1a	0,002	0,005	
98	13	13	23	11	14	13	1	Q1a3a	0,002	0,005	
99	14	12	24	10	15	13	1	Q1a3a	0,002	0,005	

Coancestría de apellidos y linajes del cromosoma Y en el noroeste de Colombia: una herramienta útil para establecer migración entre poblaciones

100	13	14	23	6	14	13	1	Q*(xQ1a3a)	0,002		0,005		
101	14	14	24	10	13	12	1	P*(xQ)	0,002			0,016	
102	14	12	24	12	11	13	1	P*(xQ)	0,002			0,016	
103	14	12	24	11	9	12	1	P*(xQ)	0,002			0,016	
104	13	12	24	11	13	13	1	P*(xQ)	0,002			0,016	
105	14	14	24	10	11	13	1	P*(xQ)	0,002			0,016	
106	13	12	23	11	13	13	1	P*(xQ)	0,002			0,016	
107	16	12	23	10	12	13	1	P*(xQ)	0,002			0,016	
108	16	13	23	10	11	13	1	K*(xP)	0,002			0,016	
109	12	12	23	10	13	13	1	K*(xP)	0,002			0,016	
110	15	14	22	10	11	14	1	F*(xK)	0,002			0,016	
111	14	13	22	10	11	15	1	F*(xK)	0,002			0,016	
112	13	14	22	10	11	13	1	F*(xK)	0,002			0,016	
113	16	12	22	10	11	12	1	F*(xK)	0,002			0,016	
114	14	12	25	10	13	15	1	J	0,002			0,016	
115	16	16	23	9	11	12	1	J	0,002			0,016	
116	18	15	24	11	11	12	1	J	0,002			0,016	
117	13	16	24	10	11	12	1	J	0,002			0,016	
118	12	12	24	12	13	13	1	E1b1a	0,002			0,016	
119	14	12	21	10	11	15	1	E1b1a	0,002			0,016	
120	13	12	22	10	14	12	1	Q1a3a	0,002			0,016	
H ³										0,48+/- 0,28	0,44+/- 0,26	0,51+/- 0,29	0,54+/- 0,31

Fuente: Elaboración propia.

1 Descritos como el número de repeticiones.

2 El haplotipo 2 fue encontrado en los haplogrupos P*(xR1b1b2d) y R1b1b2d.

3 La diversidad fue calculada como $H = n/r(1 - \sum p_i^2)$, donde n es el número de copias genéticas en la muestra y p_i es la frecuencia del haplotipo i en la muestra.

TABLA SUPLEMENTARIA 2. FRECUENCIA DE APELLIDOS

Apellidos	MZI		Aranzazu		Antioquia		Todos	
	#	Frecuencia	#	Frecuencia	#	Frecuencia	#	Frecuencia
Acosta	1	0,0041	1	0,0053			2	0,0040
Agudelo			3	0,0158			3	0,0060
Aguirre			1	0,0053			1	0,0020
Álvarez	2	0,0081	1	0,0053	1	0,0164	4	0,0080
Alzate	12	0,0488	4	0,0211			16	0,0322
Amariles			1	0,0053			1	0,0020
Arias			4	0,0211	1	0,0164	5	0,0101
Arango	1	0,0041					1	0,0020
Arbeláez	3	0,0122					3	0,0060
Arboleda	1	0,0041					1	0,0020
Arcila	2	0,0081					2	0,0040
Aristizábal	2	0,0081	1	0,0053			3	0,0060
Arroyave			1	0,0053			1	0,0020
Baena	1	0,0041					1	0,0020
Bedoya					1	0,0164	1	0,0020
Betancur	1	0,0041					1	0,0020
Bolívar					1	0,0164	1	0,0020
Botero	3	0,0122	6	0,0316	1	0,0164	10	0,0201
Buitrago	2	0,0081	1	0,0053			3	0,0060
Calle					1	0,0164	1	0,0020
Campiño			3	0,0158			3	0,0060
Cano	1	0,0041			1	0,0164	2	0,0040
Cárdenas			1	0,0053			1	0,0020
Cardona	1	0,0041	6	0,0316	1	0,0164	8	0,0161
Carmona			1	0,0053			1	0,0020
Carvajal	2	0,0081	2	0,0105			4	0,0080
Castañeda			2	0,0105			2	0,0040
Castaño	5	0,0203	4	0,0211	2	0,0328	11	0,0221
Castillo					1	0,0164	1	0,0020
Castro	1	0,0041					1	0,0020
Ciro	1	0,0041					1	0,0020
Correa			1	0,0053			1	0,0020
Cosme	1	0,0041					1	0,0020
Cuartas	4	0,0163					4	0,0080
Delgado			1	0,0053			1	0,0020
Díaz	1	0,0041	1	0,0053			2	0,0040

Coancestría de apellidos y linajes del cromosoma Y en el noroeste de Colombia: una herramienta útil para establecer migración entre poblaciones

Duque	13	0,0528	2	0,0105			15	0,0302
Echeverry	1	0,0041			1	0,0164	2	0,0040
Escobar					2	0,0328	2	0,0040
Estrada					1	0,0164	1	0,0020
Franco	1	0,0041			1	0,0164	2	0,0040
Galeano	1	0,0041					1	0,0020
Gallo			1	0,0053			1	0,0020
Galvis	2	0,0081					2	0,0040
Garcés					1	0,0164	1	0,0020
García	7	0,0285	9	0,0474	3	0,0492	19	0,0382
Gil					1	0,0164	1	0,0020
Giraldo	32	0,1301	13	0,0684			45	0,0905
Gómez	23	0,0935	10	0,0526	4	0,0656	37	0,0744
González	5	0,0203	5	0,0263	1	0,0164	11	0,0221
Gutiérrez			4	0,0211	1	0,0164	5	0,0101
Henao	4	0,0163	1	0,0053			5	0,0101
Hernández			1	0,0053			1	0,0020
Herrera	1	0,0041			1	0,0164	2	0,0040
Hoyos	2	0,0081					2	0,0040
Hurtado	1	0,0041					1	0,0020
Jaramillo	4	0,0163	3	0,0158			7	0,0141
Jiménez	5	0,0203	2	0,0105	1	0,0164	8	0,0161
Jurado			1	0,0053			1	0,0020
Liévano			1	0,0053			1	0,0020
Londoño			2	0,0105	2	0,0328	4	0,0080
López	7	0,0285	6	0,0316	1	0,0164	14	0,0282
Marín	1	0,0041	5	0,0263	1	0,0164	7	0,0141
Martínez	1	0,0041	5	0,0263	1	0,0164	7	0,0141
Mayo	1	0,0041					1	0,0020
Mejía	5	0,0203	1	0,0053	1	0,0164	7	0,0141
Molina			1	0,0053			1	0,0020
Montes	1	0,0041	1	0,0053			2	0,0040
Montoya	4	0,0163			2	0,0328	6	0,0121
Morales			4	0,0211			4	0,0080
Moreno	1	0,0041					1	0,0020
Muñoz			4	0,0211	1	0,0164	5	0,0101
Murillo	1	0,0041					1	0,0020
Naranjo	1	0,0041	1	0,0053	1	0,0164	3	0,0060
Noreña			6	0,0316			6	0,0121
Ocampo	1	0,0041	2	0,0105			3	0,0060

Orozco	4	0,0163	1	0,0053			5	0,0101
Ortiz	1	0,0041					1	0,0020
Osorio			1	0,0053			1	0,0020
Ospina	2	0,0081			2	0,0328	4	0,0080
Parra	1	0,0041					1	0,0020
Pulgarín					2	0,0328	2	0,0040
Quinchía	1	0,0041					1	0,0020
Quintero	6	0,0244	6	0,0316			12	0,0241
Ramírez	17	0,0691	4	0,0211	2	0,0328	23	0,0463
Ramos			1	0,0053			1	0,0020
Restrepo			3	0,0158			3	0,0060
Rincón	1	0,0041					1	0,0020
Romero					1	0,0164	1	0,0020
Ríos	1	0,0041			1	0,0164	2	0,0040
Salazar	2	0,0081	12	0,0632	2	0,0328	16	0,0322
Salgado			1	0,0053			1	0,0020
Sánchez	1	0,0041			1	0,0164	2	0,0040
Serna	6	0,0244	2	0,0105			8	0,0161
Soto	3	0,0122	2	0,0105	2	0,0328	7	0,0141
Suárez	3	0,0122			1	0,0164	4	0,0080
Tamayo	2	0,0081	2	0,0105			4	0,0080
Toro					1	0,0164	1	0,0020
Torres	1	0,0041					1	0,0020
Uribe					1	0,0164	1	0,0020
Urrea	1	0,0041					1	0,0020
Usme	2	0,0081					2	0,0040
Vahos					1	0,0164	1	0,0020
Valencia			2	0,0105	1	0,0164	3	0,0060
Vallejo	1	0,0041					1	0,0020
Vanegas					1	0,0164	1	0,0020
Vargas					1	0,0164	1	0,0020
Vásquez	2	0,0081	2	0,0105			4	0,0080
Velásquez			1	0,0053	1	0,0164	2	0,0040
Vergara	1	0,0041					1	0,0020
Villa			3	0,0158			3	0,0060
Villada			1	0,0053			1	0,0020
Villegas	1	0,0041	2	0,0105			3	0,0060
Zapata	2	0,0081			1	0,0164	3	0,0060
Zuluaga	10	0,0407	7	0,0368			17	0,0342

Fuente: Elaboración propia.