

572.783
MOR
est

UNIVERSIDAD DE BARCELONA

FACULTAD DE BIOLOGIA

ESTUDIO ANTROPOGENETICO DE DIVERSOS
POLIMORFISMOS HEMATOLÓGICOS
EN LA ISLA DE MENORCA

Memoria para optar al grado
de Doctor en Biología,
presentada por

Pedro Moral Castrillo

Barcelona, octubre de 1986



6.4 RESULTADOS

Los resultados obtenidos mediante la aplicación de los tres coeficientes de distancias se expresan en forma de matriz, a partir de los cuales se han construido los dendrogramas correspondientes.

En líneas generales, las distancias obtenidas no son excesivamente elevadas ya que en ningún caso se alcanza un valor superior a 0.300, sobre un rango de oscilación entre 0.000 y 1.000. Este hecho, sin embargo, no resulta extraño si se tiene en cuenta que todos los grupos comparados pertenecen a un mismo tronco racial.

Al comparar entre sí las medidas obtenidas con los tres coeficientes empleados, se puede observar que las distancias calculadas por el índice de Nei (1972) son, en valor absoluto, siempre notablemente más pequeñas que las estimadas mediante los coeficientes de Prevosti (1974) y de Edwards (1971) las cuales, a su vez, son muy semejantes entre sí en magnitud.

6.4.1 DISTANCIAS GENÉTICAS BASADAS EN LOCI DE GRUPOS SANGUÍNEOS

A.- Distancias genéticas entre poblaciones de la Península Ibérica.

En el cuadro 6.1 se presentan las matrices de distancias genéticas calculadas entre nueve poblaciones de la Península Ibérica, correspondientes a seis loci de grupos sanguíneos (ABO, 4 alelos; Rh, 8 alelos; MNSs, 4 alelos; y Kell (K), P y Duffy (Fy) con dos alelos cada uno).

Asimismo, a fin de poder incluir en la comparación alguna muestra representativa del extremo noroccidental de la Península, se

ha realizado un análisis de las distancias genéticas entre series peninsulares, basadas solamente en las frecuencias de los sistemas ABO, Rh, MNSs, Kell y P, prescindiendo del Duffy, ya que no ha sido posible disponer de datos sobre dicho grupo sanguíneo en población gallega. Las matrices de distancias correspondientes a este segundo análisis se hallan indicadas en el cuadro 6.2.

En las figuras 6.1 y 6.2 se hallan representados los dendrogramas obtenidos por el algoritmo UPGMA, a partir de las respectivas matrices de distancias genéticas. Estas clasificaciones proporcionan un buen ajuste a las relaciones de distancia, como parecen indicar los altos índices de correlación cofenética (véase figuras 6.1 y 6.2), si bien éstos son ligeramente más elevados en los dendrogramas correspondientes a las distancias basadas en seis loci que en los casos en que únicamente se utilizan cinco sistemas de grupos sanguíneos.

Tanto en el caso de los seis loci como en el de cinco, las distancias mínimas obtenidas con los tres coeficientes corresponden a las existentes entre las poblaciones de Barcelona y Portugal. Asimismo, cabe mencionar la estrecha afinidad genética entre los dos grupos catalanes de Gerona y Tarragona con respecto a los caracteres considerados.

La serie de Menorca, curiosamente, presenta mayor proximidad genética con las muestras de Barcelona, Portugal y Centro de la Península que con otras del área catalana como las de Gerona y Tarragona.

Estas relaciones quedan reflejadas gráficamente en los dendrogramas de las figuras 6.1 y 6.2. En todos ellos, Menorca, Barcelona, Portugal y la serie del Centro forman un agregado al cual se van uniendo, en orden decreciente de afinidad, el resto de las poblaciones consideradas.

Por otro lado, la serie de vascos españoles es el grupo

Cuadro 6.1: Distancias genéticas entre poblaciones de la Península Ibérica correspondientes a 6 loci de grupos sanguíneos.

Distancias genéticas según los índices de Nei (1972) (parte superior de la diagonal principal) y de Prevosti (1974) (parte inferior de la diagonal principal).

POBLACION	1	2	3	4	5	6	7	8	9
1 Menorca	-----	0.002	0.009	0.007	0.004	0.044	0.004	0.003	0.005
2 Barcelona	0.033	-----	0.005	0.003	0.003	0.036	0.003	0.001	0.003
3 Gerona	0.061	0.042	-----	0.003	0.011	0.035	0.009	0.003	0.005
4 Tarragona	0.057	0.040	0.036	-----	0.008	0.035	0.008	0.003	0.005
5 Centro	0.046	0.030	0.050	0.049	-----	0.053	0.009	0.004	0.005
6 Vascos Es.	0.133	0.126	0.127	0.134	0.150	-----	0.029	0.038	0.044
7 Vascos Fr.	0.047	0.043	0.070	0.066	0.069	0.109	-----	0.005	0.009
8 Portugal	0.038	0.019	0.032	0.040	0.033	0.133	0.049	-----	0.002
9 Canarias	0.052	0.039	0.054	0.055	0.052	0.151	0.068	0.031	-----

Distancias genéticas según el índice de Edwards (1971).

POBLACION	1	2	3	4	5	6	7	8	9
1 Menorca	-----								
2 Barcelona	0.050	-----							
3 Gerona	0.059	0.065	-----						
4 Tarragona	0.052	0.048	0.047	-----					
5 Centro	0.057	0.032	0.071	0.056	-----				
6 Vascos Es.	0.130	0.125	0.128	0.125	0.142	-----			
7 Vascos Fr.	0.072	0.066	0.095	0.091	0.084	0.118	-----		
8 Portugal	0.056	0.025	0.053	0.051	0.036	0.130	0.079	-----	
9 Canarias	0.086	0.066	0.078	0.079	0.071	0.149	0.116	0.051	-----

Para el cálculo se han utilizado las frecuencias de los alelos: A_1 , A_2 , B, O; CDE (R^2), CDe (R^1), cDE (R^2), cDe (R^0), CdE (r^y), Cde (r'), cdE (r''), cde (r); MS, Ms, NS, Ns; K, k; P_1 , P_2 ; Fy^a , Fy^b .

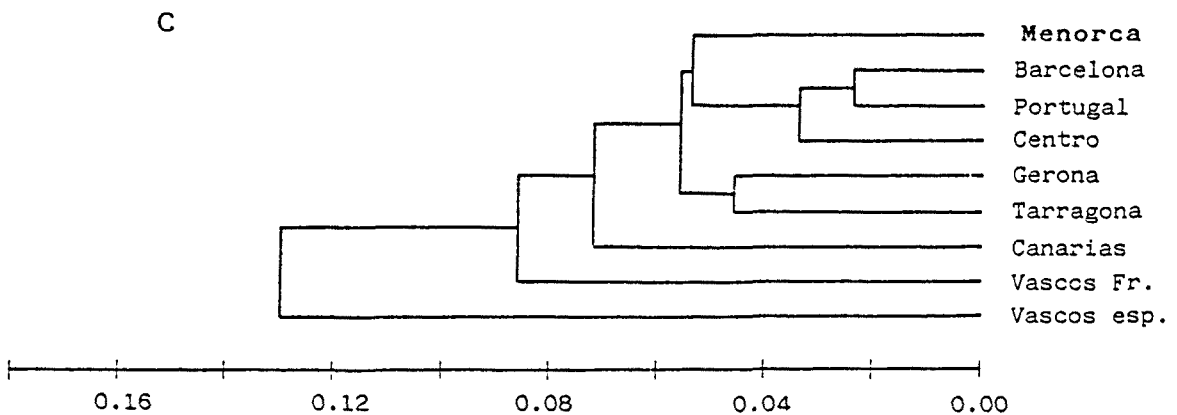
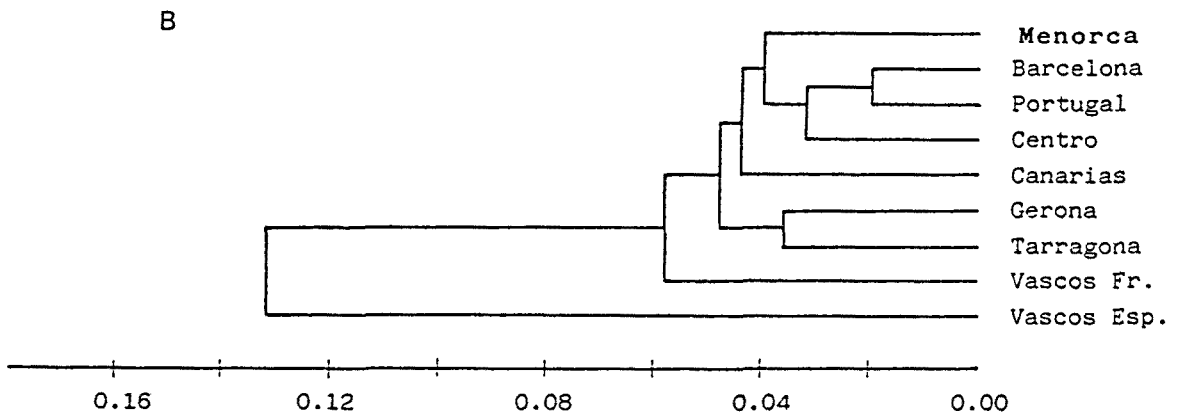
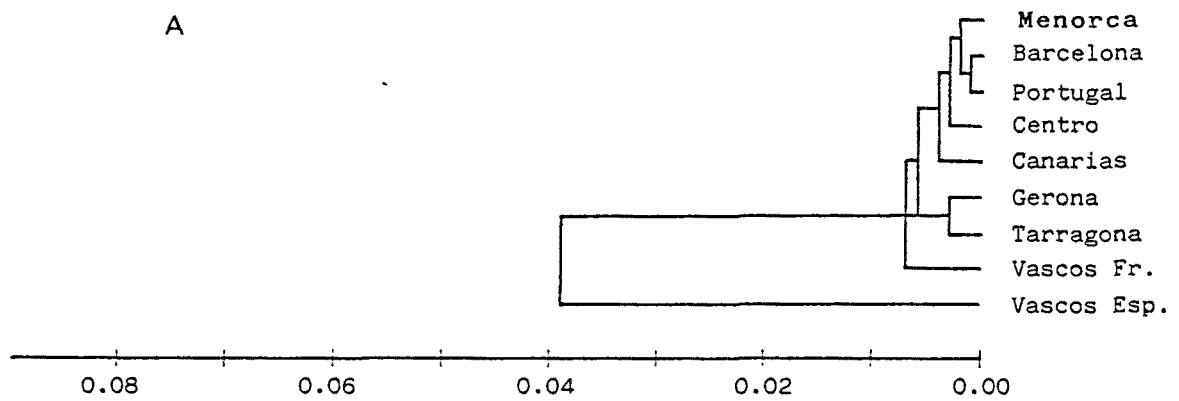


Figura 6.1: Dendrogramas obtenidos por el algoritmo UPGMA, a partir de las matrices de distancias genéticas según los coeficientes de Nei (A), Prevosti (B) y Edwards (C). Los índices de correlación cofenética (r_c) son respectivamente 0.967, 0.968 y 0.954.

Cuadro 6.2: Distancias genéticas entre poblaciones de la Península Ibérica, correspondientes a 5 loci de grupos sanguíneos.

Distancias genéticas según los índices de Nei (1972) (parte superior de la diagonal principal) y de Prevosti (1974) (parte inferior de la diagonal principal).

POBLACION	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1 Menorca	-----	0.003	0.011	0.008	0.004	0.028	0.005	0.003	0.006	0.006
2 Barcelona	0.040	-----	0.006	0.004	0.003	0.019	0.004	0.001	0.004	0.007
3 Gerona	0.071	0.048	-----	0.003	0.014	0.015	0.010	0.004	0.007	0.015
4 Tarragona	0.067	0.046	0.040	-----	0.009	0.019	0.010	0.003	0.006	0.012
5 Centro	0.051	0.031	0.057	0.053	-----	0.035	0.010	0.004	0.006	0.004
6 Vascos Esp.	0.103	0.095	0.095	0.106	0.120	-----	0.013	0.021	0.028	0.039
7 Vascos Fr.	0.052	0.048	0.077	0.077	0.073	0.079	-----	0.006	0.011	0.014
8 Portugal	0.046	0.022	0.037	0.046	0.035	0.103	0.053	-----	0.002	0.007
9 Canarias	0.062	0.046	0.063	0.064	0.058	0.125	0.076	0.037	-----	0.011
10 Galicia	0.063	0.063	0.081	0.075	0.048	0.144	0.092	0.062	0.079	-----

Distancias genéticas según el índice de Edwards (1971).

POBLACION	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1 Menorca	-----									
2 Barcelona	0.055	-----								
3 Gerona	0.064	0.071	-----							
4 Tarragona	0.057	0.052	0.051	-----						
5 Centro	0.062	0.035	0.077	0.061	-----					
6 Vascos Esp.	0.099	0.092	0.093	0.095	0.112	-----				
7 Vascos Fr.	0.078	0.073	0.104	0.100	0.092	0.088	-----			
8 Portugal	0.061	0.027	0.059	0.056	0.039	0.100	0.086	-----		
9 Canarias	0.094	0.072	0.085	0.086	0.078	0.128	0.127	0.056	-----	
10 Galicia	0.073	0.079	0.087	0.088	0.075	0.123	0.109	0.077	0.111	-----

Para el cálculo se han utilizado las frecuencias de los alelos: A_1 , A_2 , B, O; $CDE(R^2)$, $CDe(R^1)$, $cDE(R^2)$, $cDe(R^0)$, $CdE(r^y)$, $Cde(r')$, $cdE(r'')$, $cde(r)$; MS, Ms, NS, Ns; K, k; P_1 , P_2 .

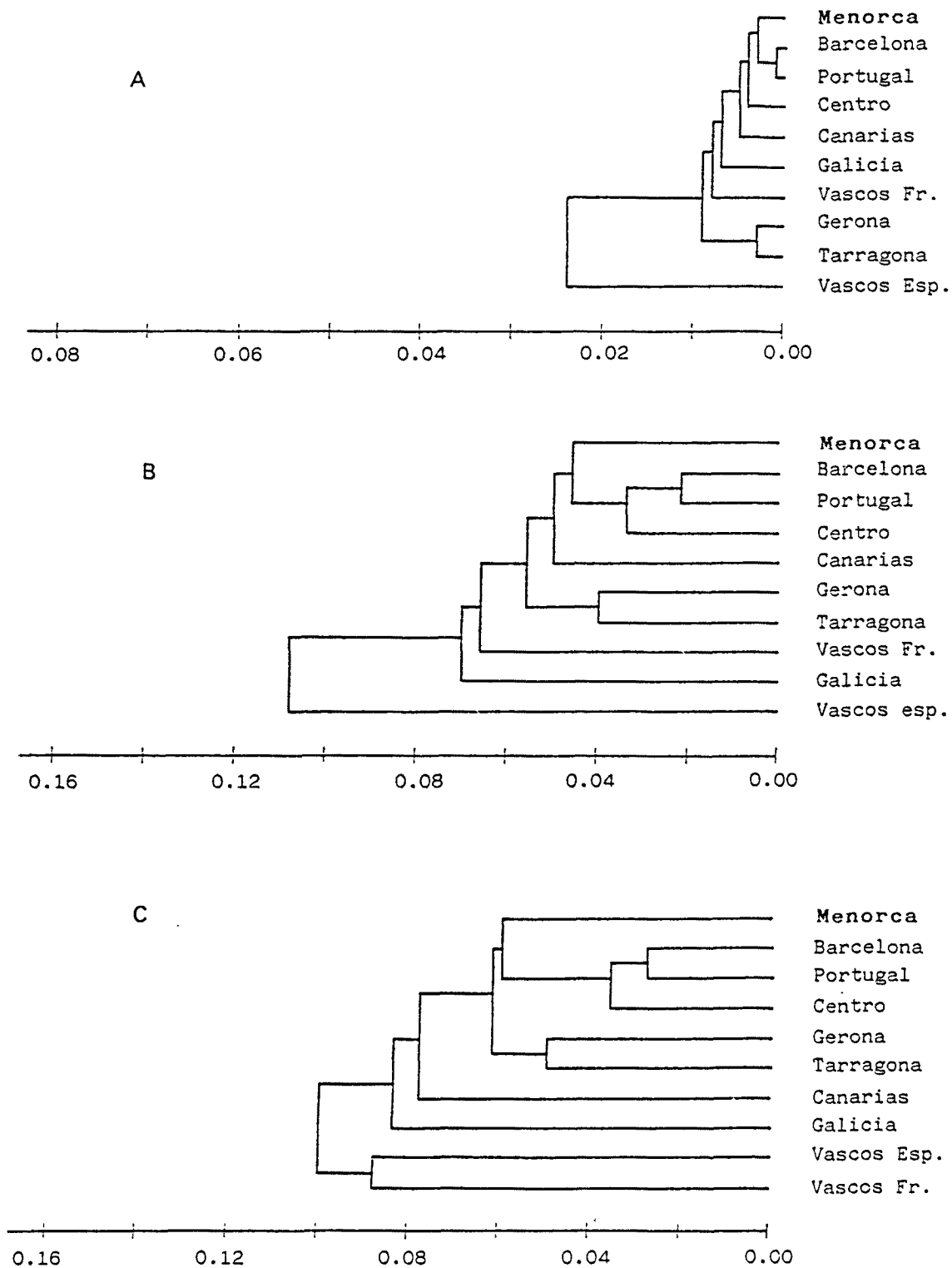


Figura 6.2: Dendrogramas obtenidos por el algoritmo UPGMA, a partir de las matrices de distancias genéticas según los coeficientes de Nei (A), Prevosti (B) y Edwards (C). Los índices de correlación cofenética (r_c) son respectivamente 0.848, 0.882 y 0.861.

que queda más separado de todos los demás, encontrándose las distancias máximas entre aquella población y las series del Centro, Canarias y Galicia, según los distintos índices. Por el contrario, de acuerdo con los resultados obtenidos, los vascos franceses resultan ser genéticamente más afines a las otras poblaciones peninsulares que los vascos españoles. Hay que exceptuar, sin embargo, los valores de la distancia de Edwards correspondiente a los cinco loci, según los cuales la separación de los dos grupos vascos con relación a las otras poblaciones de la Península es prácticamente similar, como queda expresado gráficamente en la figura 6.2 C.

B.- Distancias genéticas entre poblaciones del área mediterránea.

En los cuadros 6.3 y 6.4 se indican las matrices de distancias obtenidas mediante los tres coeficientes, entre diversos grupos circummediterráneos, correspondientes a seis loci de grupos sanguíneos (ABO, 4 alelos; Rh, 8 alelos; MNSs, 4 alelos; y Kell(K), P y Duffy(Fy), cada uno con dos alelos). En estas comparaciones se han incluido asimismo las poblaciones de la Península Ibérica consideradas en el apartado anterior, con el fin de estudiar las relaciones existentes entre ellas dentro de un contexto poblacional más amplio.

Los dendrogramas obtenidos a partir de las respectivas matrices de distancias están representados en las figuras 6.3 y 6.4.

Si se atiende a los valores encontrados, se observa que las distancias mínimas (0.002, 0.030 y 0.032, según los índices de Nei, Prevosti y Edwards, respectivamente) corresponden a distintos pares de poblaciones del Mediterráneo noroccidental. Por otro lado, llama la atención la notable separación entre el grupo de judíos de Israel y el de vascos españoles entre los que se presentan las distancias máximas (0.097, 0.205 y 0.197, según los índices de Nei, Prevosti

Cuadro 6.3: Distancias genéticas entre poblaciones mediterráneas, correspondientes a 6 loci de grupos sanguíneos.

Distancias genéticas según el índice de Nei (1972) (parte superior de la diagonal principal) y de Prevosti (1974) (parte inferior de la diagonal).

POBLACION	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19
1 Menorca	-----	0.002	0.009	0.007	0.004	0.044	0.004	0.003	0.003	0.024	0.003	0.004	0.004	0.004	0.023	0.010	0.019	0.031	0.003
2 Barcelona	0.033	-----	0.005	0.003	0.003	0.036	0.003	0.002	0.005	0.027	0.003	0.004	0.007	0.007	0.020	0.013	0.020	0.031	0.003
3 Gerona	0.061	0.042	-----	0.003	0.011	0.035	0.009	0.010	0.013	0.027	0.007	0.007	0.011	0.014	0.010	0.017	0.016	0.026	0.008
4 Tarragona	0.057	0.040	0.036	-----	0.008	0.035	0.008	0.008	0.011	0.033	0.008	0.008	0.012	0.014	0.014	0.018	0.022	0.031	0.007
5 Centro Esp.	0.046	0.030	0.050	0.049	-----	0.053	0.009	0.001	0.007	0.034	0.004	0.004	0.007	0.004	0.033	0.011	0.021	0.032	0.005
6 Vascos Esp.	0.133	0.126	0.127	0.134	0.150	-----	0.029	0.044	0.056	0.063	0.052	0.055	0.062	0.070	0.035	0.084	0.085	0.097	0.040
7 Vascos Fr.	0.047	0.043	0.070	0.066	0.069	0.109	-----	0.007	0.007	0.028	0.006	0.008	0.012	0.012	0.019	0.019	0.029	0.043	0.008
8 Francia Sur	0.043	0.029	0.058	0.051	0.029	0.140	0.063	-----	0.005	0.032	0.004	0.004	0.008	0.006	0.029	0.014	0.023	0.037	0.003
9 Córcega	0.038	0.053	0.077	0.076	0.055	0.155	0.062	0.053	-----	0.025	0.005	0.003	0.005	0.004	0.023	0.007	0.019	0.037	0.006
10 Cerdeña	0.101	0.108	0.106	0.118	0.128	0.155	0.106	0.120	0.112	-----	0.021	0.027	0.014	0.026	0.022	0.029	0.015	0.026	0.031
11 Italia Norte	0.040	0.041	0.059	0.069	0.046	0.141	0.060	0.050	0.053	0.101	-----	0.002	0.003	0.003	0.023	0.007	0.010	0.023	0.007
12 Italia Centro	0.044	0.045	0.058	0.068	0.048	0.158	0.066	0.049	0.044	0.116	0.030	-----	0.003	0.002	0.022	0.005	0.013	0.026	0.005
13 Italia Sur	0.046	0.052	0.074	0.081	0.059	0.153	0.075	0.065	0.053	0.092	0.034	0.036	-----	0.002	0.022	0.005	0.007	0.017	0.007
14 Sicilia	0.045	0.056	0.076	0.086	0.044	0.168	0.079	0.052	0.044	0.118	0.040	0.034	0.034	-----	0.032	0.004	0.012	0.024	0.007
15 Malta	0.085	0.085	0.074	0.086	0.103	0.131	0.090	0.095	0.089	0.106	0.094	0.086	0.091	0.098	-----	0.032	0.026	0.042	0.024
16 Grecia	0.064	0.078	0.094	0.098	0.079	0.187	0.098	0.086	0.060	0.130	0.063	0.055	0.048	0.047	0.115	-----	0.010	0.024	0.013
17 Chipre	0.103	0.100	0.085	0.102	0.104	0.189	0.121	0.109	0.104	0.097	0.075	0.082	0.067	0.080	0.111	0.077	-----	0.009	0.022
18 Judíos Israel	0.128	0.130	0.117	0.116	0.135	0.205	0.149	0.144	0.143	0.119	0.113	0.124	0.094	0.116	0.154	0.103	0.063	-----	0.031
19 Libia	0.040	0.045	0.062	0.058	0.051	0.144	0.056	0.047	0.057	0.125	0.061	0.044	0.056	0.059	0.090	0.076	0.104	0.134	-----

Para el cálculo se han utilizado las frecuencias de los alelos: A_1, A_2, B, O ; $CDE(R^2), CDE(R^1), cDE(R^2), cDE(R^1), Cde(r^2), Cde(r^1), cde(r^2), cde(r^1)$; MS, Ms, NS, K, k ; $P_1, P_2; Fy^a, Fy^b$.

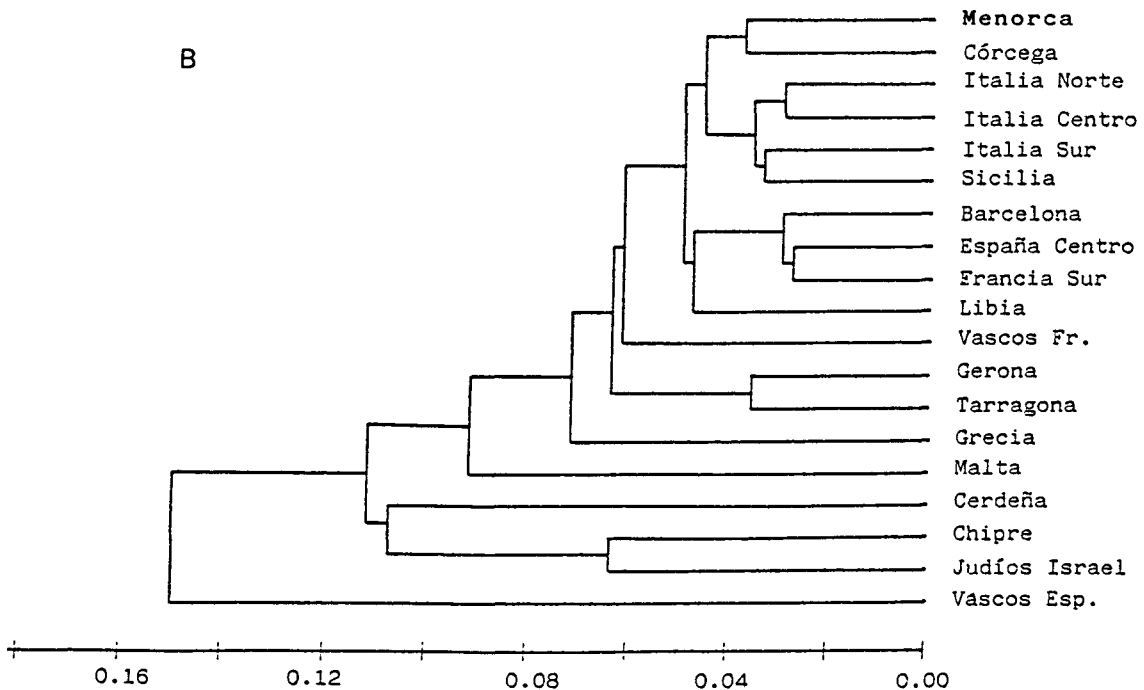
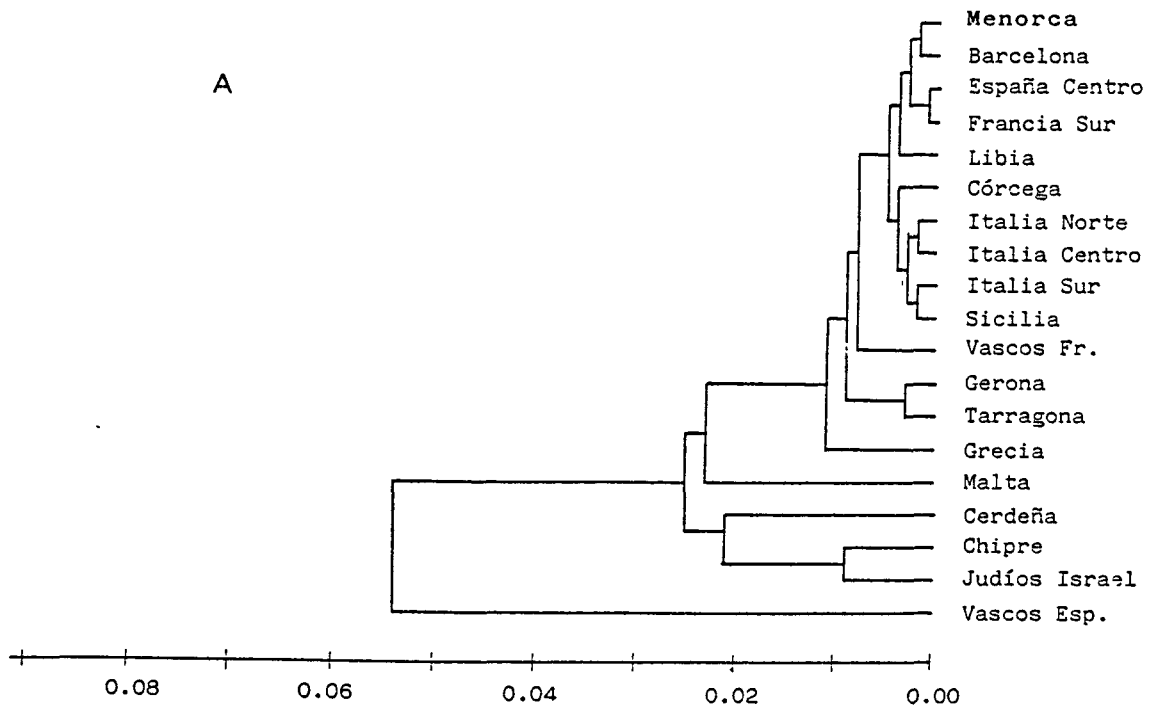


Figura 6.3: Dendrogramas obtenidos por el algoritmo UPGMA, a partir de las matrices de distancias genéticas según los coeficientes de Nei (A) y Prevosti (B). Los índices de correlación cofenética (r_c) son respectivamente 0.885 y 0.917.

Cuadro 6.4: Distancias genéticas entre poblaciones mediterráneas, correspondientes a 6 loci de grupos san-
guíneos.

Distancias genéticas según el índice de Edwards (1971)

POBLACION	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19
1 Menorca	-----																		
2 Barcelona	0.050	-----																	
3 Gerona	0.059	0.065	-----																
4 Tarragona	0.052	0.048	0.047	-----															
5 Centro Esp.	0.057	0.032	0.071	0.056	-----														
6 Vascos Esp.	0.130	0.125	0.128	0.125	0.142	-----													
7 Vascos Fr.	0.072	0.066	0.095	0.091	0.084	0.118	-----												
8 Francia Sur	0.056	0.044	0.065	0.061	0.045	0.132	0.090	-----											
9 Córcega	0.057	0.054	0.081	0.076	0.062	0.148	0.086	0.050	-----										
10 Cerdeña	0.120	0.123	0.136	0.134	0.130	0.173	0.148	0.130	0.127	-----									
11 Italia N.	0.045	0.048	0.056	0.063	0.047	0.139	0.077	0.056	0.066	0.110	-----								
12 Italia Cent.	0.059	0.059	0.053	0.068	0.056	0.149	0.098	0.053	0.057	0.124	0.043	-----							
13 Italia S.	0.055	0.063	0.068	0.072	0.065	0.156	0.102	0.070	0.065	0.098	0.051	0.045	-----						
14 Sicilia	0.053	0.056	0.071	0.072	0.051	0.150	0.097	0.060	0.057	0.114	0.041	0.033	0.032	-----					
15 Malta	0.098	0.091	0.080	0.093	0.107	0.140	0.105	0.099	0.095	0.133	0.094	0.095	0.100	0.108	-----				
16 Grecia	0.079	0.094	0.082	0.089	0.089	0.178	0.128	0.092	0.086	0.124	0.074	0.061	0.058	0.055	0.131	-----			
17 Chipre	0.100	0.099	0.092	0.104	0.099	0.191	0.137	0.096	0.097	0.123	0.087	0.086	0.077	0.083	0.089	0.107	-----		
18 Judfos Isr.	0.115	0.117	0.108	0.109	0.115	0.197	0.159	0.126	0.130	0.131	0.109	0.107	0.083	0.098	0.144	0.104	0.094	-----	
19 Libia	0.064	0.064	0.067	0.068	0.067	0.142	0.108	0.059	0.063	0.140	0.077	0.057	0.062	0.064	0.103	0.090	0.096	0.106	-----

Para el cálculo se han utilizado las frecuencias de los alelos: $A_1, A_2, B, O; cDe(R^2), cDe(R^1), cDe(R^0), cDe(R^y), cDe(R^x), cDe(R^{xy}), cDe(R^{xy})$, $MS, Ms, NS, Ns; K, k; P_1, P_2; Fy^a, Fy^b$.

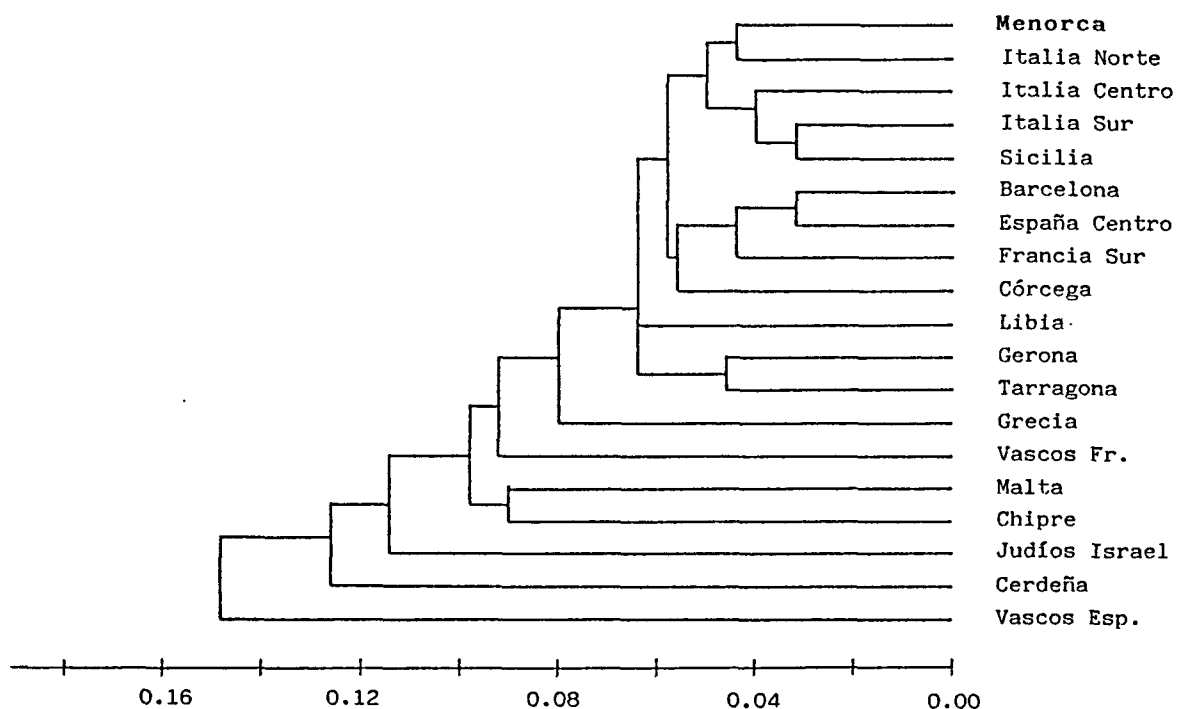


Figura 6.4: Dendrograma obtenido mediante el algoritmo UPGMA, a partir de la matriz de distancias genéticas según el coeficiente de Edwards. El índice de correlación cofenética es $r_c = 0.924$.

y Edwards, respectivamente).

Los resultados de las distancias genéticas parecen indicar que, con respecto a todas las poblaciones comparadas, la serie de Menorca presenta la mayor afinidad genética con Barcelona y otros grupos continentales del noroeste del Mediterráneo (sur de Francia y península italiana), así como con las poblaciones insulares de Córcega y Sicilia (cuadro 6.3 y 6.4).

En las figuras 6.3 y 6.4 se puede apreciar que la mayoría de las poblaciones del Mediterráneo noroccidental se encuentran reunidas formando un "cluster" dentro del cual la ordenación de las distintas series es diferente según el índice de distancia utilizado. Dentro

de este "cluster", Menorca está agrupada bien con Barcelona, o con Córcega, o con Italia norte, según los distintos dendrogramas.

Con respecto a este núcleo principal de poblaciones mediterráneas noroccidentales, llama la atención, por un lado, la afinidad que presenta la serie norteafricana de Libia con estas poblaciones, y por otro, una cierta separación de las dos muestras catalanas de Gerona y Tarragona.

Las restantes poblaciones van quedando unidas sucesivamente al "cluster" indicado, a medida que decrece la afinidad, destacando Cerdeña, Chipre y los judíos de Israel, que quedan relativamente más separados dentro del ámbito mediterráneo. Por último, los vascos españoles constituyen la serie más distante con respecto a todas las muestras comparadas.

En resumen, de acuerdo con los resultados obtenidos es manifiesta la estrecha afinidad genética de la serie de Menorca con otras poblaciones del noroeste del Mediterráneo para los sistemas de grupos sanguíneos analizados. Asimismo, puede inferirse que estas poblaciones circunmediterráneas noroccidentales son más semejantes entre sí que las pertenecientes a otras zonas de la misma área geográfica.

Comparación de la serie de Menorca con otras poblaciones insulares del Mediterráneo.- A fin de poner de manifiesto las posibles relaciones de afinidad entre grupos de población insular, se han construido los dendrogramas (figura 6.5) a partir de las distancias genéticas entre seis islas mediterráneas (cuadros 6.3 y 6.4), correspondientes a seis loci de grupos sanguíneos.

En las tres clasificaciones obtenidas (figura 6.5) es patente la estrecha afinidad genética del grupo formado por Menorca, Córcega y Sicilia, que quedan claramente más separadas de las otras poblaciones insulares consideradas (Chipre, Malta y Cerdeña).

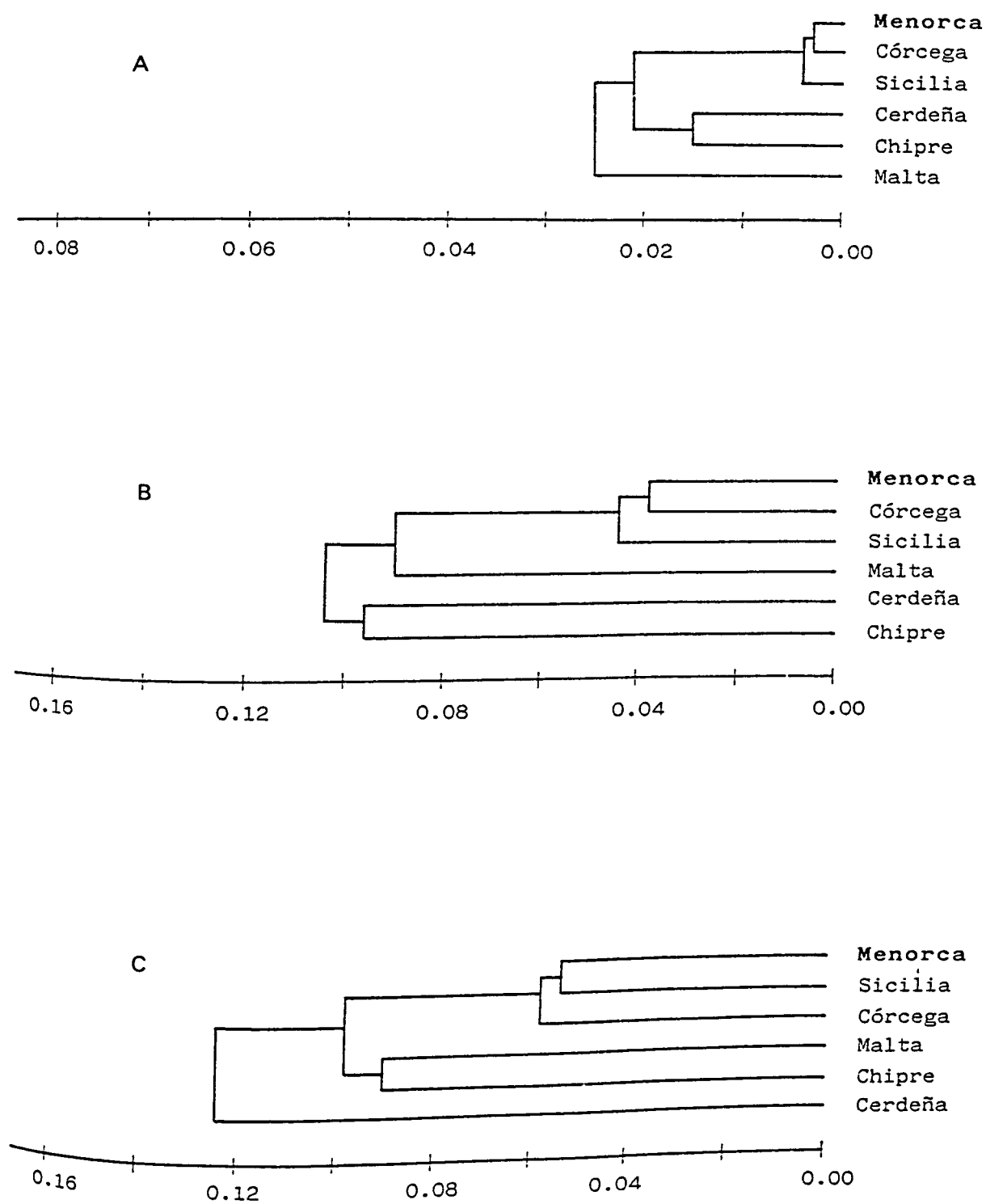


Figura 6.5: Dendrogramas obtenidos mediante el algoritmo UPGMA, a partir de las matrices de distancias genéticas según los coeficientes de Nei (A), Prevosti (B) y Edwards (C). Los índices de correlación cofenética son respectivamente 0.902, 0.947 y 0.971.

C.- Distancias genéticas entre diversas poblaciones europeas.

Se ha realizado un análisis de las distancias genéticas entre 35 poblaciones europeas habiéndose incluido lógicamente en las comparaciones grupos poblacionales considerados en los apartados anteriores, a fin de obtener una visión más global de las relaciones existentes entre todas estas poblaciones. En los cuadros 6.5 y 6.6 se muestran las matrices de distancias genéticas entre las 35 poblaciones, calculadas a partir de las frecuencias alélicas de seis loci de grupos sanguíneos (ABO, 4 alelos; Rh, 8 alelos; MNSs, 4 alelos, y Kell(K), P y Duffy(Fy), con dos alelos cada uno).

Los dendrogramas construídos a partir de las respectivas matrices de distancias genéticas, se hallan representados en las figuras 6.6, 6.7 y 6.8.

Las distancias genéticas más pequeñas (con mínimos de 0.001, 0.015 y 0.021, según los coeficientes de Nei, Prevosti y Edwards respectivamente) corresponden a comparaciones entre pares de poblaciones del Centro y Norte de Europa (Suecia, Noruega, Dinamarca, Alemania, Holanda, etc.). Por el contrario, las diferencias más acusadas se presentan, en general, entre los lapones, vascos españoles y Cerdeña, por un lado, y las restantes poblaciones consideradas, por el otro. Los valores máximos (0.210, 0.288 y 0.279, según los índices de Nei, Prevosti y Edwards, respectivamente) corresponden a la distancia entre lapones y vascos españoles.

De acuerdo con los valores de distancia obtenidos, Menorca presenta la mayor afinidad genética con algunas poblaciones de la Península Ibérica y de otras zonas del Mediterráneo noroccidental, mostrando un grado de proximidad similar solamente con unas pocas series centroeuropeas (Francia norte y Holanda).

Cuadro 6.5: Distancias genéticas entre poblaciones europeas, correspondientes a 6 loci de grupos sanguíneos.

Distancias genéticas según el índice de Nei (1972) (parte superior de la diagonal principal) y de Prevosti (1974) (parte inferior de la diagonal).

POLACIONES	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35		
1 Navarra	—	0.002	0.009	0.007	0.004	0.044	0.004	0.003	0.006	0.124	0.005	0.005	0.014	0.019	0.013	0.014	0.010	0.008	0.015	0.004	0.004	0.002	0.003	0.003	0.006	0.005	0.003	0.003	0.003	0.024	0.003	0.004	0.004	0.004	0.004	0.023	0.010
2 Barcelona	0.033	—	0.005	0.003	0.026	0.003	0.001	0.003	0.003	0.122	0.003	0.003	0.010	0.013	0.010	0.014	0.008	0.003	0.015	0.003	0.003	0.002	0.003	0.003	0.006	0.005	0.003	0.004	0.002	0.003	0.027	0.003	0.004	0.004	0.004	0.023	0.010
3 Girona	0.061	0.042	—	0.013	0.011	0.035	0.009	0.003	0.005	0.090	0.005	0.005	0.008	0.013	0.010	0.014	0.013	0.008	0.008	0.008	0.005	0.003	0.003	0.003	0.006	0.005	0.003	0.004	0.002	0.010	0.013	0.007	0.007	0.011	0.014	0.010	0.017
4 Teruel	0.057	0.040	0.036	—	0.008	0.035	0.008	0.003	0.005	0.108	0.005	0.006	0.013	0.028	0.013	0.017	0.013	0.007	0.011	0.006	0.005	0.005	0.007	0.005	0.009	0.009	0.009	0.008	0.011	0.033	0.008	0.008	0.012	0.014	0.014	0.018	
5 Centro Esp.	0.046	0.030	0.030	0.049	—	0.053	0.009	0.004	0.005	0.132	0.004	0.003	0.012	0.028	0.011	0.016	0.008	0.003	0.012	0.002	0.002	0.003	0.006	0.001	0.004	0.001	0.004	0.001	0.007	0.034	0.004	0.004	0.007	0.004	0.003	0.011	
6 Vascon Esp.	0.133	0.128	0.127	0.134	0.130	—	0.028	0.028	0.044	0.215	0.048	0.052	0.055	0.050	0.070	0.064	0.058	0.050	0.051	0.053	0.048	0.045	0.054	0.054	0.054	0.054	0.054	0.044	0.054	0.044	0.054	0.044	0.054	0.044	0.054	0.044	
7 Vascon Fr.	0.047	0.043	0.070	0.066	0.069	0.109	—	0.025	0.008	0.135	0.007	0.009	0.016	0.014	0.018	0.017	0.016	0.011	0.019	0.008	0.008	0.007	0.008	0.004	0.011	0.008	0.007	0.007	0.028	0.008	0.008	0.012	0.012	0.018	0.019		
8 Portugal	0.038	0.019	0.032	0.040	0.033	0.133	0.046	—	0.002	0.108	0.003	0.003	0.008	0.017	0.008	0.012	0.017	0.015	0.003	0.009	0.002	0.001	0.002	0.002	0.001	0.002	0.003	0.006	0.008	0.023	0.002	0.003	0.005	0.006	0.018	0.011	
9 Canarias	0.052	0.039	0.054	0.058	0.052	0.151	0.068	0.031	—	0.110	0.006	0.003	0.011	0.022	0.010	0.014	0.009	0.005	0.011	0.005	0.004	0.004	0.004	0.004	0.004	0.007	0.006	0.007	0.003	0.005	0.007	0.003	0.005	0.006	0.008	0.019	
10 Lapones	0.244	0.236	0.202	0.229	0.240	0.288	0.260	0.218	0.222	—	0.103	0.100	0.083	0.099	0.076	0.090	0.118	0.112	0.074	0.078	0.103	0.103	0.111	0.106	0.117	0.117	0.105	0.139	0.121	0.088	0.101	0.104	0.092	0.108	0.083	0.087	
11 Noruega	0.050	0.036	0.047	0.053	0.042	0.136	0.060	0.036	0.054	0.223	—	0.001	0.004	0.018	0.008	0.012	0.008	0.004	0.008	0.004	0.001	0.001	0.003	0.001	0.001	0.002	0.003	0.003	0.005	0.008	0.029	0.003	0.003	0.006	0.007	0.022	0.011
12 Suecia	0.050	0.036	0.043	0.053	0.037	0.145	0.067	0.034	0.055	0.208	0.035	—	0.004	0.018	0.004	0.009	0.004	0.002	0.004	0.002	0.004	0.001	0.001	0.001	0.001	0.002	0.002	0.002	0.004	0.008	0.027	0.002	0.003	0.003	0.006	0.007	0.022
13 Finlandia	0.092	0.073	0.083	0.078	0.078	0.158	0.093	0.043	0.077	0.188	0.058	0.048	—	0.018	0.003	0.007	0.008	0.007	0.008	0.007	0.004	0.007	0.006	0.006	0.005	0.011	0.010	0.008	0.013	0.019	0.025	0.008	0.009	0.010	0.012	0.028	0.014
14 Islandia	0.098	0.098	0.098	0.105	0.107	0.147	0.086	0.091	0.113	0.219	0.088	0.085	0.083	—	0.030	0.013	0.028	0.026	0.025	0.019	0.020	0.018	0.020	0.018	0.020	0.018	0.020	0.018	0.025	0.016	0.018	0.015	0.019	0.016	0.023	0.021	0.021
15 URSS Moscú	0.078	0.063	0.066	0.078	0.068	0.161	0.068	0.052	0.073	0.181	0.055	0.042	0.042	0.093	—	0.007	0.003	0.006	0.003	0.006	0.007	0.005	0.010	0.008	0.007	0.005	0.010	0.008	0.013	0.015	0.027	0.005	0.007	0.007	0.008	0.029	0.008
16 URSS Cáucaso	0.083	0.081	0.088	0.098	0.083	0.133	0.098	0.075	0.065	0.202	0.080	0.072	0.083	0.093	0.054	—	0.015	0.016	0.011	0.013	0.011	0.011	0.011	0.011	0.012	0.010	0.017	0.008	0.018	0.017	0.031	0.010	0.013	0.013	0.014	0.032	0.010
17 Polonia	0.065	0.058	0.071	0.080	0.048	0.150	0.088	0.060	0.076	0.218	0.047	0.041	0.058	0.073	0.047	0.080	—	0.002	0.008	0.005	0.004	0.004	0.004	0.004	0.004	0.004	0.002	0.003	0.002	0.003	0.004	0.008	0.008	0.009	0.007	0.038	0.014
18 Checoslovaq.	0.048	0.038	0.053	0.058	0.034	0.150	0.071	0.038	0.057	0.219	0.045	0.035	0.085	0.102	0.049	0.098	0.034	—	0.008	0.002	0.002	0.003	0.003	0.003	0.003	0.003	0.002	0.003	0.004	0.010	0.027	0.004	0.004	0.006	0.005	0.038	
19 Hungría	0.064	0.064	0.057	0.072	0.068	0.162	0.087	0.052	0.073	0.177	0.051	0.042	0.042	0.103	0.027	0.089	0.054	0.031	—	0.006	0.004	0.007	0.005	0.012	0.008	0.008	0.014	0.018	0.034	0.037	0.007	0.010	0.010	0.027	0.011		
20 Dinamarca	0.050	0.040	0.051	0.054	0.035	0.146	0.045	0.036	0.050	0.224	0.032	0.020	0.062	0.087	0.056	0.043	0.048	0.036	0.053	—	0.001	0.001	0.001	0.001	0.001	0.001	0.002	0.003	0.003	0.006	0.029	0.003	0.002	0.005	0.004	0.033	0.009
21 Alemania	0.046	0.031	0.040	0.040	0.030	0.146	0.043	0.034	0.048	0.214	0.037	0.015	0.033	0.091	0.047	0.078	0.048	0.028	0.041	0.030	—	0.001	0.001	0.001	0.001	0.001	0.001	0.002	0.003	0.007	0.028	0.001	0.002	0.005	0.004	0.033	0.008
22 Irlanda	0.037	0.038	0.048	0.081	0.030	0.148	0.062	0.032	0.048	0.227	0.032	0.037	0.087	0.087	0.058	0.078	0.051	0.037	0.057	0.022	0.018	—	0.001	0.001	0.001	0.001	0.001	0.002	0.003	0.004	0.028	0.001	0.001	0.004	0.004	0.028	0.009
23 Owen Brewná	0.054	0.038	0.041	0.054	0.037	0.146	0.065	0.036	0.048	0.217	0.032	0.037	0.087	0.087	0.058	0.078	0.051	0.037	0.057	0.022	0.018	0.008	—	0.001	0.001	0.001	0.002	0.003	0.004	0.028	0.001	0.001	0.004	0.004	0.028	0.009	
24 Irlanda	0.060	0.048	0.041	0.068	0.057	0.137	0.046	0.044	0.042	0.239	0.042	0.045	0.076	0.065	0.065	0.075	0.068	0.062	0.064	0.040	0.039	0.039	0.041	—	0.001	0.001	0.001	0.002	0.003	0.004	0.029	0.005	0.004	0.006	0.008	0.021	0.010
25 Suiza	0.051	0.039	0.061	0.048	0.024	0.155	0.073	0.041	0.061	0.234	0.036	0.032	0.071	0.104	0.063	0.095	0.044	0.031	0.063	0.028	0.027	0.031	0.033	0.036	—	0.004	0.003	0.009	0.033	0.004	0.004	0.007	0.003	0.004	0.030	0.012	
26 Francia N.	0.040	0.044	0.064	0.064	0.042	0.142	0.068	0.042	0.067	0.219	0.038	0.028	0.059	0.080	0.051	0.070	0.042	0.038	0.060	0.035	0.031	0.031	0.040	0.059	0.040	—	0.005	0.008	0.023	0.001	0.005	0.004	0.004	0.029	0.009		
27 Francia S.	0.043	0.029	0.058	0.051	0.029	0.140	0.063	0.035	0.043	0.245	0.043	0.051	0.082	0.111	0.083	0.098	0.055	0.047	0.078	0.045	0.045	0.041	0.047	0.060	0.043	0.052	—	0.005	0.032	0.004	0.004	0.006	0.006	0.029	0.014		
28 Ginebra	0.038	0.053	0.077	0.078	0.058	0.135	0.062	0.056	0.052	0.241	0.048	0.068	0.107	0.098	0.091	0.098	0.083	0.088	0.088	0.059	0.058	0.057	0.064	0.054	0.056	0.064	0.053	—	0.023	0.005	0.003	0.005	0.004	0.023	0.007		
29 Carada	0.101	0.108	0.106	0.118	0.128	0.135	0.106	0.104	0.114	0.189	0.118	0.121	0.115	0.084	0.125	0.121	0.111	0.117	0.108	0.118	0.122	0.117	0.112	0.130	0.111	0.120	0.112	—	0.021	0.027	0.014	0.028	0.022	0.029			
30 Italia																																					

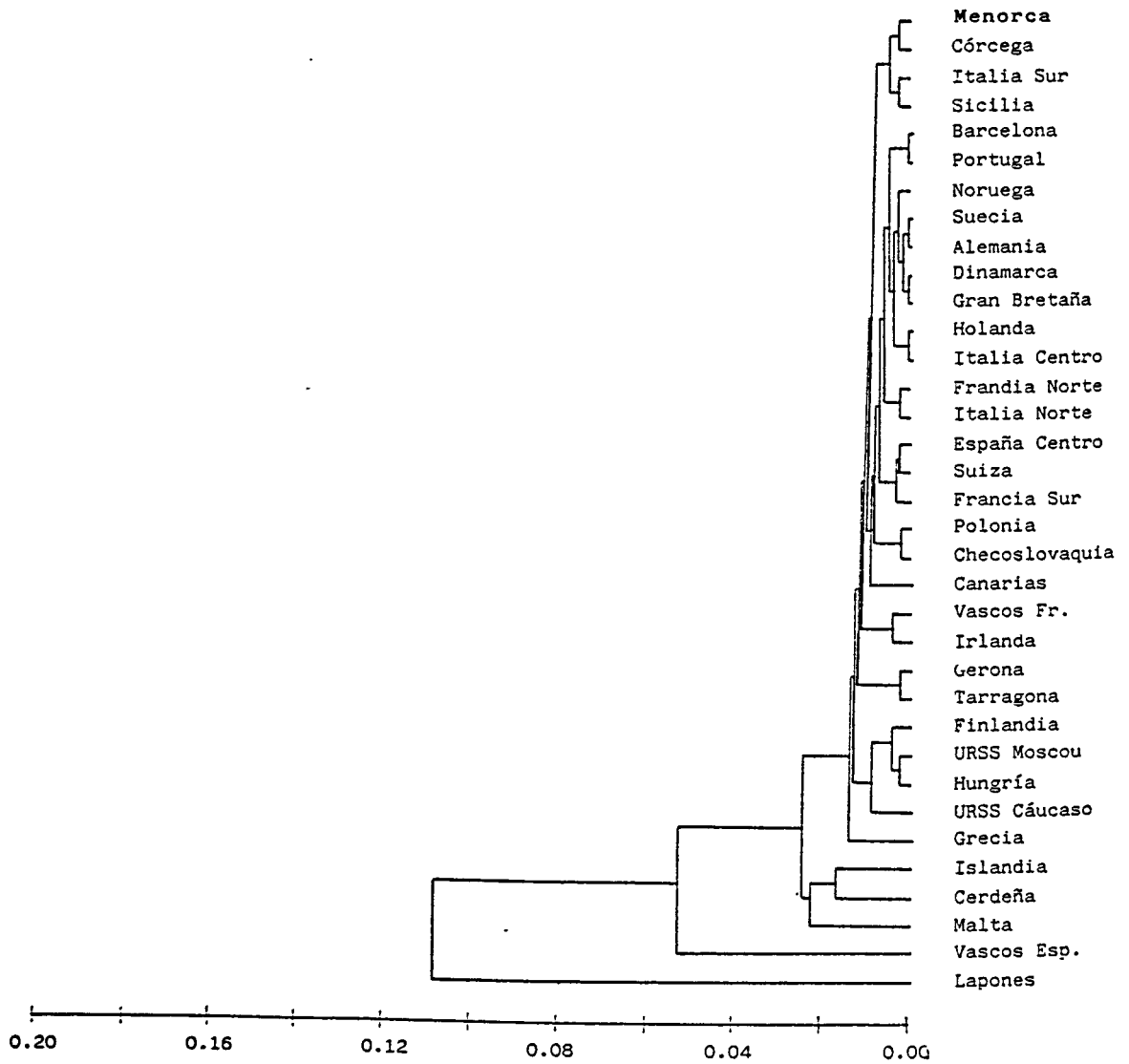


Figura 6.6: Dendrograma obtenido mediante el algoritmo UPGMA, a partir de la matriz de distancias genéticas según el coeficiente de Nei. El índice de correlación cofenética es $r_c = 0.963$.

En relación con lo indicado anteriormente, los dendrogramas de las figuras 6.6, 6.7 y 6.8 permiten observar distintos conjuntos de poblaciones que se van agregando unos con otros sucesivamente. De un modo general, se pueden distinguir los siguientes grupos:

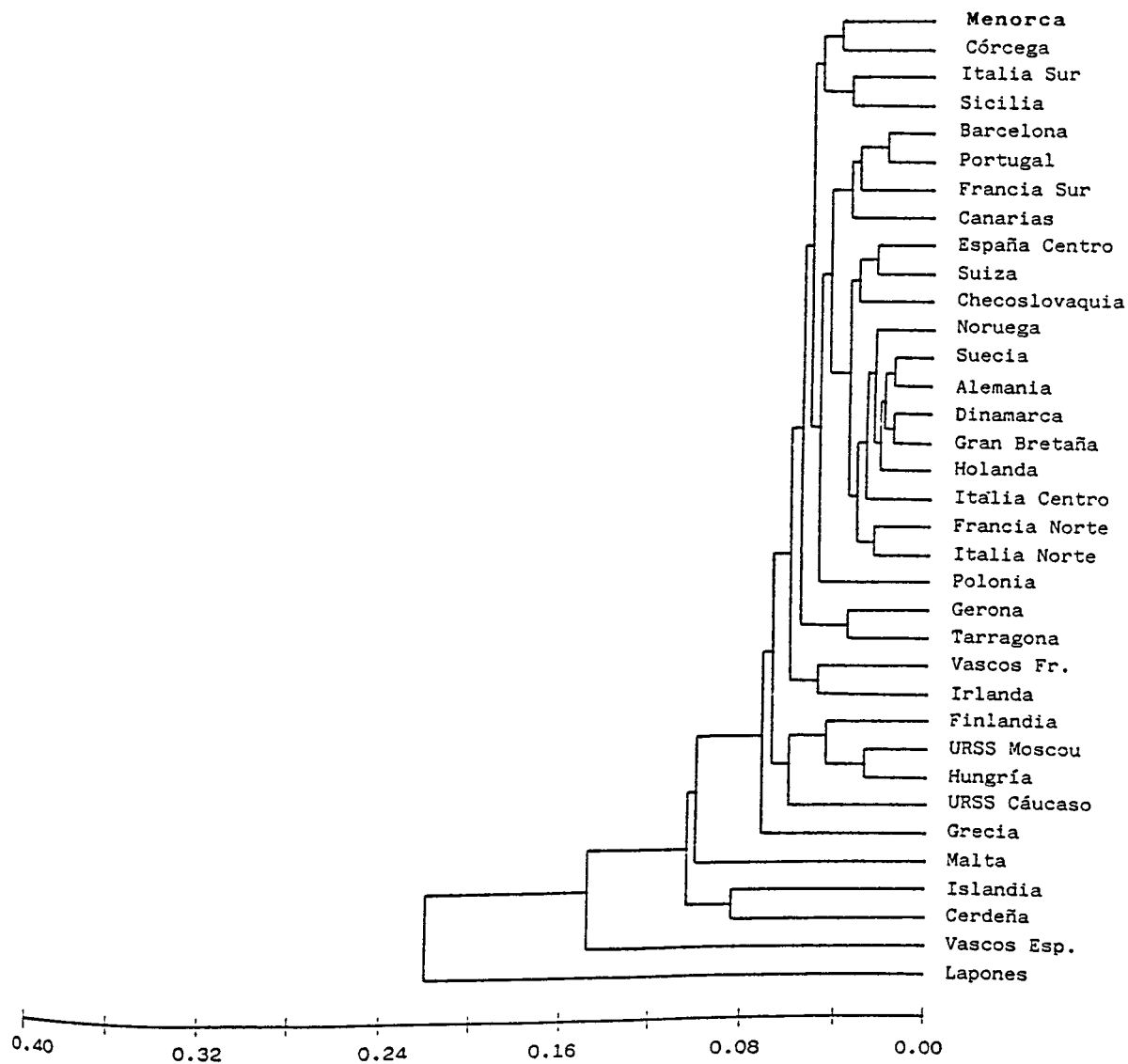


Figura 6.7: Dendrograma obtenido mediante el algoritmo UPGMA, a partir de la matriz de distancias genéticas según el coeficiente de Prevosti. El índice de correlación cofenética es $r_c = 0.964$.

- Un núcleo formado por diversas muestras del Centro y Norte de Europa (Noruega, Suecia, Dinamarca, Alemania, ...) muy próximas entre sí, con mayor afinidad entre ellas que la existente en las otras poblaciones.

Cuadro 6.6: Distancias genéticas entre poblaciones europeas, correspondientes a 6 loci de grupos sanguíneos.

Distancias genéticas según el índice de Edwards (1971)

POBLACIONES	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35					
1 Murcia	0.050																																							
2 Barcelona	0.059	0.065																																						
3 Girona	0.052	0.048	0.047																																					
4 Terragona	0.057	0.032	0.071	0.058																																				
5 Centro Esp.	0.130	0.125	0.128	0.125	0.142																																			
6 Vascos Esp.	0.072	0.066	0.095	0.091	0.084	0.118																																		
7 Vascos Fr.	0.056	0.025	0.053	0.051	0.038	0.130	0.079																																	
8 Portugal	0.060	0.066	0.078	0.079	0.071	0.149	0.118	0.051																																
9 Canarias	0.208	0.204	0.178	0.186	0.208	0.279	0.231	0.188	0.188																															
10 Laponia	0.084	0.046	0.056	0.063	0.045	0.140	0.073	0.045	0.068	0.191																														
11 Noruega	0.056	0.047	0.050	0.053	0.042	0.145	0.085	0.041	0.081	0.184	0.031																													
12 Suecia	0.112	0.098	0.102	0.109	0.099	0.167	0.118	0.097	0.123	0.191	0.084	0.083																												
13 Finlandia	0.095	0.092	0.101	0.112	0.101	0.168	0.086	0.090	0.120	0.200	0.087	0.087	0.116																											
14 Islandia	0.083	0.067	0.078	0.078	0.087	0.169	0.119	0.082	0.091	0.019	0.087	0.054	0.074	0.104																										
15 URSS Moscow	0.086	0.084	0.088	0.087	0.089	0.161	0.119	0.082	0.084	0.190	0.096	0.095	0.084	0.106	0.071																									
16 URSS Caucasus	0.074	0.069	0.073	0.074	0.082	0.135	0.085	0.078	0.194	0.089	0.096	0.096	0.090	0.117	0.046	0.083																								
17 Polonia	0.083	0.052	0.067	0.060	0.050	0.146	0.105	0.051	0.078	0.195	0.062	0.048	0.061	0.109	0.045	0.089	0.030																							
18 Checoslova.	0.083	0.070	0.062	0.072	0.064	0.165	0.114	0.061	0.093	0.168	0.055	0.044	0.078	0.107	0.038	0.084	0.048	0.048																						
19 Hungría	0.084	0.046	0.061	0.063	0.042	0.147	0.063	0.044	0.083	0.131	0.028	0.023	0.028	0.067	0.098	0.099	0.042	0.050	0.050																					
20 Dinamarca	0.049	0.038	0.046	0.048	0.038	0.142	0.083	0.039	0.071	0.166	0.037	0.021	0.042	0.083	0.090	0.081	0.050	0.036	0.041	0.030																				
21 Alemania	0.065	0.061	0.069	0.070	0.053	0.146	0.092	0.058	0.068	0.198	0.037	0.048	0.118	0.082	0.108	0.078	0.087	0.070	0.048	0.050																				
22 Holanda	0.081	0.053	0.047	0.056	0.045	0.143	0.093	0.044	0.075	0.188	0.032	0.025	0.080	0.083	0.049	0.043	0.038	0.029	0.023	0.054																				
23 Gran Bretaña	0.089	0.055	0.078	0.078	0.080	0.141	0.077	0.059	0.090	0.208	0.055	0.053	0.086	0.062	0.072	0.094	0.060	0.068	0.071	0.044	0.033	0.037	0.054																	
24 Irlanda	0.052	0.044	0.059	0.045	0.033	0.142	0.068	0.048	0.084	0.201	0.045	0.037	0.066	0.107	0.064	0.080	0.057	0.043	0.057	0.043	0.028	0.028	0.041	0.048																
25 Suiza	0.056	0.046	0.062	0.058	0.060	0.141	0.077	0.048	0.083	0.193	0.040	0.035	0.084	0.085	0.094	0.085	0.081	0.055	0.081	0.048	0.038	0.054	0.083	0.042																
26 Francia 1.	0.057	0.054	0.061	0.078	0.062	0.148	0.086	0.051	0.068	0.201	0.077	0.078	0.112	0.096	0.091	0.098	0.091	0.080	0.094	0.073	0.087	0.071	0.077	0.071	0.079	0.068	0.050													
27 Francia 2.	0.120	0.123	0.136	0.115	0.130	0.173	0.148	0.124	0.138	0.205	0.141	0.133	0.140	0.119	0.122	0.123	0.129	0.116	0.135	0.177	0.125	0.136	0.135	0.131	0.128	0.123	0.130	0.117												
28 Carcas	0.045	0.048	0.056	0.043	0.047	0.139	0.077	0.047	0.082	0.193	0.049	0.042	0.066	0.088	0.084	0.081	0.082	0.051	0.055	0.050	0.031	0.057	0.043	0.058	0.042	0.037	0.046	0.084	0.110											
29 Italia N.	0.059	0.059	0.053	0.068	0.058	0.149	0.098	0.048	0.088	0.185	0.037	0.032	0.066	0.098	0.083	0.085	0.056	0.081	0.054	0.052	0.039	0.084	0.038	0.042	0.058	0.041	0.053	0.037	0.124	0.043										
30 Italia S.	0.055	0.043	0.068	0.072	0.045	0.156	0.102	0.054	0.072	0.175	0.049	0.090	0.092	0.098	0.082	0.098	0.055	0.073	0.059	0.062	0.087	0.068	0.051	0.079	0.056	0.078	0.061	0.058	0.070	0.095	0.086	0.061	0.045							
31 Sicilia	0.053	0.056	0.071	0.072	0.081	0.160	0.097	0.052	0.087	0.188	0.062	0.054	0.090	0.101	0.054	0.088	0.058	0.059	0.052	0.087	0.068	0.068	0.068	0.053	0.053	0.053	0.060	0.057	0.114	0.041	0.033	0.032								
32 Malta	0.098	0.091	0.080	0.093	0.107	0.180	0.105	0.083	0.108	0.178	0.097	0.091	0.138	0.096	0.110	0.134	0.121	0.101	0.104	0.089	0.088	0.094	0.087	0.068	0.108	0.104	0.099	0.095	0.133	0.084	0.095	0.100	0.100	0.108						
33 Grecia	0.078	0.094	0.082	0.089	0.089	0.178	0.128	0.066	0.089	0.180	0.095	0.085	0.105	0.118	0.082	0.088	0.085	0.088	0.083	0.084	0.077	0.098	0.077	0.085	0.064	0.086	0.086	0.124	0.074	0.061	0.058	0.055	0.131							

Para el cálculo se han utilizado las frecuencias de los alelos: $A_1, A_2, B, O; cDe(R^2), cDe(R^1), cDe(R^0), cDe(R^3), cDe(R^4), cDe(R^5), cDe(R^6), cDe(R^7), cDe(R^8), cDe(R^9), cDe(R^{10}), cDe(R^{11}), cDe(R^{12}), cDe(R^{13}), cDe(R^{14}), cDe(R^{15}), cDe(R^{16}), cDe(R^{17}), cDe(R^{18}), cDe(R^{19}), cDe(R^{20}), cDe(R^{21}), cDe(R^{22}), cDe(R^{23}), cDe(R^{24}), cDe(R^{25}), cDe(R^{26}), cDe(R^{27}), cDe(R^{28}), cDe(R^{29}), cDe(R^{30}), cDe(R^{31}), cDe(R^{32}), cDe(R^{33}), cDe(R^{34}), cDe(R^{35})$

$P_1, P_2; Fy^a, Fy^b$

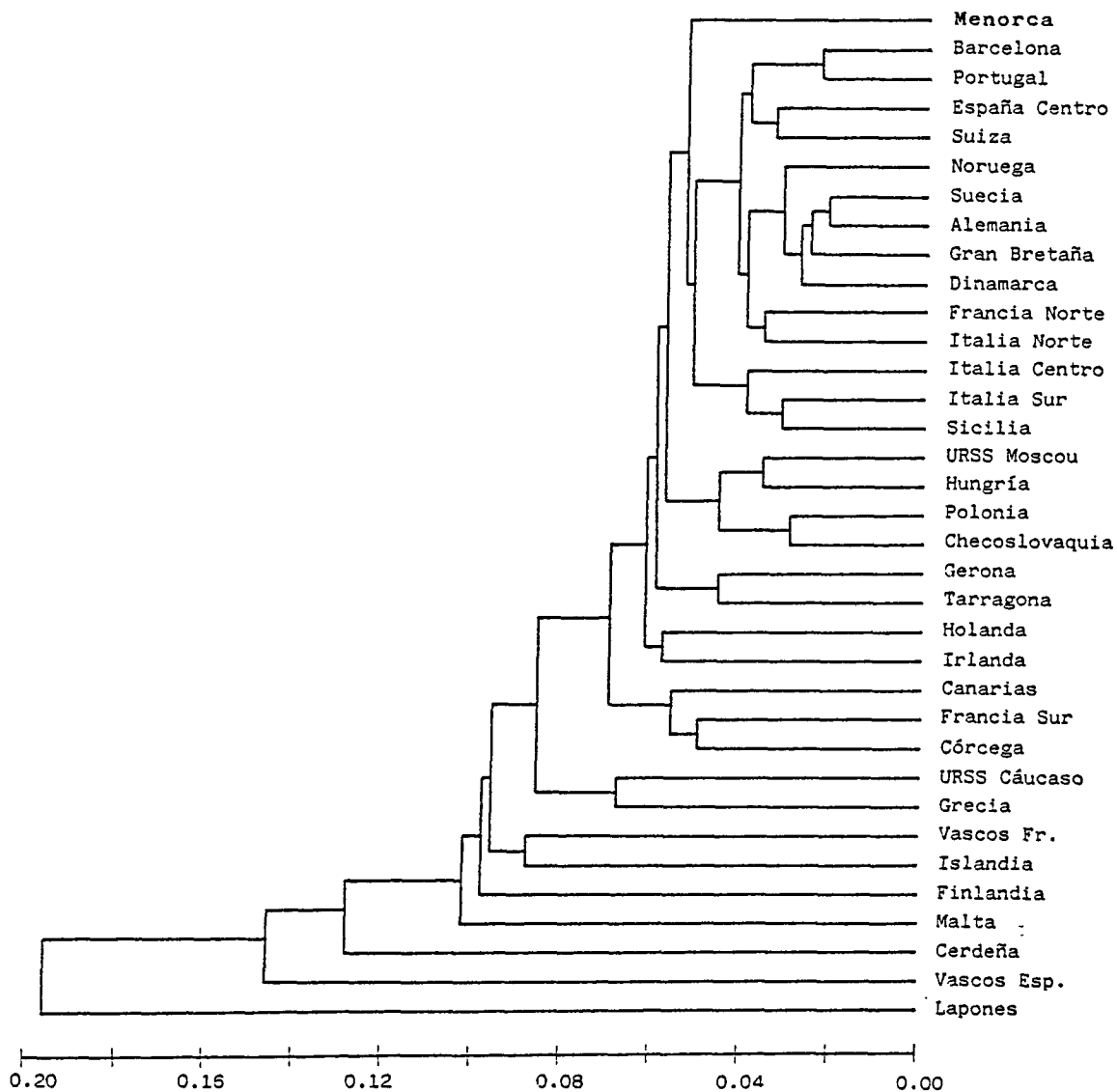


Figura 6.8: Dendrograma obtenido mediante el algoritmo UPGMA, a partir de la matriz de distancias genéticas según el coeficiente de Edwards. El índice de correlación cofenética es $r_c = 0.960$.

- Distintos "clusters" constituídos por series de la Península Ibérica y de otras zonas geográficas, los cuales se van uniendo al núcleo anterior a niveles cada vez mayores.

- El "cluster" formado por Menorca, Córcega, Sicilia y sur de Italia, en las figuras 6.6 y 6.7, evidencia la integración mediterránea de la población menorquina.

- Diversas muestras de la parte oriental del continente europeo tienden a estar agrupadas en los dendrogramas de las figuras 6.6 y 6.7.

- Por último, entre las poblaciones que quedan más diferenciadas, tanto entre sí como de la mayoría de las series comparadas, cabe mencionar a Malta, Islandia, Cerdeña, vascos españoles y lapones, destacando particularmente estos últimos, los cuales constituyen un grupo aparte con respecto a todas las restantes series europeas.

6.4.2 DISTANCIAS GENÉTICAS BASADAS EN LOCI DE ENZIMAS ERITROCITARIOS

En líneas generales, los valores encontrados en el análisis de las distancias genéticas a partir de los marcadores enzimáticos considerados, son más pequeños que los obtenidos a partir de loci de grupos sanguíneos. Este hecho quizás puede ser debido por un lado, al menor número de loci considerados en el caso de los enzimas eritrocitarios y, por otra parte, a la menor variabilidad de los loci enzimáticos con respecto a los polimorfismos de grupos sanguíneos entre las poblaciones comparadas.

A.- Distancias genéticas entre poblaciones de la Península Ibérica.

El análisis de las distancias genéticas se ha llevado a cabo entre cinco poblaciones, a partir de las frecuencias alélicas correspondientes a cuatro loci (ACP-1, 3 alelos, y ADA, 6-PGD y EsD, con dos alelos cada uno). El número reducido de muestras comparadas está condicionado por los datos de que ha sido posible disponer sobre la distribución de estos marcadores en la Península. Asimismo, la exclusión en los cálculos del locus GLO I es debida a que únicamente se han encontrado datos sobre dicho marcador en tres de los cinco grupos considerados, por lo que su inclusión supondría una reducción aún mayor del número de muestras a estudiar.

Las matrices de distancias genéticas obtenidas mediante los tres coeficientes utilizados están indicadas en el cuadro 6.7. Los dendrogramas construídos por el algoritmo UPGMA, a partir de las respectivas matrices de distancias se encuentran representados en la figura 6.9.

Las distancias genéticas calculadas presentan unos rangos de variación bastante reducidos (0.000-0.003, 0.007-0.050 y 0.015-0.075 según los índices de Nei, Prevosti y Edwards, respectivamente). Las distancias mínimas se observan entre la serie de Gerona y la de Galicia, mientras que las mayores diferencias corresponden a las comparaciones Gerona-Vascos y Barcelona-Vascos.

Los valores encontrados entre Menorca y las restantes poblaciones indican una mayor proximidad genética de la serie menorquina con Gerona y Galicia que con los otros grupos comparados.

Entre los dendrogramas de la figura 6.9 se observan algunas discrepancias ya que la clasificación obtenida a partir de la distancia de Nei (figura 6.9 A) difiere sensiblemente de las construídas a partir de los otros dos coeficientes (figura 6.9 B y C). A este respecto cabe

Cuadro 6.7: Distancias genéticas entre poblaciones de la Península Ibérica, correspondientes a 4 loci enzimáticos.

Distancias genéticas según los índices de Nei (1972) (parte superior de la diagonal principal) y de Prevosti (1974) (parte inferior de la diagonal).

POBLACIONES	1	2	3	4	5
1 Menorca	-----	0.001	0.001	0.002	0.001
2 Galicia	0.021	-----	0.002	0.000	0.000
3 Vascos Fr.	0.036	0.044	-----	0.003	0.003
4 Barcelona	0.027	0.011	0.047	-----	0.000
5 Gerona	0.020	0.007	0.050	0.011	-----

Distancias genéticas según el índice de Edwards (1971).

POBLACIONES	1	2	3	4	5
1 Menorca	-----				
2 Galicia	0.025	-----			
3 Vascos Fr.	0.063	0.062	-----		
4 Barcelona	0.036	0.025	0.075	-----	
5 Gerona	0.025	0.015	0.075	0.021	-----

Para el cálculo se han utilizado las frecuencias de los alelos: ACP_1^A , ACP_1^B , ACP_1^C ; ADA^1 , ADA^2 ; PGD^A , PGD^C ; ESD^1 , ESD^2 .

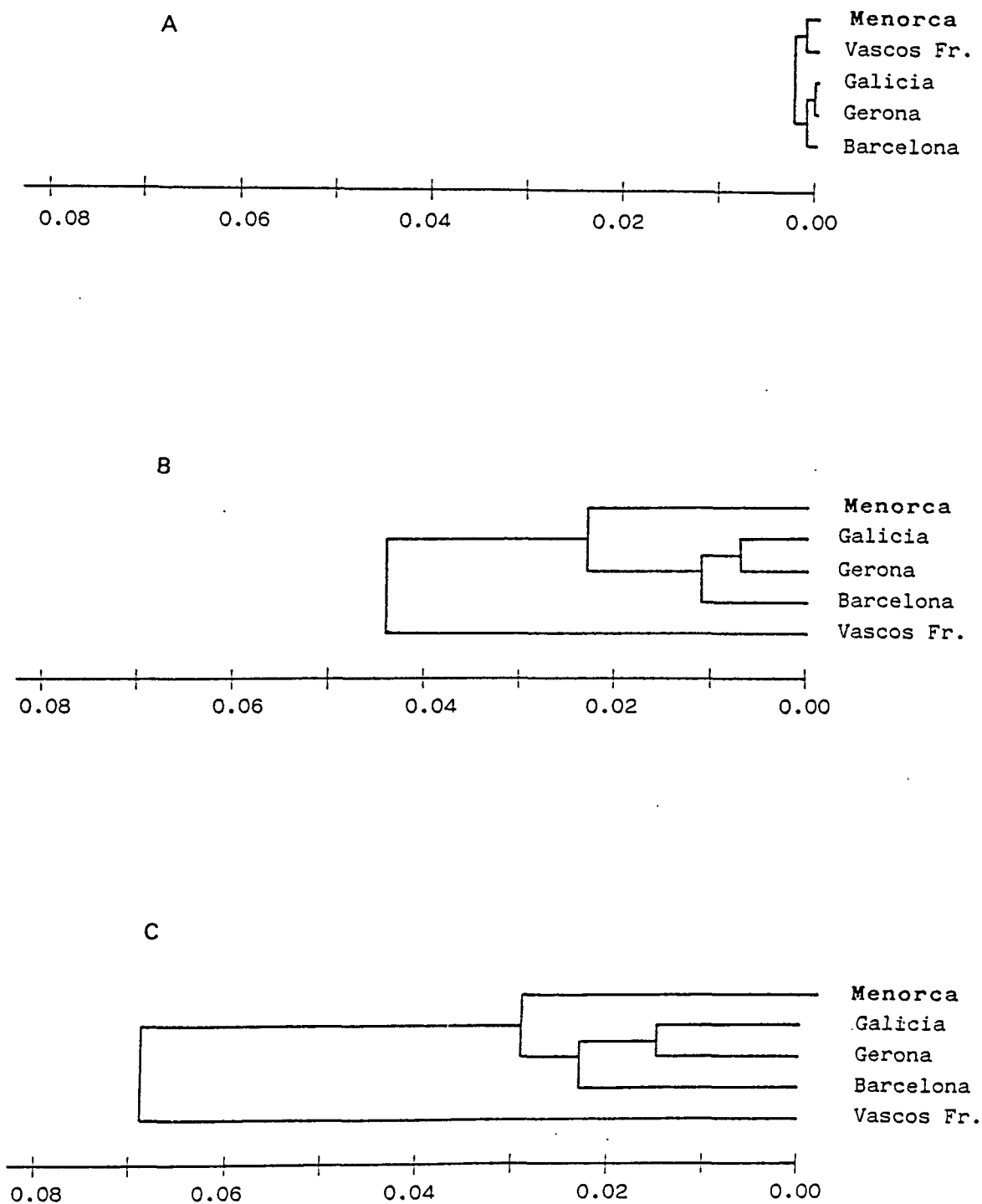


Figura 6.9: Dendrogramas obtenidos mediante el algoritmo UPGMA, a partir de las matrices de distancias genéticas según los coeficientes de Nei (A), Prevosti (B) y Edwards (C). Los índices de correlación cofenética son respectivamente 0.769, 0.968 y 0.975.

indicar que en el dendrograma de la figura 6.9 A, las diferencias entre las poblaciones son prácticamente nulas de acuerdo con los valores del índice de Nei expresados en el cuadro 6.7. Por el contrario, las distancias calculadas mediante los coeficientes de Prevosti y de Edwards son más elevadas, lo cual podría indicar que dichos índices son más sensibles que el de Nei, para detectar diferencias genéticas pequeñas entre poblaciones. Por otro lado, el coeficiente de correlación cofenética del primer dendrograma (figura 6.9 A) es sensiblemente más bajo que los coeficientes de los otros dos, por lo que parece lógico admitir que estos dos últimos proporcionan una mejor representación de las relaciones de distancia.

En los dendrogramas B y C de la figura 6.9, Galicia, Gerona y Barcelona constituyen el núcleo más homogéneo al cual se une la serie de Menorca, quedando el grupo de vascos franceses claramente diferenciado de las restantes poblaciones comparadas.

B.- Distancias genéticas entre poblaciones de la cuenca mediterránea.

En el cuadro 6.8 figuran las matrices de distancias genéticas calculadas entre ocho poblaciones mediterráneas a partir de datos sobre frecuencias génicas en cinco loci enzimáticos (ACP-1, 3 alelos; ADA, 6-PGD, EsD y GLO I, con dos alelos cada uno).

La figura 6.10 muestra los dendrogramas construídos mediante el algoritmo UPGMA, a partir de las tres matrices de distancias mencionadas.

Las distancias genéticas encontradas presentan unos rangos de variación de 0.001-0.016, 0.023-0.094 y 0.027-0.092, según los coeficientes de Nei, Prevosti y Edwards, respectivamente. Las distancias mínimas obtenidas con los tres índices corresponden a comparaciones entre diversos grupos de la cuenca norte del Mediterráneo (Menorca,

Cuadro 6.8: Distancias genéticas entre poblaciones mediterráneas, correspondientes a 5 loci enzimáticos.

Distancias genéticas según los índices de Nei (1972) (parte superior de la diagonal principal) y de Prevosti (1974) (parte inferior de la diagonal).

POBLACIONES	1	2	3	4	5	6	7	8
1 Menorca	-----	0.002	0.002	0.003	0.003	0.004	0.016	0.009
2 Francia S.	0.024	-----	0.001	0.007	0.003	0.006	0.016	0.015
3 Italia N.	0.028	0.024	-----	0.004	0.001	0.003	0.010	0.010
4 Italia Cent.	0.045	0.065	0.042	-----	0.004	0.003	0.012	0.004
5 Italia S.	0.040	0.035	0.023	0.041	-----	0.002	0.008	0.008
6 Grecia	0.043	0.047	0.033	0.039	0.028	-----	0.005	0.004
7 Judíos Israel	0.090	0.083	0.071	0.080	0.068	0.058	-----	0.008
8 Palestinos	0.075	0.094	0.076	0.048	0.071	0.048	0.059	-----

Distancias genéticas según el índice de Edwards (1971).

POBLACIONES	1	2	3	4	5	6	7	8
1 Menorca	-----							
2 Francia S.	0.027	-----						
3 Italia N.	0.040	0.032	-----					
4 Italia Cent.	0.066	0.076	0.056	-----				
5 Italia S.	0.053	0.045	0.029	0.063	-----			
6 Grecia	0.047	0.049	0.039	0.072	0.038	-----		
7 Judíos Israel	0.088	0.085	0.067	0.092	0.072	0.053	-----	
8 Palestinos	0.077	0.086	0.072	0.084	0.065	0.046	0.069	-----

Para el cálculo se han utilizado las frecuencias de los alelos: ACP_1^A , ACP_1^B , ACP_1^C ; ADA^1 , ADA^2 ; PGD^A , PGD^C ; EsD^1 , EsD^2 ; GLO^1 , GLO^2 .

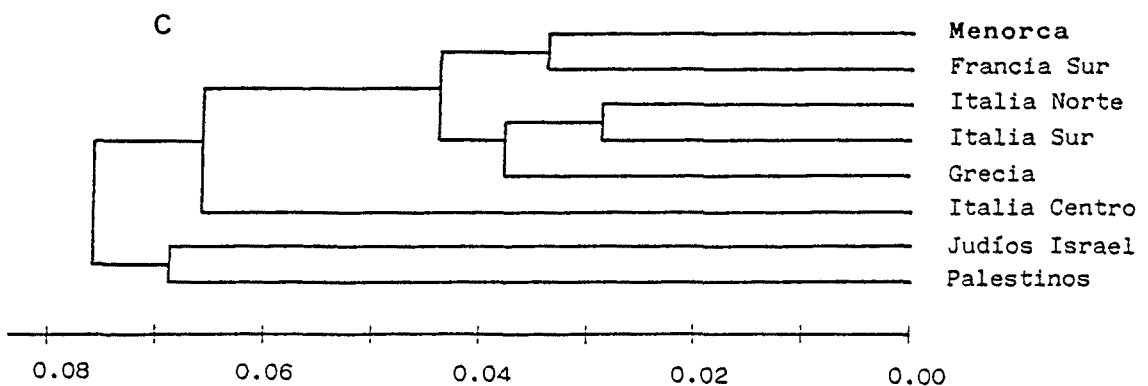
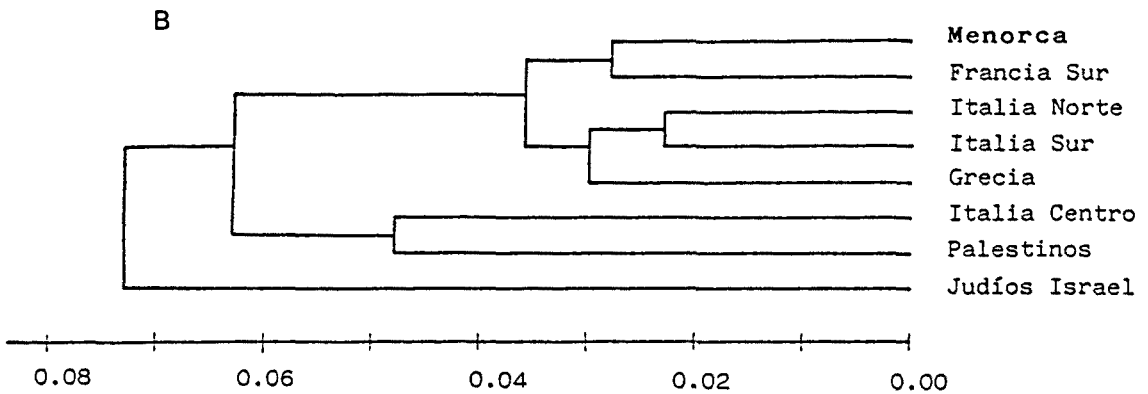
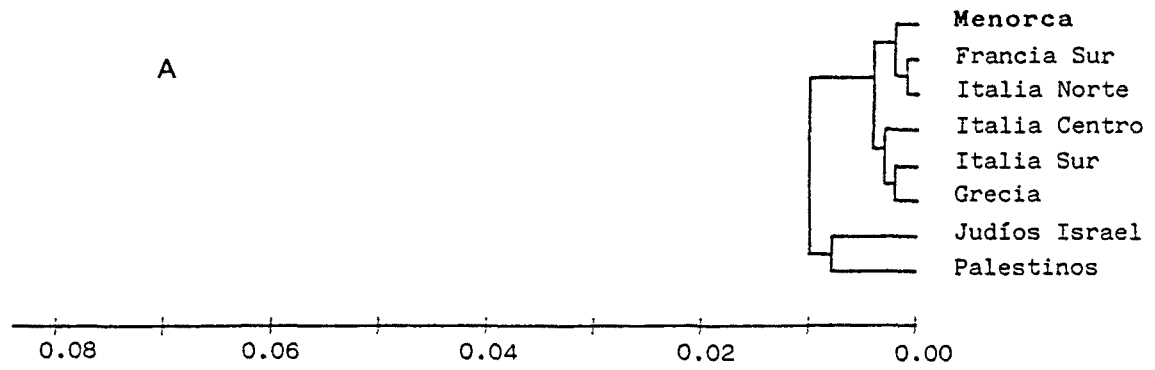


Figura 6.10: Dendrogramas obtenidos mediante el algoritmo UPGMA, a partir de las matrices de distancias genéticas según los coeficientes de Nei (A), Preosti (B) y Edwards (C). Los índices de correlación cofenética son respectivamente 0.795, 0.803 y 0.863.

Francia S., Italia N., Italia S. y Grecia). Las diferencias más acusadas, por otro lado, se observan entre las series anteriores y los grupos de palestinos y judíos de Israel.

En este mismo sentido, los dendrogramas de la figura 6.10 muestran que Menorca, Francia S., las dos series del N y S de la península italiana y Grecia, constituyen un grupo bastante homogéneo, con mayor afinidad entre sí que las otras poblaciones comparadas. La serie del centro de Italia se encuentra ligeramente separada de las poblaciones mencionadas constituyendo un grupo que no queda definido de la misma manera en los tres dendrogramas, mientras que las dos muestras de Oriente Próximo (palestinos y judíos de Israel) quedan claramente diferenciados de las otras poblaciones mediterráneas.

C.- Distancias genéticas entre diversas poblaciones europeas.

Los resultados del análisis de las distancias genéticas obtenidas a partir de las frecuencias de los cinco loci enzimáticos ACP-1, ADA, 6-PGD, EsD y GLO I, se indican en los cuadros 6.9 y 6.10. Estas distancias han sido calculadas entre distintas poblaciones del Centro y Norte de Europa, habiéndose incluido asimismo en la comparación otros grupos de ámbito mediterráneo con el fin de obtener una visión global de las relaciones existentes entre todos ellos, con respecto a los cinco marcadores enzimáticos estudiados.

En las figuras 6.11 y 6.12 están representados los dendrogramas construídos mediante el algoritmo UPGMA, a partir de las respectivas matrices de distancias genéticas.

Los valores de distancia encontrados muestran unos rangos de variación de 0.000-0.019, 0.007-0.113 y 0.007-0.124, según las medidas de Nei, Prevosti y Edwards, respectivamente.

Cuadro 6.9: Distancias genéticas entre poblaciones europeas, correspondientes a 5 loci enzimáticos.

Distancias genéticas según los índices de Nei (1972) (parte superior de la diagonal principal) y de Prevosti (1974) (parte inferior de la diagonal).

POBLACIONES	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
1 Menorca	-----	0.001	0.001	0.012	0.006	0.006	0.006	0.004	0.003	0.006	0.003	0.002	0.002	0.002	0.003	0.003	0.004	0.016	0.009	0.003
2 Galicia	0.021	-----	0.002	0.010	0.003	0.003	0.002	0.001	0.001	0.002	0.001	0.001	0.001	0.001	0.004	0.001	0.003	0.011	0.010	0.001
3 Vascos Fr.	0.033	0.036	-----	0.014	0.009	0.008	0.008	0.007	0.006	0.008	0.006	0.004	0.004	0.004	0.003	0.005	0.004	0.018	0.010	0.005
4 Lapones	0.082	0.080	0.105	-----	0.015	0.018	0.014	0.014	0.013	0.016	0.012	0.015	0.015	0.009	0.005	0.007	0.005	0.005	0.003	0.013
5 Escandinavia	0.044	0.030	0.061	0.096	-----	0.001	0.000	0.000	0.001	0.000	0.001	0.002	0.002	0.002	0.011	0.003	0.007	0.012	0.019	0.001
6 Polonia	0.051	0.039	0.062	0.098	0.018	-----	0.001	0.001	0.001	0.000	0.001	0.002	0.002	0.003	0.011	0.003	0.008	0.015	0.020	0.001
7 Dinamarca	0.046	0.028	0.055	0.094	0.007	0.017	-----	0.000	0.001	0.000	0.001	0.002	0.002	0.002	0.010	0.003	0.006	0.011	0.017	0.001
8 Alemania	0.036	0.023	0.057	0.092	0.010	0.017	0.013	-----	0.000	0.000	0.000	0.001	0.001	0.001	0.009	0.002	0.006	0.013	0.017	0.000
9 Países Bajos	0.029	0.021	0.055	0.088	0.019	0.025	0.022	0.010	-----	0.001	0.000	0.000	0.000	0.001	0.007	0.002	0.005	0.013	0.015	0.000
10 Gran Bretaña	0.041	0.028	0.054	0.101	0.009	0.016	0.008	0.011	0.019	-----	0.001	0.001	0.002	0.002	0.011	0.003	0.007	0.013	0.019	0.001
11 Suiza	0.027	0.022	0.058	0.083	0.017	0.024	0.019	0.010	0.008	0.019	-----	0.001	0.001	0.001	0.007	0.002	0.005	0.011	0.014	0.000
12 Francia N.	0.028	0.018	0.047	0.093	0.026	0.027	0.028	0.018	0.016	0.023	0.021	-----	0.000	0.001	0.007	0.003	0.006	0.016	0.016	0.000
13 Francia S.	0.024	0.015	0.054	0.087	0.032	0.033	0.034	0.021	0.016	0.029	0.018	0.010	-----	0.001	0.007	0.003	0.006	0.016	0.015	0.000
14 Italia N.	0.028	0.018	0.053	0.067	0.030	0.037	0.030	0.025	0.021	0.033	0.019	0.026	0.024	-----	0.004	0.001	0.003	0.010	0.010	0.001
15 Italia Cent.	0.045	0.050	0.045	0.066	0.068	0.078	0.067	0.065	0.060	0.073	0.060	0.067	0.065	0.042	-----	0.004	0.003	0.012	0.004	0.007
16 Italia S.	0.040	0.028	0.058	0.057	0.040	0.041	0.037	0.036	0.035	0.044	0.030	0.039	0.035	0.023	0.041	-----	0.002	0.008	0.008	0.002
17 Grecia	0.043	0.037	0.064	0.054	0.060	0.067	0.059	0.055	0.052	0.064	0.046	0.054	0.047	0.033	0.039	0.028	-----	0.005	0.004	0.005
18 Judíos Isr.	0.090	0.080	0.113	0.047	0.076	0.088	0.075	0.075	0.076	0.080	0.069	0.087	0.083	0.071	0.080	0.068	0.058	-----	0.008	0.013
19 Palestinos	0.075	0.085	0.091	0.039	0.105	0.110	0.103	0.101	0.097	0.109	0.092	0.102	0.094	0.076	0.048	0.071	0.048	0.059	-----	0.015
20 Irlanda	0.031	0.019	0.051	0.090	0.018	0.024	0.020	0.008	0.005	0.019	0.009	0.015	0.016	0.022	0.060	0.033	0.051	0.077	0.098	-----

Para el cálculo se han utilizado las frecuencias de los alelos: ACP^A₁, ACP^B₁, ACP^C₁; ADA¹, ADA²; PGD^A, PGD^C; EsD¹, EsD²; GLO¹, GLO².

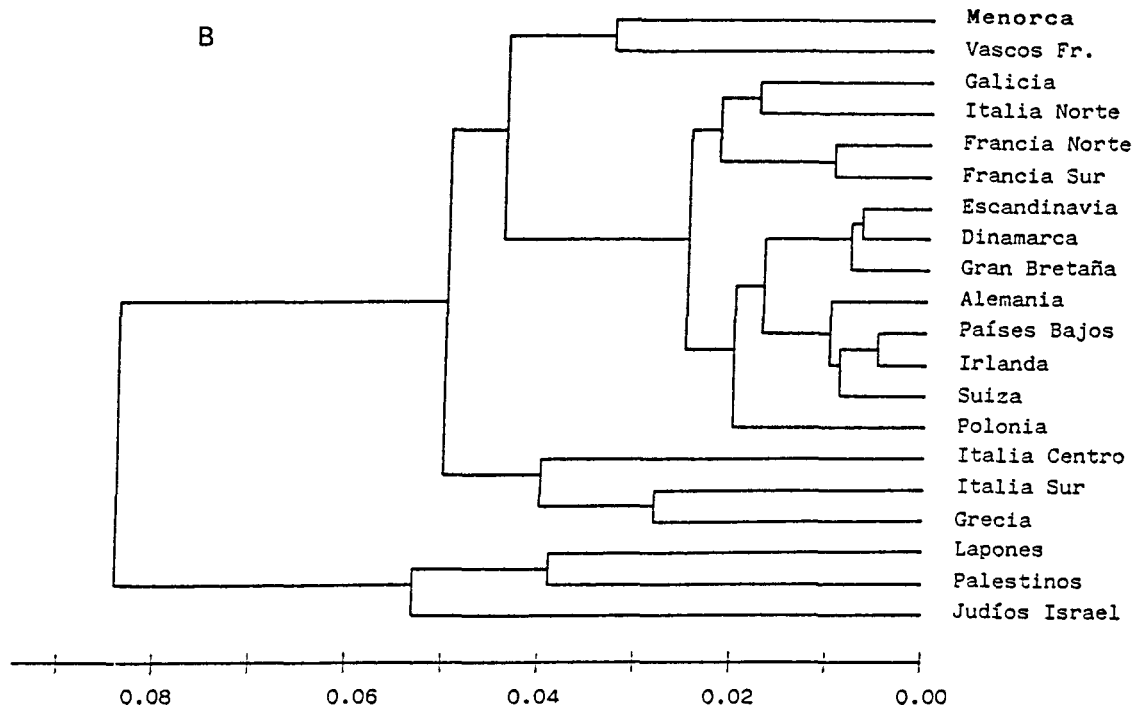
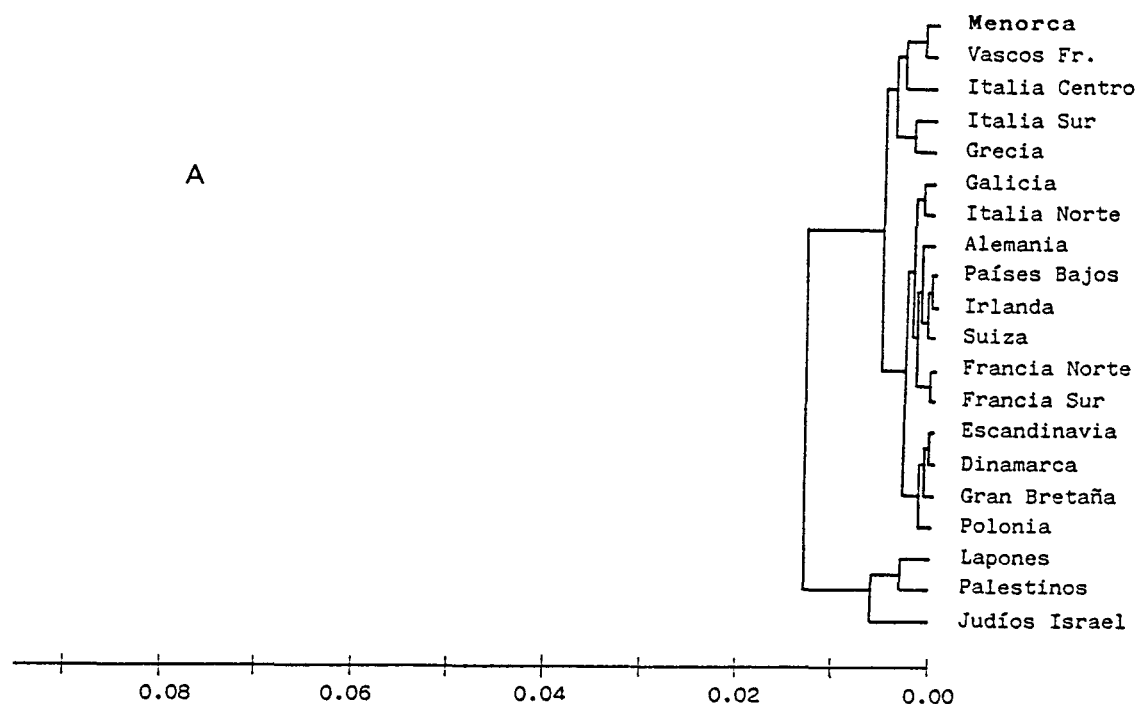


Figura 6.11: Dendrogramas obtenidos mediante el algoritmo UPGMA, a partir de las matrices de distancias genéticas según los coeficientes de Nei (A) y de Prevosti (B). Los índices de correlación cofenética son respectivamente 0.872 y 0.908.

Cuadro 6.10: Distancias genéticas entre poblaciones europeas, correspondientes a 5 loci enzimáticos.

Distancias genéticas según el índice de Edwards (1971).

POBLACIONES	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
1 Menorca	-----																			
2 Galicia	0.023	-----																		
3 Vascos Fr.	0.056	0.055	-----																	
4 Lapones	0.088	0.085	0.124	-----																
5 Escandinavia	0.055	0.035	0.083	0.088	-----															
6 Polonia	0.061	0.046	0.090	0.094	0.025	-----														
7 Dinamarca	0.054	0.035	0.082	0.087	0.007	0.021	-----													
8 Alemania	0.045	0.026	0.076	0.086	0.011	0.027	0.012	-----												
9 Países Bajos	0.039	0.022	0.070	0.084	0.020	0.036	0.022	0.012	-----											
10 Gran Bretaña	0.052	0.033	0.078	0.095	0.012	0.024	0.011	0.013	0.022	-----										
11 Suiza	0.038	0.023	0.078	0.080	0.021	0.036	0.023	0.014	0.016	0.024	-----									
12 Francia N.	0.030	0.017	0.062	0.096	0.030	0.039	0.031	0.021	0.019	0.025	0.022	-----								
13 Francia S.	0.027	0.021	0.071	0.089	0.033	0.041	0.034	0.024	0.023	0.031	0.017	0.015	-----							
14 Italia N.	0.040	0.029	0.077	0.066	0.033	0.041	0.034	0.028	0.028	0.039	0.025	0.036	0.032	-----						
15 Italia Cent.	0.066	0.062	0.070	0.072	0.078	0.083	0.076	0.073	0.067	0.082	0.074	0.074	0.076	0.056	-----					
16 Italia S.	0.053	0.044	0.091	0.059	0.042	0.039	0.039	0.039	0.042	0.046	0.038	0.050	0.045	0.029	0.063	-----				
17 Grecia	0.047	0.045	0.087	0.060	0.058	0.063	0.057	0.054	0.056	0.060	0.045	0.056	0.049	0.039	0.072	0.038	-----			
18 Judíos Isr.	0.088	0.078	0.117	0.059	0.078	0.092	0.079	0.080	0.082	0.086	0.073	0.090	0.085	0.067	0.092	0.072	0.053	-----		
19 Palestinos	0.077	0.083	0.119	0.044	0.097	0.100	0.096	0.093	0.092	0.101	0.083	0.095	0.086	0.072	0.084	0.065	0.046	0.069	-----	
20 Irlanda	0.040	0.021	0.066	0.087	0.020	0.036	0.022	0.013	0.008	0.021	0.019	0.019	0.026	0.028	0.065	0.045	0.056	0.081	0.094	-----

Para el cálculo se han utilizado las frecuencias de los alelos: ACP^A₁, ACP^B₁, ACP^C₁; ADA¹, ADA²; PGD^A, PGD^C; ESD¹, ESD²; GLO¹, GLO².

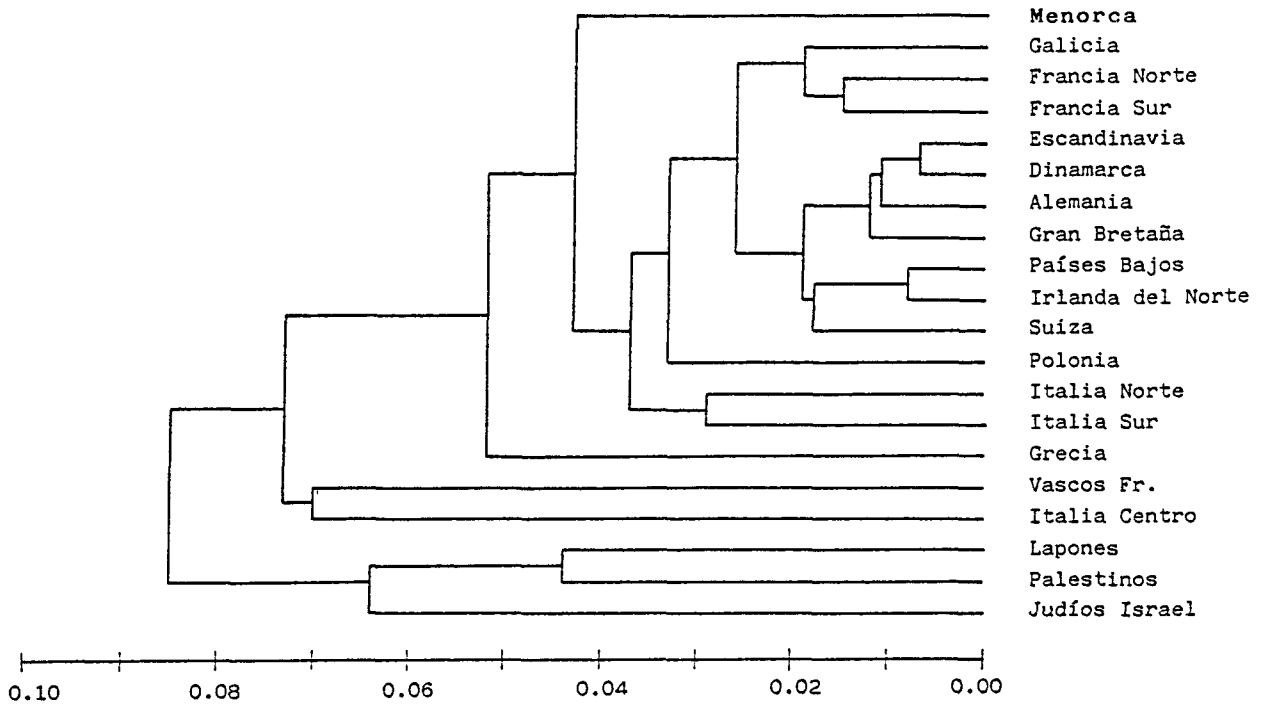


Figura 6.12: Dendrograma obtenido mediante el algoritmo UPGMA, a partir de la matriz de distancias genéticas según el coeficiente de Edwards. El índice de correlación cofenética es $r_c = 0.931$.

En líneas generales, las distancias genéticas más pequeñas se observan entre los pares de poblaciones del Centro y Norte de Europa, las cuales quedan representadas en los dendrogramas formando un "cluster" que refleja la gran afinidad existente entre ellas.

Con respecto a las distancias observadas en las series centro y norteeuropeas, las diferencias se incrementan ligeramente entre las poblaciones circunmediterráneas, así como entre éstas y las muestras anteriores. En las distintas representaciones gráficas, las series mediterráneas forman entre sí agregados diferentes que quedan unidos a distintos niveles, con el núcleo principal de poblaciones europeas.

Por último, los palestinos y los judíos de Israel, bastante próximos entre sí, presentan las diferencias máximas encontradas cuando se comparan con las restantes poblaciones.

Curiosamente cabe mencionar los bajos valores de distancia genética obtenidos entre los lapones y los dos grupos antes citados, no existiendo ninguna explicación lógica a este respecto desde el punto de vista antropológico.

Al igual que en el caso de los grupos sanguíneos, para los marcadores enzimáticos considerados, Menorca muestra una afinidad más estrecha con algunos grupos del Mediterráneo noroccidental (Península Ibérica, sur de Francia, península Italiana) que con otras poblaciones del Centro y Norte de Europa.

6.4.3 DISTANCIAS GENÉTICAS BASADAS EN LOCI DE PROTEÍNAS SERICAS

Debido a los pocos estudios de que se dispone en la actualidad sobre la distribución de los subtipos de las cuatro proteínas estudiadas, es muy difícil encontrar en la bibliografía consultada poblaciones donde hayan sido estudiados simultáneamente dichos subtipos. Por esta razón y a fin de poder incluir en el estudio comparativo un mayor número de poblaciones, se ha realizado en primer lugar, un análisis de las distancias genéticas basándose en los datos sobre los tipos de Hp, Tf, Gc y Pi. Para una mayor simplicidad, este estudio se ha realizado tomando conjuntamente diversos grupos de la Península Ibérica, del área mediterránea y del Centro y Norte de Europa.

Por otro lado, dada la mayor información que proporcionan

los subtipos con respecto a los tipos y además, el hecho de que los subtipos de las proteínas séricas constituyen uno de los objetivos específicos del presente trabajo, se ha considerado conveniente realizar un análisis de las distancias genéticas a partir de las frecuencias de los subtipos de las cuatro proteínas, aunque el número de poblaciones a comparar resulte muy reducido por la razón apuntada anteriormente.

Para ambos tipos de comparaciones se han tenido en cuenta las frecuencias de los alelos que prácticamente son comunes a todas las poblaciones, habiéndose reunido en un único valor ("otros") los de las variantes alélicas raras.

Al igual que en el caso de los enzimas eritrocitarios, las distancias genéticas obtenidas a partir de las frecuencias sobre polimorfismos proteicos son también, en líneas generales, inferiores a las observadas para los sistemas de grupos sanguíneos.

A.- Distancias genéticas correspondientes a los tipos de las proteínas séricas.

Los datos recopilados sobre las frecuencias de los tipos en los cuatro sistemas proteicos estudiados, corresponden a muestras de la Península Ibérica, del área mediterránea y del Centro y Norte de Europa totalizando un conjunto de 24 poblaciones.

En los cuadros 6.11 y 6.12 se indican las matrices de distancias genéticas entre dichas poblaciones, correspondientes a los cuatro loci siguientes: Hp (dos alelos: Hp^1 y Hp^2), Tf (tres alelos: Tf^C , Tf^B y Tf^D), Gc (dos alelos: Gc^1 y Gc^2) y Pi (cuatro alelos: Pi^M , Pi^S , Pi^Z y Pi^{otros}).

Los dendrogramas obtenidos por el algoritmo UPGMA, a partir

Cuadro 6.11: Distancias genéticas entre diversas poblaciones, correspondientes a 4 loci proteicos.

Distancias genéticas según los índices de Nei (1972) (parte superior de la diagonal principal) y de Prevosti (1974) (parte inferior de la diagonal).

POBLACIONES	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24
1 Menorca	0.000	0.002	0.004	0.001	0.001	0.001	0.001	0.002	0.011	0.002	0.003	0.005	0.005	0.004	0.002	0.001	0.002	0.003	0.001	0.002	0.002	0.003	0.004	0.011
2 Barcelona	0.019	0.004	0.003	0.002	0.002	0.002	0.001	0.001	0.007	0.001	0.002	0.003	0.004	0.002	0.001	0.001	0.001	0.001	0.001	0.002	0.001	0.002	0.002	0.010
3 Galicia	0.033	0.041	0.004	0.003	0.003	0.000	0.000	0.005	0.015	0.006	0.007	0.009	0.007	0.008	0.005	0.003	0.004	0.008	0.003	0.003	0.006	0.005	0.009	0.011
4 Centro Penins.	0.034	0.036	0.049	0.008	0.003	0.002	0.002	0.002	0.005	0.002	0.003	0.003	0.004	0.005	0.002	0.002	0.001	0.004	0.001	0.004	0.002	0.001	0.004	0.004
5 Andalucía	0.022	0.038	0.040	0.051	0.002	0.002	0.003	0.005	0.017	0.005	0.007	0.010	0.009	0.006	0.006	0.004	0.005	0.006	0.004	0.002	0.006	0.007	0.007	0.018
6 Varcos	0.024	0.032	0.012	0.043	0.029	0.000	0.003	0.003	0.013	0.004	0.005	0.007	0.006	0.006	0.003	0.002	0.003	0.006	0.002	0.002	0.002	0.004	0.004	0.010
7 Portugal	0.028	0.040	0.018	0.035	0.038	0.017	0.004	0.003	0.011	0.003	0.004	0.006	0.005	0.006	0.003	0.002	0.005	0.001	0.002	0.002	0.003	0.003	0.003	0.008
8 Dinamarca	0.034	0.030	0.054	0.032	0.056	0.049	0.038	0.004	0.004	0.000	0.000	0.001	0.004	0.003	0.000	0.000	0.000	0.002	0.001	0.005	0.000	0.000	0.001	0.005
9 Lejones	0.084	0.067	0.101	0.055	0.103	0.096	0.089	0.051	0.004	0.004	0.003	0.001	0.007	0.006	0.004	0.006	0.004	0.003	0.005	0.011	0.003	0.004	0.003	0.005
10 Noruega	0.038	0.024	0.057	0.035	0.059	0.052	0.041	0.012	0.051	0.000	0.000	0.001	0.003	0.002	0.000	0.001	0.000	0.001	0.000	0.004	0.000	0.000	0.001	0.005
11 Suecia	0.041	0.031	0.060	0.033	0.062	0.055	0.046	0.009	0.043	0.014	0.000	0.001	0.004	0.003	0.000	0.001	0.001	0.002	0.001	0.006	0.000	0.000	0.001	0.004
12 Finlandia	0.061	0.043	0.078	0.036	0.077	0.071	0.066	0.029	0.029	0.028	0.020	0.049	0.032	0.045	0.017	0.000	0.000	0.002	0.001	0.006	0.000	0.000	0.001	0.004
13 Islandia	0.051	0.047	0.062	0.040	0.069	0.058	0.046	0.032	0.072	0.033	0.032	0.049	0.032	0.045	0.017	0.000	0.000	0.002	0.001	0.006	0.000	0.000	0.001	0.004
14 Hungría	0.047	0.039	0.063	0.055	0.064	0.058	0.051	0.042	0.062	0.031	0.043	0.051	0.032	0.045	0.017	0.000	0.000	0.002	0.001	0.006	0.000	0.000	0.001	0.004
15 Alemania	0.034	0.031	0.052	0.031	0.054	0.047	0.039	0.008	0.051	0.014	0.011	0.029	0.033	0.045	0.017	0.000	0.000	0.002	0.001	0.005	0.000	0.000	0.002	0.004
16 Paises Bajos	0.028	0.026	0.041	0.035	0.042	0.035	0.027	0.019	0.066	0.021	0.026	0.042	0.042	0.045	0.017	0.000	0.000	0.003	0.000	0.004	0.001	0.000	0.000	0.004
17 Gran Bretaña	0.032	0.024	0.049	0.023	0.050	0.044	0.035	0.016	0.057	0.018	0.018	0.034	0.031	0.042	0.014	0.000	0.000	0.002	0.001	0.005	0.000	0.000	0.002	0.004
18 Irlanda	0.044	0.027	0.061	0.048	0.062	0.056	0.048	0.032	0.044	0.022	0.034	0.039	0.053	0.025	0.032	0.028	0.026	0.000	0.002	0.003	0.001	0.000	0.000	0.004
19 Francia Norte	0.025	0.020	0.043	0.021	0.045	0.039	0.028	0.018	0.063	0.015	0.021	0.040	0.031	0.038	0.019	0.017	0.009	0.027	0.000	0.003	0.000	0.001	0.002	0.010
20 Francia Sur	0.032	0.028	0.032	0.047	0.039	0.030	0.038	0.056	0.008	0.049	0.058	0.061	0.060	0.052	0.059	0.052	0.050	0.043	0.000	0.003	0.000	0.001	0.002	0.005
21 Italia Norte	0.039	0.024	0.057	0.031	0.059	0.052	0.044	0.012	0.047	0.006	0.011	0.024	0.032	0.037	0.010	0.023	0.013	0.024	0.016	0.050	0.000	0.000	0.001	0.005
22 Italia Centro	0.036	0.034	0.056	0.027	0.056	0.051	0.040	0.011	0.052	0.018	0.015	0.028	0.034	0.046	0.007	0.020	0.014	0.035	0.020	0.061	0.011	0.000	0.001	0.003
23 Grecia	0.051	0.037	0.070	0.052	0.072	0.066	0.053	0.025	0.042	0.018	0.025	0.032	0.044	0.021	0.028	0.035	0.034	0.016	0.032	0.059	0.023	0.031	0.000	0.008
24 Libia-Egipto	0.071	0.072	0.076	0.051	0.087	0.071	0.064	0.043	0.047	0.054	0.042	0.046	0.069	0.082	0.041	0.050	0.052	0.073	0.058	0.098	0.050	0.039	0.064	0.000

Para el cálculo se han utilizado las frecuencias de los alelos: Hp^1 , Hp^2 , Tf^C , Tf^B , Tf^D ; Gc^1 , Gc^2 ; Pi^M , Pi^S , Pi^Z , Pi^{otros} .

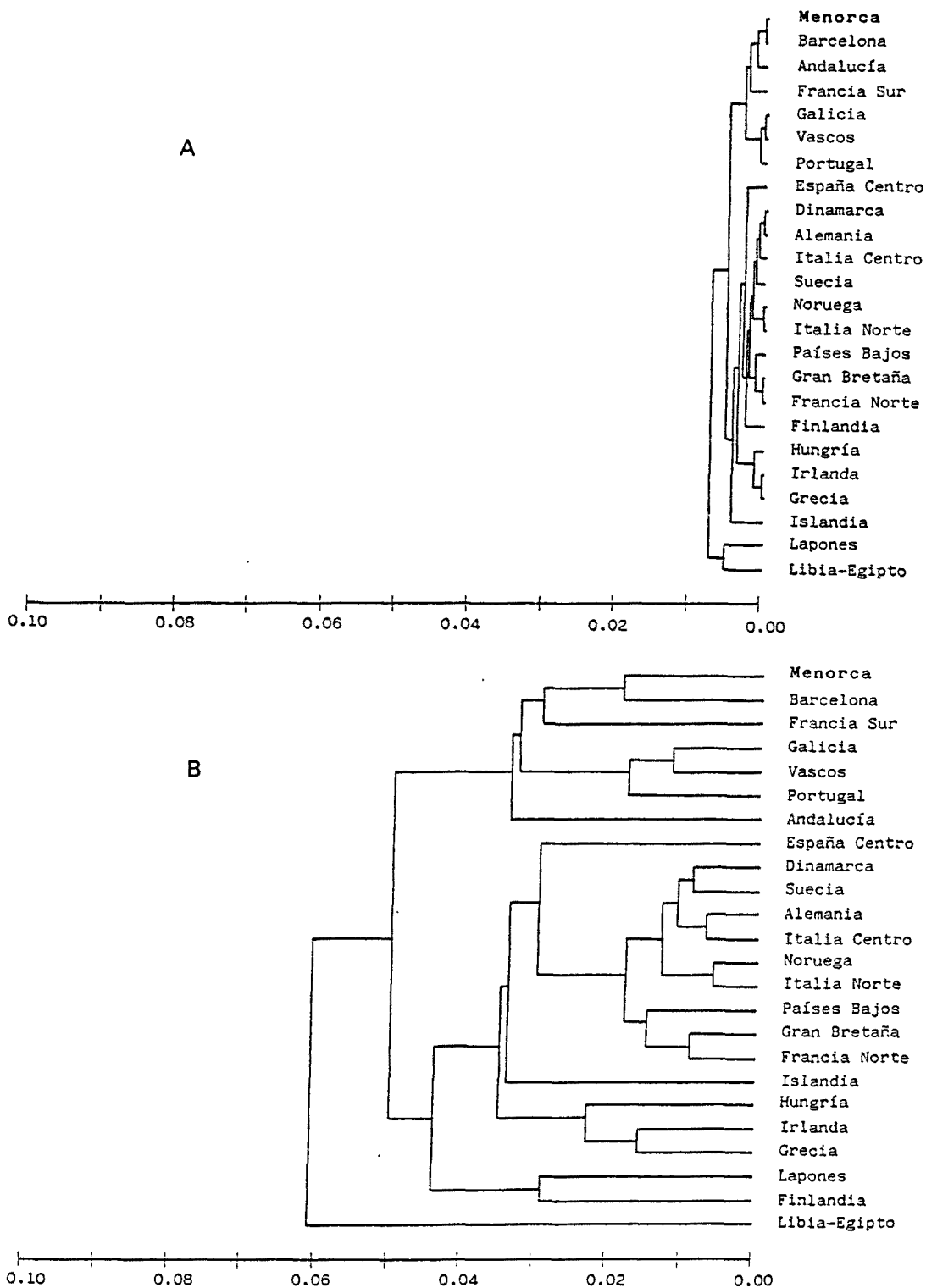


Figura 6.13: Dendrogramas obtenidos mediante el algoritmo UPGMA, a partir de las matrices de distancias genéticas según los coeficientes de Nei (A) y de Prevosti (B). Los índices de correlación cofenética son respectivamente 0.707 y 0.735.

de las tres matrices de distancias, están representados en las figuras 6.13 y 6.14.

Los resultados obtenidos en los cálculos de las distancias presentan unos rangos de variación de 0.000-0.018, 0.006-0.103 y 0.016-0.173, según los coeficientes de Nei, Prevosti y Edwards, respectivamente. En líneas generales, las distancias más pequeñas se encuentran al comparar entre sí poblaciones del Centro y Norte de Europa. Por otro lado, los grupos que manifiestan las diferencias más acusadas con respecto a la mayoría de las poblaciones consideradas, son las series de Hungría e Islandia, el grupo norteafricano (formado por Libia y Egipto) y los lapones.

Los valores obtenidos para la serie de Menorca indican una estrecha afinidad entre esta población y diversos grupos de la Península Ibérica, así como con otras series del sur de Europa. Las distancias se incrementan ligeramente con otras poblaciones centro y norteeuropeas.

La información suministrada por las distancias genéticas se halla expresada gráficamente en los dendrogramas correspondientes. En ellos se puede observar un "cluster" formado principalmente por poblaciones del Centro y Norte de Europa quedando también incluídas algunas series de la península Italiana. Dentro de este "cluster" se observa un elevado grado de homogeneidad.

La mayoría de las poblaciones de la Península Ibérica conjuntamente con la muestra del sur de Francia, también constituyen otro "grupo" claramente diferenciado del anterior.

Por último, se aprecia una cierta discrepancia entre los distintos dendrogramas con respecto a las series que quedan más distantes de la mayor parte de los grupos comparados. En efecto, en el dendrograma construído a partir de las distancias de Nei, las poblaciones

Cuadro 6.12: Distancias genéticas entre diversas poblaciones, correspondientes a 4 loci proteicos.

Distancias genéticas según el índice de Edwards (1971).

POBLACIONES	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	
1 Menorca	---																								
2 Barcelona	0.037	---																							
3 Galicia	0.041	0.058	---																						
4 Centro Penin.	0.055	0.052	0.059	---																					
5 Andalucía	0.041	0.060	0.049	0.077	---																				
6 Vascos	0.036	0.053	0.024	0.054	0.039	---																			
7 Portugal	0.034	0.063	0.036	0.063	0.058	0.045	---																		
8 Dinamarca	0.061	0.065	0.096	0.078	0.087	0.086	0.078	---																	
9 Lapones	0.117	0.101	0.146	0.111	0.137	0.134	0.136	0.069	---																
10 Noruega	0.068	0.060	0.095	0.094	0.093	0.094	0.081	0.051	0.083	---															
11 Suecia	0.079	0.072	0.113	0.095	0.099	0.103	0.099	0.030	0.054	0.046	---														
12 Finlandia	0.103	0.085	0.129	0.096	0.111	0.117	0.124	0.069	0.053	0.086	0.053	---													
13 Islandia	0.144	0.124	0.158	0.155	0.168	0.166	0.166	0.151	0.140	0.147	0.100	0.128	0.146	---											
14 Hungría	0.112	0.100	0.132	0.137	0.135	0.138	0.138	0.113	0.099	0.061	0.099	0.131	0.057	0.131	0.057	---									
15 Alemania	0.063	0.055	0.091	0.084	0.087	0.085	0.080	0.038	0.072	0.022	0.032	0.073	0.0114	0.082	---										
16 Países Bajos	0.052	0.065	0.076	0.082	0.060	0.066	0.065	0.047	0.096	0.058	0.056	0.085	0.153	0.115	0.047	---									
17 Gran Bretaña	0.050	0.052	0.071	0.077	0.068	0.069	0.059	0.053	0.086	0.035	0.057	0.087	0.123	0.085	0.033	0.034	---								
18 Irlanda	0.056	0.053	0.084	0.084	0.072	0.079	0.072	0.053	0.088	0.034	0.053	0.083	0.124	0.082	0.037	0.043	0.026	---							
19 Francia Norte	0.039	0.046	0.059	0.069	0.061	0.060	0.046	0.056	0.105	0.042	0.066	0.093	0.122	0.086	0.044	0.042	0.016	0.032	---						
20 Francia Sur	0.068	0.062	0.053	0.058	0.063	0.045	0.079	0.113	0.145	0.117	0.126	0.125	0.176	0.154	0.110	0.099	0.097	0.100	0.088	---					
21 Italia Norte	0.058	0.046	0.085	0.078	0.084	0.081	0.074	0.044	0.077	0.018	0.041	0.076	0.108	0.075	0.016	0.051	0.029	0.030	0.036	0.103	---				
22 Italia Centro	0.068	0.064	0.094	0.085	0.088	0.093	0.076	0.049	0.066	0.037	0.043	0.070	0.107	0.079	0.038	0.057	0.040	0.046	0.043	0.118	0.036	---			
23 Grecia	0.106	0.097	0.138	0.130	0.128	0.135	0.120	0.074	0.085	0.045	0.055	0.092	0.095	0.059	0.057	0.090	0.074	0.065	0.082	0.156	0.058	0.056	---		
24 Libia-Egipto	0.107	0.108	0.131	0.106	0.125	0.125	0.111	0.061	0.076	0.083	0.056	0.073	0.151	0.130	0.073	0.078	0.082	0.089	0.090	0.151	0.079	0.062	0.089	---	

Para el cálculo se han utilizado las frecuencias de los alelos: Hp¹, Hp²; Tf^C, Tf^B, Tf^D; Gc¹, Gc²; Pi^M, Pi^S, Pi^Z, Pi^{otros}.

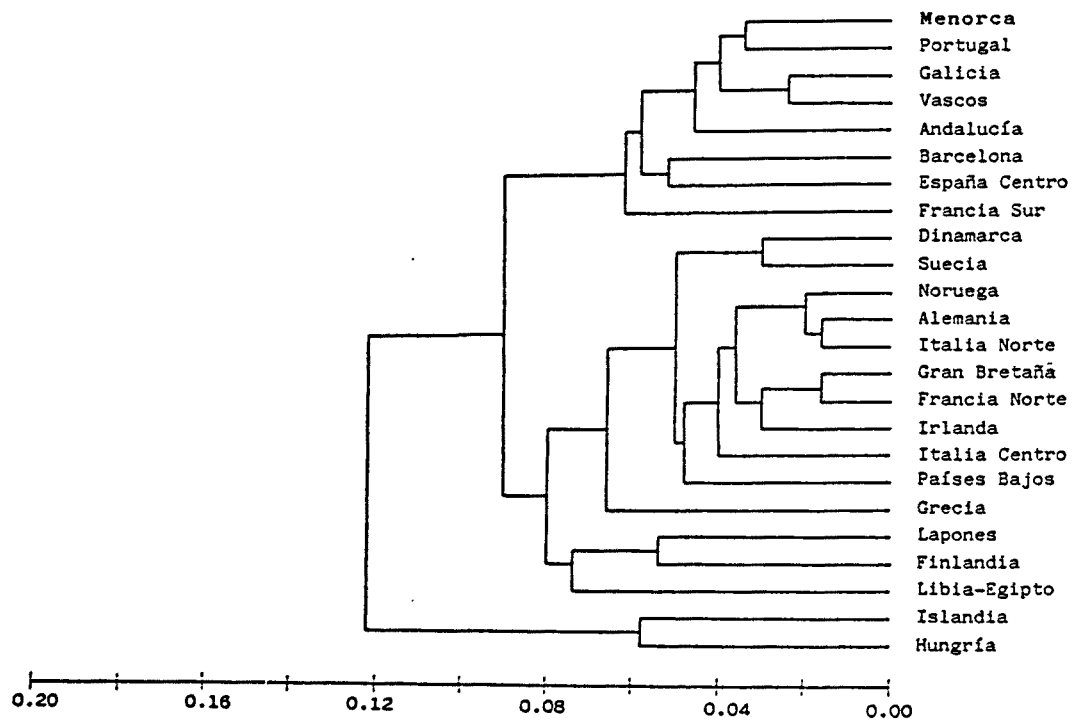


Figura 6.14: Dendrograma obtenido mediante el algoritmo UPGMA, a partir de la matriz de distancias genéticas según el coeficiente de Edwards. El índice de correlación cofenética es $r_c = 0.774$.

más alejadas serían los lapones y la serie norteafricana de Libia y Egipto. Según las distancias de Prevosti (figura 6.13), sería únicamente este último grupo norteafricano, mientras que según el índice de Edwards (figura 6.14) la posición más distante correspondería a las series de Islandia y de Hungría.

En resumen, puede concluirse que con respecto a los cuatro marcadores proteicos analizados, la serie de Menorca se halla genéticamente integrada dentro del conjunto de poblaciones de la Península Ibérica, el cual, a su vez, queda ligeramente separado de otros grupos europeos. Asimismo, cabe mencionar que entre las poblaciones del Centro y Norte de Europa se encuentra, en general, mayor afinidad que la ob-

servada en otras zonas del continente.

B.- Distancias genéticas a los subtipos de las proteínas séricas.

Para llevar a cabo este análisis se ha podido disponer únicamente de datos sobre cuatro poblaciones: Menorca, Barcelona, Alemania y Francia S.

En el cuadro 6.13 figuran las matrices de distancias genéticas calculadas entre las cuatro poblaciones, correspondientes a los cuatro loci siguientes: Hp (3 alelos: Hp^{1F} , Hp^{1S} y Hp^2), Tf (4 alelos: Tf^{C1} , Tf^{C2} , Tf^{C3} , Tf^{otros}), Gc (3 alelos: Gc^{1F} , Gc^{1S} y Gc^2) y Pi (6 alelos: Pi^{M1} , Pi^{M2} , Pi^{M3} , Pi^S , Pi^Z , Pi^{otros}). Con respecto al locus Hp, hay que indicar que si bien en el presente trabajo se ha detectado la presencia de los subtipos Hp^{2FF} , Hp^{2FS} y Hp^{2SS} , para las comparaciones se han considerado reunidos en una sola frecuencia, Hp^2 , por no disponer de datos sobre Hp^{2FF} y Hp^{2SS} en las cuatro poblaciones mencionadas, lo cual, por otro lado, no suponen una pérdida importante de información debido a las bajas frecuencias con que siempre aparecen ambos alelos. Lo mismo ocurre con el alelo Pi^{M4} del sistema Pi cuya frecuencia se ha considerado conjuntamente con la del alelo Pi^{M2} .

Los valores de distancias obtenidos muestran unos rangos de variación de 0.003-0.014, 0.047-0.088 y de 0.060-0.122, según los índices de Nei, Prevosti y Edwards, respectivamente. En los tres casos, las distancias más pequeñas corresponden a la comparación entre Barcelona y Alemania, mientras que las mayores diferencias se presentan en los pares Menorca-Alemania y Alemania-Francia S.

Los dendrogramas de la figura 6.15 parecen indicar una estrecha afinidad entre Menorca y Francia S., por un lado, y entre Barcelona y Alemania, por otro, aunque los índices de correlación co-fenética son los más bajos de todos los encontrados en el presente trabajo.

Cuadro 6.13: Distancias genéticas entre diversas poblaciones europeas, correspondientes a 4 loci proteicos.

Distancias genéticas según el índice de Nei (1972) (parte superior de la diagonal principal) y de Prevosti (1974) (parte inferior de la diagonal).

POBLACIONES	1	2	3	4
1 Menorca	-----	0.006	0.014	0.004
2 Barcelona	0.053	-----	0.003	0.005
3 Alemania	0.085	0.047	-----	0.012
4 Francia Sur	0.054	0.053	0.088	-----

Distancias genéticas según el índice de Edwards (1971).

POBLACIONES	1	2	3	4
1 Menorca	-----			
2 Barcelona	0.066	-----		
3 Alemania	0.101	0.060	-----	
4 Francia Sur	0.075	0.075	0.122	-----

Para el cálculo se han utilizado las frecuencias de los alelos: Hp^{1F} , Hp^{1S} , Hp^2 ; Tf^{C1} , Tf^{C2} , Tf^{C3} , Tf^{otros} ; Gc^{1F} , Gc^{1S} , Gc^2 ; Pi^{M1} , Pi^{M2} , Pi^{M3} , Pi^S , Pi^Z , Pi^{otros} .

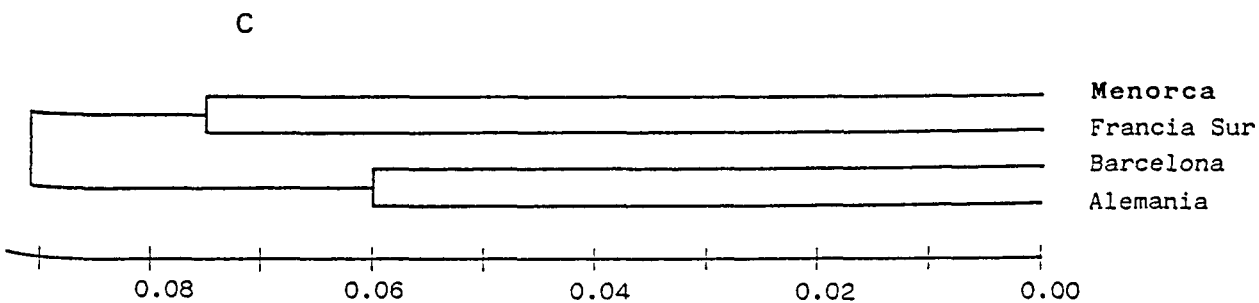
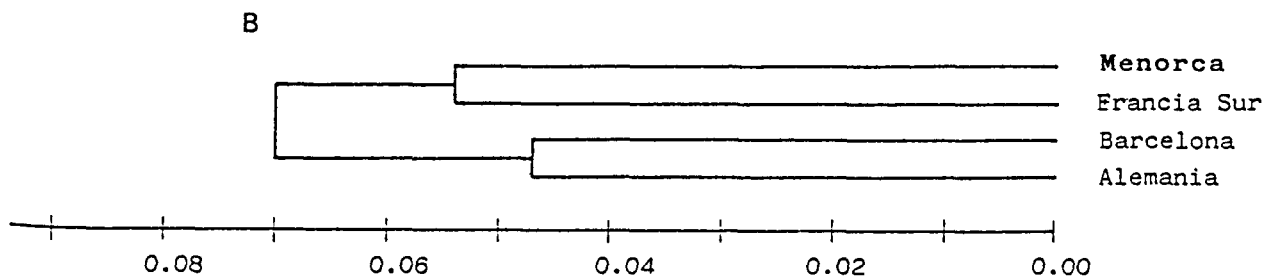
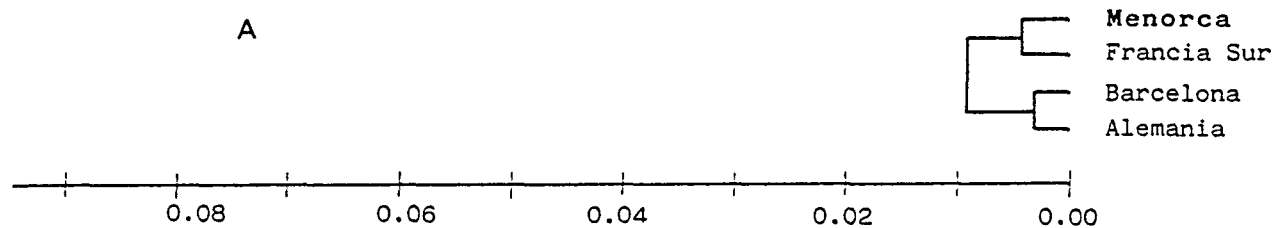


Figura 6.15: Dendrogramas obtenidos mediante el algoritmo UPGMA, a partir de las matrices de distancias genéticas según los coeficientes de Nei (A), Prevosti (B) y Edwards (C). Los índices de correlación cofenética son respectivamente 0.651, 0.577 y 0.551.

6.4.4 DISTANCIAS GENÉTICAS CORRESPONDIENTES A TODOS LOS LOCI

A fin de tener, en función de los resultados obtenidos para la mayoría de los polimorfismos estudiados, una visión global de las relaciones existentes entre Menorca y otras poblaciones, se ha llevado a cabo el análisis de las distancias genéticas a partir de las frecuencias génicas de los quince loci siguientes:

Grupos sanguíneos: ABO (4 alelos), Rh (8 alelos), MNSs (4 alelos), Kell (2 alelos), P (2 alelos) y Duffy (2 alelos).

Enzimas eritrocitarios: ADA (2 alelos), 6-PGD (2 alelos), EsD (2 alelos), ACP-1 (3 alelos) y GLO I (2 alelos).

Proteínas séricas: Hp (2 alelos), Tf (3 alelos), Gc (2 alelos) y Pi (4 alelos).

El total de alelos considerados es de cuarenta y cuatro ya que los sistemas de proteínas séricas han sido considerados a nivel de tipos por las razones expuestas en el apartado anterior (6.5.3).

En los cuadros 6.14 y 6.15 se presentan las matrices de distancias genéticas entre quince poblaciones del área mediterránea y del Centro y Norte de Europa. La ausencia en las comparaciones de muestras procedentes de la Península Ibérica es debida a que no ha sido posible disponer de datos sobre los quince loci considerados en ninguna de estas poblaciones.

Los dendrogramas correspondientes, obtenidos a partir de las tres matrices de distancias, mediante el algoritmo UPGMA, están indicados en la figura 6.16. Los elevados índices de correlación cofe-

Cuadro 6.14: Distancias genéticas entre diversas poblaciones, correspondientes a 15 loci de grupos sanguíneos, enzimas y proteínas.

Distancias genéticas según los índices de Nei (1972) (parte superior de la diagonal principal) y de Prevosti (1974) (parte inferior de la diagonal).

POBLACIONES	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
1 Menorca	-----	0.016	0.048	0.005	0.004	0.004	0.002	0.004	0.004	0.002	0.002	0.002	0.003	0.006	0.008
2 Vascos	0.071	-----	0.078	0.023	0.022	0.021	0.021	0.021	0.019	0.020	0.017	0.021	0.021	0.032	0.022
3 Lapones	0.147	0.176	-----	0.039	0.041	0.039	0.042	0.041	0.044	0.041	0.054	0.037	0.037	0.031	0.046
4 Escandinavia	0.044	0.092	0.130	-----	0.000	0.000	0.001	0.000	0.003	0.001	0.004	0.001	0.005	0.006	0.013
5 Dinamarca	0.045	0.091	0.135	0.013	-----	0.000	0.001	0.000	0.002	0.002	0.004	0.002	0.004	0.006	0.012
6 Alemania	0.040	0.091	0.130	0.013	0.014	-----	0.000	0.000	0.003	0.001	0.003	0.001	0.004	0.005	0.011
7 Países Bajos	0.032	0.087	0.137	0.022	0.021	0.014	-----	0.001	0.002	0.001	0.002	0.001	0.003	0.005	0.010
8 Gran Bretaña	0.044	0.088	0.136	0.014	0.014	0.014	0.019	-----	0.003	0.001	0.003	0.002	0.005	0.006	0.013
9 Irlanda	0.046	0.087	0.137	0.030	0.031	0.027	0.024	0.030	-----	0.003	0.004	0.002	0.005	0.005	0.013
10 Francia N.	0.032	0.083	0.135	0.023	0.028	0.023	0.022	0.026	0.036	-----	0.003	0.001	0.004	0.006	0.011
11 Francia S.	0.034	0.082	0.150	0.045	0.044	0.041	0.035	0.042	0.043	0.035	-----	0.003	0.006	0.008	0.013
12 Italia N.	0.036	0.088	0.121	0.022	0.027	0.021	0.024	0.029	0.033	0.023	0.041	-----	0.002	0.004	0.009
13 Italia Cent.	0.042	0.092	0.125	0.041	0.037	0.035	0.035	0.041	0.048	0.045	0.058	0.029	-----	0.003	0.004
14 Grecia	0.053	0.113	0.111	0.054	0.055	0.052	0.050	0.059	0.052	0.054	0.066	0.042	0.043	-----	0.011
15 Norte Africa (Libia-Egipto)	0.061	0.104	0.132	0.072	0.068	0.067	0.065	0.071	0.079	0.073	0.078	0.066	0.046	0.070	-----

Para el cálculo se han utilizado las frecuencias de los alelos: $A_1, A_2, B, O; CDE(R^2), CDE(R^1), cDE(R^2), cDe(R^0), Cde(r^V), Cde(r^1), cde(r^{II}), cde(r)$; $MS, Ms, NS, Ns; K, k; P_1, P_2; Fy^a, Fy^b; ACP_1^A, ACP_1^B, ACP_1^C; ADA^1, ADA^2; PGD^A, PGD^C; EsD^1, EsD^2; GLO^1, GLO^2; Hp^1, Hp^2; Tf^C, Tf^B, Tf^D; Gc^1, Gc^2; Pi^M, Pi^S, Pi^Z, Pi^{otros}$.

Cuadro 6.15: Distancias genéticas entre diversas poblaciones, correspondientes a 15 loci de grupos sanguíneos, enzimas y proteínas.

POBLACIONES	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
1 Menorca	-----														
2 Vascos	0.090	-----													
3 Japones	0.152	0.203	-----												
4 Escandinavia	0.060	0.116	0.135	-----											
5 Dinamarca	0.061	0.114	0.136	0.031	-----										
6 Alemania	0.053	0.110	0.133	0.020	0.028	-----									
7 Países Bajos	0.051	0.107	0.141	0.037	0.033	0.031	-----								
8 Gran Bretaña	0.056	0.108	0.140	0.024	0.034	0.025	0.029	-----							
9 Irlanda	0.058	0.106	0.147	0.040	0.041	0.040	0.036	0.039	-----						
10 Francia N.	0.039	0.101	0.145	0.035	0.046	0.035	0.034	0.033	0.044	-----					
11 Francia S.	0.052	0.097	0.162	0.075	0.073	0.066	0.062	0.065	0.070	0.060	-----				
12 Italia N.	0.047	0.108	0.134	0.035	0.044	0.027	0.039	0.039	0.043	0.036	0.067	-----			
13 Italia Cent.	0.064	0.114	0.133	0.059	0.062	0.054	0.056	0.058	0.060	0.062	0.083	0.047	-----		
14 Grecia	0.079	0.142	0.127	0.068	0.078	0.065	0.076	0.071	0.076	0.076	0.103	0.060	0.064	-----	
15 Norte Africa (Libia-Egipto)	0.083	0.127	0.141	0.092	0.090	0.086	0.086	0.093	0.094	0.089	0.104	0.083	0.072	0.086	-----

Para el cálculo se han utilizado las frecuencias de los alelos: $A_1, A_2, B, O; CDE(R^2), CDE(R^1), cDe(R^2), cDe(R^0), cDe(R^Y), Cde(r^1), cDe(r^u), cde(r); MS, Ms, NS, Ns; K, k; P_1, P_2; Fy^a, Fy^b; ACP^A, ACP^B, ACP^C, ACP^1, ACP^2; ADA^1, ADA^2; PGD^A, PGD^C; Esd^1, Esd^2; GLO^1, GLO^2; Hp, Hp^1, Hp^2; Tf^A, Tf^B, Tf^C, Tf^D, Tf^1, Tf^2; Gc^1, Gc^2; Pi^M, Pi^S, Pi^Z, Pi^otros.$

nética obtenidos en los tres casos, indican un buen ajuste entre las relaciones de distancia originales y las representaciones poblacionales respectivas.

Los valores de distancia genética calculados con los tres coeficientes utilizados muestran unos márgenes de variación de 0.000-0.078, 0.013-0.176 y 0.020-0.203, según los índices de Nei, Prevosti y Edwards, respectivamente. En general, las distancias genéticas más pequeñas se presentan entre diversos pares de poblaciones centro y norteeuropeas, mientras que las diferencias más acusadas corresponden en los tres casos, a la comparación entre lapones y vascos.

Estas relaciones quedan expresadas de una manera gráfica en la figura 6.16, en la que se observa que las poblaciones del Centro y Norte de Europa constituyen un núcleo central muy homogéneo. A este núcleo se van agregando sucesivamente, a medida que decrece la afinidad otras poblaciones mediterráneas, como Grecia, Italia centro y también Menorca que forma grupo con el sur de Francia. Por otro lado, la muestra norteafricana formada por Libia y Egipto, los vascos y los lapones quedan claramente separados tanto ente sí, como de las restantes poblaciones comparadas.

En definitiva, estos resultados parecen poner de manifiesto que Menorca presenta mayor afinidad genética con otras poblaciones de la cuenca norte del Mediterráneo que con respecto a otros grupos del Centro y Norte de Europa. Asimismo, queda bien manifiesta la posición especial de los lapones y de los vascos en el contexto de las poblaciones europeas, con respecto a los marcadores genéticos analizados.

En comparación con los análisis de las distancias genéticas expuestos anteriormente, los resultados obtenidos en este apartado merecen un comentario especial. En primer lugar, llama la atención la gran uniformidad observada en la representación gráfica de las interrelaciones poblacionales para los tres coeficientes de distancia

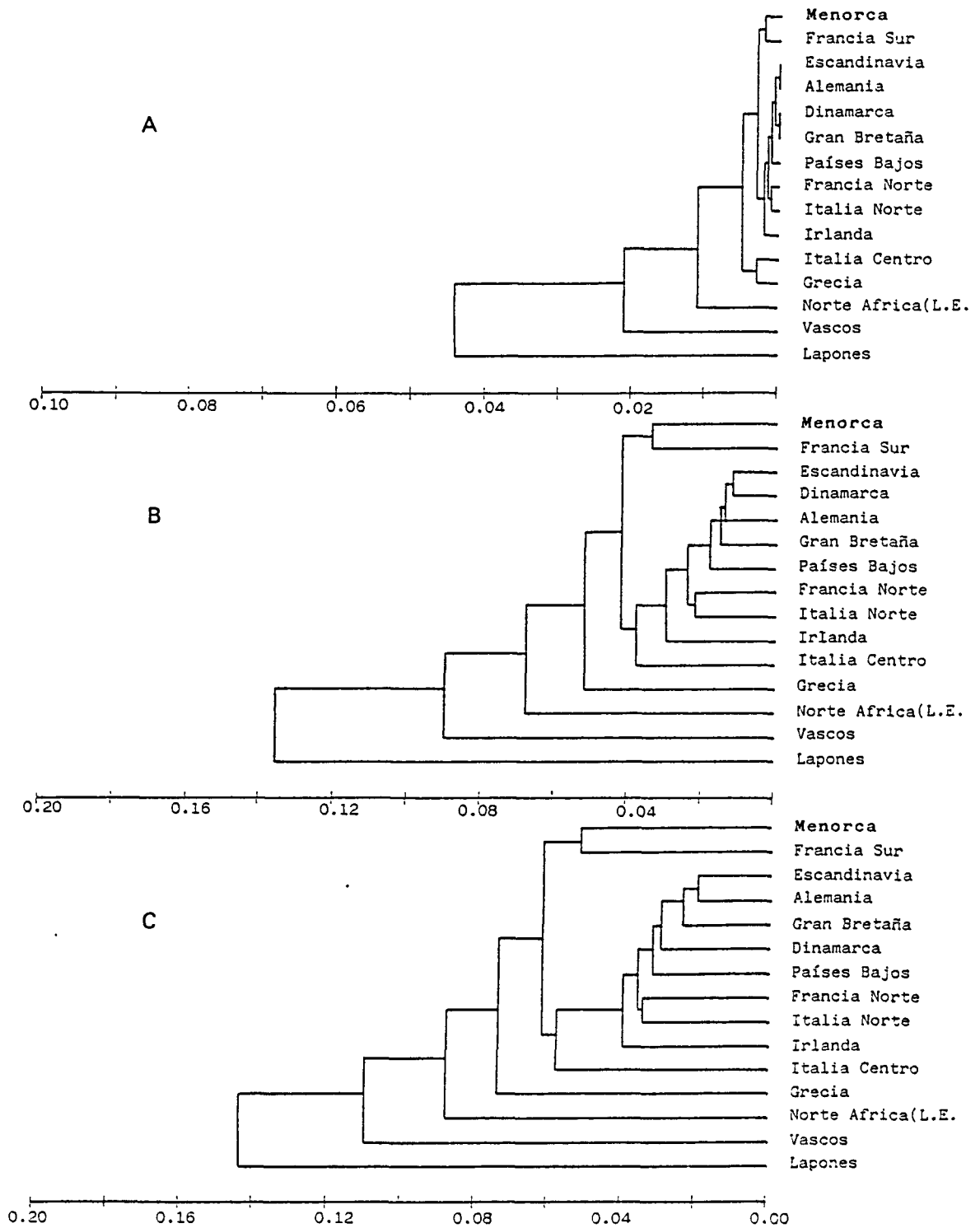


Figura 6.16: Dendrogramas obtenidos mediante el algoritmo UPGMA, a partir de las matrices de distancias genéticas según los coeficientes de Nei (A), Prevosti (B) y Edwards (C). Los índices de correlación cofenética son respectivamente 0.957, 0.978 y 0.962.

utilizados. Este hecho parece indicar que cuanto mayor es el número de loci considerados, mayor es la coincidencia entre los resultados obtenidos con los distintos índices. En consecuencia se pone de manifiesto que cuando el número de caracteres es bajo, los resultados son más dependientes de las características particulares del método de comparación utilizado.

Por otro lado, en relación con los dendrogramas anteriores, particularmente los correspondientes a los enzimas eritrocitarios, cabe resaltar la mayor coherencia desde el punto de vista antropológico de las relaciones entre poblaciones expresadas en los dendrogramas de la figura 6.16. A este respecto, cabe señalar, por ejemplo, la estrecha afinidad genética entre Escandinavia y otras poblaciones centro-europeas próximas como Dinamarca y Alemania; la ligera separación de la serie de Irlanda con respecto a otros grupos centroeuropeos, en consonancia con las características particulares, incluso a nivel fenotípico, de aquella población, así como también la relativa separación entre las muestras del norte y del centro de Italia, quedando la primera de ellas agrupada con la serie de Francia norte, probablemente de acuerdo con la mayor influencia centroeuropea del norte de Italia en relación a otras zonas de la Península italiana.

Por último, si se atiende a los índices de correlación cofenética de todos los dendrogramas, los valores más elevados corresponden a los de este apartado junto con los observados para los grupos sanguíneos, mientras que los encontrados para los enzimas eritrocitarios y, sobre todo, para las proteínas séricas son más bajos y ligeramente dispares entre sí.

RESUMEN Y CONCLUSIONES

El objetivo principal del presente trabajo es el estudio de la variabilidad de diversos polimorfismos hemáticos en una muestra de población de la isla de Menorca. Con ello se pretende la caracterización de la población menorquina actual en función de un conjunto de frecuencias génicas correspondientes a los diferentes loci que controlan dichos polimorfismos.

Para llevar a cabo el análisis experimental se recogieron muestras de sangre procedentes de personas de ambos sexos, aparentemente sanas, residentes en Ciutadella y con ascendencia menorquina, al menos en dos generaciones. Las muestras de sangre fueron centrifugadas a fin de separar los hematíes del suero, conservándose ambos componentes en condiciones adecuadas hasta el momento de su análisis.

Mediante la aplicación de diversas técnicas de laboratorio se ha llevado a cabo la determinación de las variantes genéticas correspondientes a los 16 marcadores hemáticos siguientes:

Grupos sanguíneos: sistemas A_1A_2BO , Lewis, Rh (CDE), MNSs, Kell, P y Duffy.

Enzimas eritrocitarios: Adenosindeaminasa (ADA), 6-Fosfogluconato deshidrogenasa (6-PGD), Esterasa D (ESD), Fosfatasa ácida (ACP-1) y Glioxalasa I (GLO I).

Proteínas séricas: Haptoglobina (Hp); Transferrina (Tf), Componente específico de grupo (Gc) y α_1 -antitripsina (Pi).

Los resultados obtenidos han sido sometidos a un tratamiento estadístico a fin de estimar las frecuencias génicas correspondientes. De este modo, la serie de Menorca que da caracterizada por las frecuencias de 54 alelos:

$A_1, A_2, B, O, Ie, Le, C, C^W, c, D, D^u, d, E, e, m, n, S, s, K,$
 $k, P_1, P_2, Fy^a, Fy^b, ADA^1, ADA^2, PGD^A, PGD^C, EsD^1, EsD^2, ACP_1^A,$
 $ACP_1^B, ACP_1^C, GLO^1, GLO^2, Hp^{1F}, Hp^{1S}, Hp^{2FF}, Hp^{2FS}, Hp^{2SS}, Tf^{C1},$
 $Tf^{C2}, Tf^{C3}, Tf^B, Gc^{1F}, Gc^{1S}, Gc^2, Pi^{M1}, Pi^{M2}, Pi^{M3}, Pi^{M4}, Pi^S,$
 Pi^Z y Pi^T .

Asimismo, se han calculado las frecuencias haplotípicas de los sistemas Rh y MNSs: $CDE(R^Z), CDe(R^1), C^WDe(R^{1W}), cDE(R^2), cDe(R^O),$
 $Cde(r^1), cdE(r''), cde(r), MS, Ms, NS$ y Ns , que contribuyen también a la identificación de la población estudiada.

Los valores obtenidos en Menorca se han comparado con los descritos por otros autores en diversas poblaciones de la Península Ibérica, la cuenca mediterránea, y el Centro y Norte de Europa, a fin de estudiar las relaciones de afinidad o discrepancia entre Menorca y otros grupos de estas zonas geográficas. El estudio comparativo se ha realizado en primer lugar, para cada sistema por separado, utilizando el test de χ^2 , el tratamiento exacto de las tablas 2 x 2 de Fisher y el método gráfico del triángulo equilátero, cuando ha sido factible. Asimismo, considerando conjuntamente varios loci, se han llevado a cabo comparaciones, mediante el cálculo de las distancias genéticas empleando para ello los coeficientes de Nei (1972), Prevosti (1974) y Edwards (1971). A partir de las matrices elaboradas en el análisis de las distancias genéticas, se han obtenido los dendrogramas correspondientes mediante la aplicación del algoritmo UPGMA.

I. GRUPOS SANGUINEOS

El estudio de los diversos sistemas de grupos sanguíneos se ha realizado mediante la detección de los antígenos eritrocitarios correspondientes. Para ello las muestras de hematíes han sido sometidas en cada caso a las pruebas de aglutinación usando anticuerpos específicos, según las técnicas usuales de laboratorio (prueba en tubo, prueba en porta y test de Coombs indirecto).

SISTEMA ABO

La determinación de los grupos ABO se ha realizado mediante las pruebas de aglutinación en tubo y en porta, empleando sueros anti-A, anti-A₁, anti-B y anti-AB (DADE).

La muestra analizada está constituida por 457 individuos, habiéndose obtenido los siguientes resultados fenotípicos:

A ₁	33.70 %	O	49.67 %
A ₂	7.88 %	A ₁ B	1.53 %
B	6.78 %	A ₂ B	0.44 %

Las frecuencias génicas correspondientes son:

$$\begin{aligned} p_1(A_1) &= 0.195 \pm 0.013 & p(A) &= 0.249 \pm 0.015 \\ p_2(A_2) &= 0.054 \pm 0.008 & q(B) &= 0.045 \pm 0.001 \\ & & r(O) &= 0.706 \pm 0.016 \end{aligned}$$

El ajuste de los valores observados con los esperados ($\chi^2 = 0.197$; $P = 0.95-0.90$; 2 g.d.l.) indica que la población estudiada

se halla en equilibrio Hardy-Weinberg.

Atendiendo a la distribución del sistema ABO en la Península Ibérica, la serie de Menorca se caracteriza por presentar unas frecuencias de A y B similares a los mínimos observados en otras poblaciones peninsulares y la frecuencia del gen O es del mismo orden que las más elevadas dentro de este área geográfica.

A nivel de los subgrupos A_1 y A_2 se aprecia, en general, una cierta heterogeneidad regional dentro de la Península Ibérica. Los resultados de la serie de Menorca difieren significativamente con la mayoría de los grupos comparados, encontrándose las mayores diferencias con las muestras leonesas y del País Vasco. La frecuencia del alelo A_1 en Menorca resulta relativamente baja dentro del conjunto peninsular.

En la Cuenca Mediterránea se observa una notable heterogeneidad para los valores del sistema A_1A_2BO , con amplios rangos de variación en las frecuencias de los distintos alelos. Para el alelo B se puede intuir un cierto gradiente según el cual, los valores de q irían disminuyendo en el sentido este-oeste.

Dentro del ámbito de variación mediterránea, la muestra de Menorca quedaría definida por:

- . una frecuencia de A_1 relativamente baja, similar a las encontradas en otras poblaciones insulares y continentales del Mediterráneo noroccidental (Córcega, Cerdeña, Sicilia, Malta, Península Italiana, etc.).

- . un valor de B que representa uno de los mínimos de acuerdo con el gradiente indicado para este alelo en esta zona geográfica.

. una frecuencia de 0 del mismo orden que los valores relativamente elevados de otras poblaciones del área centro-occidental.

En las poblaciones del Centro y Norte de Europa los valores A_1A_2BO muestran una menor dispersión que en el área mediterránea observándose asimismo una disminución gradual, de Este a Oeste, en las frecuencias del alelo B.

En general, las diferencias entre la serie de Menorca y otras poblaciones circunmediterráneas y del Centro y Norte de Europa, resultan significativas en la mayor parte de los casos. En definitiva, puede admitirse que los resultados de Menorca concuerdan con los descritos en otras poblaciones de su entorno geográfico.

SISTEMA LEWIS

El análisis de este sistema se ha llevado a cabo mediante la prueba en tubo, empleando sueros anti-Le^a y anti-Le^b (Behring). De un total de 193 muestras de sangre estudiadas se han obtenido los siguientes resultados:

Le(a+b-)	22,28 %
Le(a-b+)	59.59 %
Le(a-b-)	18.13 %

Las frecuencias génicas calculadas por el método de la raíz cuadrada son:

$$le = 0.426 \pm 0.032$$
$$Le = 0.574 \pm 0.032$$

Los valores del alelo "le" en la Península Ibérica oscilan entre 0.23 y 0.43, apreciándose una cierta heterogeneidad en el conjunto de las muestras peninsulares. Los resultados de Menorca difieren estadísticamente de los de Gerona y otros grupos del País Vasco, quedando situada la frecuencia menorquina dentro de los máximos de la península.

En la Cuenca del Mediterráneo y en el Centro y Norte de Europa, los relativamente escasos datos sobre el gen "le" varían entre 0.24 y 0.63, correspondiendo los valores más bajos a los grupos del noroeste del continente y las frecuencias más altas a los lapones, y a diversos grupos mediterráneos.

En general, las diferencias entre la serie menorquina y la mayoría de las poblaciones comparadas resultan significativas, excepto con las series de Francia y Grecia.

SISTEMA Rh

Para el estudio de sistema Rh se han utilizado seis sueros: anti-D, anti-C+C^w, anti-C^w, anti-c, anti-E y anti-e (DADE) que permiten la detección de los antígenos correspondientes sobre los hematíes. Asimismo, se ha determinado la presencia del antígeno D^u mediante la prueba de la antiglobulina humana (test de Coombs indirecto).

Entre los 457 individuos que constituyen la muestra analizada, se han identificado 16 fenotipos con las siguientes proporciones:

CCD.Ee	1.09 %	CcddEe	0.44 %
CCD.ee	21.44 %	Ccddee	0.22 %

CcD.Ee	11.38 % *	ccddEe	0.22 %
CcD.ee	38.73 %	ccddee	12.04 %
ccD.EE	1.53 %	C ^w .D.ee	0.44 %
ccD.Ee	8.75 % *	C ^w cD.Ee	0.22 %
ccD.ee	2.19 %	C ^w cD.ee	1.31 %

(* se incluye un individuo D^u).

La incidencia de los antígenos C^w y D^u ha sido de 1.97% y 0.44 %, respectivamente.

Las frecuencias calculadas para los distintos haplotipos Rh (equivalentes a las frecuencias génicas según la notación de Wiener) son:

CDE (R ^z)	= 0.012	cDe (R ^o)	= 0.032
CDe (R ¹)	= 0.466	Cde (r')	= 0.003
C ^w De(R ^{1w})	= 0.010	cdE (r'')	= 0.003
cDE (R ²)	= 0.111	cde (r)	= 0.363

Las frecuencias alélicas para cada uno de los tres loci por separado son:

<u>D/d</u> : D	= 0.635	<u>C/c</u> : C	= 0.481 ± 0.016
D ^u	= 0.006	C ^w	= 0.010 ± 0.003
d	= 0.359	c	= 0.509 ± 0.016

<u>E/e</u> : E	= 0.126 ± 0.011
e	= 0.874 ± 0.011

En todos los casos, la comparación entre las frecuencias observadas y las esperadas indican que la serie estudiada se halla en equilibrio Hardy-Weinberg:

Para los fenotipos Rh (CDE): $\chi^2 = 3.267$; P = 0.20; 2 g.d.l.

Para el locus C/c: $\chi^2 = 3.188$; P = 0.20; 2 g.d.l.

Para el locus E/e: $\chi^2 = 0.010$; P = 0.95 - 0.90; 1 g.d.l.

En las poblaciones de la Península Ibérica se observa, en general, una mayor variabilidad para los loci D/d (d: 0.25-0.68) y C/c (c: 0.44-0.67) que para el locus E/e (e: 0.81-0.94), destacándose las frecuencias claramente superiores del alelo "d" en las muestras de población vasca, cuyas particularidades con respecto a este sistema son bien conocidas. Asimismo, los valores relativamente más altos de c y e, se presentan mayoritariamente en los grupos septentrionales.

Dentro del ámbito peninsular, la serie de Menorca se caracteriza por presentar frecuencias "d" y "c" relativamente bajas en relación a la mayoría de poblaciones comparadas. Por otro lado, la frecuencia del alelo "e" en Menorca, es del mismo orden que los valores intermedios predominantes en aquellas poblaciones. Los valores obtenidos para los distintos haplotipos Rh en Menorca pueden considerarse próximos a los valores intermedios peninsulares existiendo, no obstante, diferencias significativas entre Menorca y diversos grupos comparados.

Con respecto a la distribución mediterránea de los haplotipos Rh más frecuentes (CDe, cde, cDE y cDe) se observa, en general, que los grupos norteafricanos presentan mayor amplitud de variación que otras poblaciones de este área geográfica. En la cuenca norte, la isla de Cerdeña queda claramente diferenciada presentando los valores máximos de CDe y los mínimos para cde y cDE.

Las frecuencias de CDe, cde, cDE y cDe de la serie menorquina se hallan situados entre los valores intermedios predominantes en la cuenca norte del Mediterráneo.

En el Centro y Norte de Europa, la variabilidad de las

frecuencias de los cuatro haplotipos Rh mencionados es menor que la observada en la cuenca mediterránea quedando parcialmente solapada con la de estas últimas poblaciones. En consecuencia, los valores de CDe en las poblaciones centro y norteeuropeas resultan en conjunto ligeramente inferiores a los mediterráneos, mientras que los de cde y cDE son, en promedio, algo más altos. Con respecto a estas poblaciones, Menorca queda diferenciada por presentar frecuencias de cDE y cde situadas entre los mínimos centro y norteeuropeos, mientras que el valor de CDe de Menorca queda muy próximo a los valores máximos de aquellas poblaciones.

Con respecto a los genes C^W y D^U los resultados obtenidos en Menorca quedan situados dentro de los ámbitos de variación observados en los grupos de poblaciones comparadas. En particular, la frecuencia de C^W en Menorca se ajusta al gradiente de disminución NE-SO indicado para este alelo en poblaciones europeas.

SISTEMA MNSs

Mediante el empleo de los cuatro antisueros anti-M, anti-N, anti-S y anti-s (Behring) se ha llevado a cabo el estudio de la distribución de los fenotipos MNSs en una muestra de 194 menorquines. Las técnicas utilizadas han sido las siguientes: prueba en porta para los antígenos M y N, prueba en tubo para el antígeno S y test de Coombs indirecto para el antígeno s.

Los resultados fenotípicos obtenidos son los siguientes:

MS	4.64 %	MNs	13.92 %
MSs	17.53 %	NS	1.55 %
Ms	7.73 %	NSs	10.82 %
MNS	5.15 %	Ns	14.43 %
MNSs	24.23 %		

Las frecuencias calculadas por el método de la máxima verosimilitud para los distintos haplotipos MNSs, son:

$$\begin{array}{ll} MS = 0.247 \pm 0.024 & NS = 0.130 \pm 0.020 \\ Ms = 0.269 \pm 0.025 & Ns = 0.354 \pm 0.027 \end{array}$$

La comparación de los valores fenotípicos observados con los esperados pone de manifiesto que la población estudiada se halla en equilibrio Hardy-Weinberg ($\chi^2 = 7.676$; $P = 0.20 - 0.10$; 5 g.d.l.).

Las frecuencias alélicas correspondientes a los loci M/N y S/s por separado, son:

$$\begin{array}{ll} m = 0.515 \pm 0.025 & S = 0.376 \pm 0.025 \\ n = 0.485 \pm 0.025 & s = 0.624 \pm 0.025 \end{array}$$

En ambos casos se comprueba también que los resultados encontrados se ajustan a los esperados indicando el estado de equilibrio Hardy-Weinberg (para el locus M/N, $\chi^2 = 3.441$, $P = 0.10 - 0.05$, 1 g.d.l.; y para el locus S/s, $\chi^2 = 2.799$, $P = 0.10$, 1 g.d.l.).

Los valores del alelo "m", en la Península Ibérica, son bastante heterogéneos presentando dicho alelo una mayor dispersión (0.42 - 0.60) que el gen "s" (0.59 - 0.72). También se observa una notable heterogeneidad en la distribución de los grupos MNSs en el conjunto peninsular, quedando las series de vascos españoles (con máximos de Ms y mínimos de MS) ligeramente separadas de las restantes poblaciones. La muestra de Menorca queda relativamente diferenciada, con respecto a estas poblaciones, ya que las frecuencias menorquinas de NS y Ns presentan el valor máximo y mínimo, respectivamente, dentro del ámbito peninsular. Los resultados de esta serie difieren significativamente de los encontrados en Madrid, Castellón y en las series de vascos españoles.

En la Cuenca Mediterránea, las frecuencias de los haplotipos MNSs presentan una gran dispersión no pudiéndose definir ninguna zona concreta por unos valores determinados. Las frecuencias haplotípicas obtenidas en la serie de Menorca están claramente incluidas en el ámbito de variación mediterránea, quedando caracterizada por presentar un valor relativamente alto de NS y valores de MS, Ms y Ns del mismo orden que los intermedios predominantes en esta zona geográfica.

Al igual que ocurre para otros sistemas analizados, en los grupos del Centro y Norte de Europa la variabilidad de los haplotipos MNSs es menor que en el área mediterránea, quedando además perfectamente incluida dentro de los márgenes de variación del Mediterráneo. Con respecto a otras poblaciones de este área, Menorca queda relativamente diferenciada con una frecuencia Ms muy próxima al extremo de los mínimos, mientras que la frecuencia menorquina de NS es ligeramente más alta que el margen superior del rango de variación de dichas poblaciones.

En líneas generales, las diferencias entre la serie de Menorca y otras poblaciones mediterráneas y del Centro y Norte de Europa, resultan significativas en la mayoría de los casos.

SISTEMA KELL

La determinación de este sistema se ha llevado a cabo empleando sueros anti-K y anti-k (DADE), mediante la prueba de la anti-globulina indirecta o test de Coombs indirecto, en una muestra de 457 individuos.

Se han encontrado únicamente dos fenotipos Kk y kk con unas proporciones relativas del 8.32 % y del 91.68 %, respectivamente.

Las frecuencias alélicas correspondientes son: $K = 0.042 \pm 0.007$ y $k = 0.958 \pm 0.007$. El valor obtenido al comparar las frecuencias empíricas con las teóricas, indica que la muestra analizada se encuentra en equilibrio Hardy-Weinberg ($\chi^2 = 0.018$; $P = 0.90 - 0.80$, 1 g.d.l.).

La mayor parte de los valores del alelo K descritos en la Península Ibérica son muy uniformes (0.030 - 0.050). Sin embargo, en el conjunto peninsular se aprecia una cierta heterogeneidad a la cual contribuyen principalmente las series de la zona noroccidental. Los resultados de Menorca no difieren significativamente del conjunto peninsular excepto con las series de Galicia, Tarragona, Vascos de Vizcaya (1979) y Canarias (1969), que presentan valores extremos dentro de este área geográfica.

En el Mediterráneo y en el Centro y Norte de Europa, las frecuencias de K son también bastante uniformes, destacando, sin embargo, algunas series mediterráneas de Oriente Próximo con valores sensiblemente más bajos.

En general, las diferencias entre la serie menorquina y todas estas poblaciones no resultan significativas excepto en el caso de algunas series mediterráneas con valores extremos, dispersas por todo el área geográfica.

SISTEMA P

Para el estudio del sistema P se ha utilizado suero anti- P_1 (DADE) habiéndose analizado, mediante la prueba en tubo, un total de 191 muestras de sangre. Los resultados obtenidos son: 78.53 % del grupo P_1 (P_1 -positivos) y 21.47 % del grupo P_2 (P_1 -negativos).

Las frecuencias alélicas correspondientes, calculadas mediante el método de la raíz cuadrada son: $P_1 = 0.537 \pm 0.032$ y $P_2 = 0.463 \pm 0.032$.

Los datos sobre la distribución de este sistema en la Península Ibérica son, en general, bastante heterogéneos. Los resultados de Menorca están claramente incluidos dentro del rango de variabilidad de la península, siendo la frecuencia menorquina de P_1 del mismo orden que los valores altos peninsulares. La serie estudiada presenta diferencias significativas con las tres muestras vizcaínas de valores mínimos, así como con los grupos de Gerona, Tarragona y Gran Canaria cuyos valores P_1 resultan relativamente bajos.

En la Cuenca Mediterránea, los valores de P_1 oscilan entre 0.021 y 0.64, predominando las frecuencias más bajas en las series más orientales, y los más altos en algunas series del Mediterráneo central y en el norte de Africa. Los resultados de la muestra de Menorca son del mismo orden que los descritos en otras poblaciones del Mediterráneo centrooccidental, presentando diferencias significativas con las series más orientales y con algunos grupos insulares como Cerdeña y Malta.

Las frecuencias de P_1 en las poblaciones del Centro y Norte de Europa presentan una menor variación (0.40 - 0.56), si se exceptúa el valor excesivamente bajo (0.17) de los lapones. El valor de P_1 de Menorca es similar a los observados en otros grupos centroeuropeos, resultando significativas las diferencias entre dicha población y algunas series del Norte de Europa.

SISTEMA DUFFY

El sistema Duffy ha sido determinado mediante la prueba de la antiglobulina indirecta o test de Coombs indirecto, utilizando

suero anti-Fy^a (DADE). De este modo se han analizado 457 muestras de sangre, habiéndose observado 59.96 % de Fy (a+) y 40.04 % de Fy (a-).

Las frecuencias génicas correspondientes son:

$$Fy^a = 0.367 \pm 0.018 \qquad Fy^b = 0.633 \pm 0.018$$

En la Península Ibérica, las frecuencias de Fy^a permiten diferenciar por un lado a las series de vascos españoles con valores significativamente bajos y a su vez, heterogéneos entre sí, y por otro lado, a las restantes poblaciones con valores de Fy^a bastante homogéneos entre sí. Los datos obtenidos en Menorca quedan incluidos entre los de estas últimas poblaciones, siendo particularmente afines a los descritos en diversas muestras catalanas.

Los valores de Fy^a en la Cuenca Mediterránea presentan una notable variación (0.17 - 0.50), intuyéndose la existencia de un doble gradiente que en la parte central y occidental, haría que las frecuencias de este alelo disminuyesen de norte a sur (desde el norte de Italia al norte de Africa), y también de este a oeste (desde Grecia hasta la Península Ibérica).

Con respecto a estas poblaciones, los datos obtenidos en Menorca quedan situados dentro de los valores relativamente bajos observados en la parte noroccidental, presentando diferencias significativas con los grupos de la mitad oriental del Mediterráneo.

En el Centro y Norte de Europa los márgenes de variación del alelo Fy^a son más reducidos (0.38 - 0.50), apreciándose asimismo una cierta disminución gradual de las frecuencias de este alelo en sentido NE-SO. El valor encontrado en Menorca se sitúa, de acuerdo con el gradiente mencionado, en el límite inferior de la variabilidad europea, resultando significativas las diferencias con la mayor parte de las muestras norte y centroeuropeas.

II. ENZIMAS ERITROCITARIOS

La identificación de las distintas variantes genéticas correspondientes a los cinco sistemas enzimáticos estudiados, se ha realizado mediante electroforesis horizontal en gel de almidón. En cada caso, una vez finalizada la electroforesis se procedió a una tinción específica para cada sistema. Para ello, los geles se incubaron con un sustrato específico, favoreciendo de este modo la reacción enzimática correspondiente, la cual es aprovechada secundariamente para provocar la aparición de bandas coloreadas sobre el gel que denotan la presencia de las distintas variantes isoenzimáticas.

ADENOSINDEAMINASA (ADA; EC 3.5.4.4.)

El revelado de las bandas de actividad ADA se realizó sobre el gel después de la electroforesis, utilizándose una mezcla de adenosina, nucleósido fosforilasa, xantinoxidasa, PMS y MTT, en tampón fosfato (pH 6.2).

Las proporciones fenotípicas obtenidas en el análisis de una muestra de 340 menorquines son:

ADA 1-1	91.47 %
ADA 2-1	8.24 %
ADA 2-2	0.29 %

Las frecuencias alélicas correspondientes son:

$$\text{ADA}^1 = 0.956 \pm 0.008$$
$$\text{ADA}^2 = 0.044 \pm 0.008$$

La comparación de las frecuencias observadas con las esperadas ($\chi^2 = 0.004$; $P = 0.95$; 1 g.d.l.) pone de manifiesto el estado de equilibrio Hardy-Weinberg de la población estudiada.

Los datos existentes sobre este polimorfismo en la Península Ibérica son, en general, bastante homogéneos (ADA^1 : 0.93-0.97), destacándose ligeramente las series vascas con frecuencias de ADA^1 relativamente más elevadas. El valor de ADA^1 en Menorca queda perfectamente incluido dentro del ámbito de valores peninsulares.

En la Cuenca Mediterránea se aprecia una distribución particular del alelo ADA^1 (0.82-0.96), localizándose las frecuencias más bajas en la zona oriental (Oriente Próximo) y las más elevadas en la occidental. La frecuencia de ADA^1 en Menorca es del mismo orden que los valores máximos propios del Mediterráneo occidental, resultando significativas las diferencias con diversas series de la península italiana, Grecia y Oriente Próximo.

Los valores de ADA^1 en el Centro y Norte de Europa (0.84-0.98) pueden considerarse, en general, más uniformes que los del Mediterráneo, si se exceptúan los lapones a los que corresponden las frecuencias más bajas. Los valores más elevados de ADA^1 se aprecian en los grupos del suroeste del continente. La muestra de Menorca difiere significativamente de los lapones y de algún grupo centroeuropeo.

Con respecto a la distribución mundial del sistema ADA, se observa que los valores más elevados de ADA^1 se presentan en negritos, amerindios y esquimales, quedando dichos grupos separados de las poblaciones europeas y asiáticas. Las poblaciones de Oceanía presentan una amplia variabilidad.

6-FOSFOGLUCONATO DESHIDROGENASA (6-PGD; EC 1.1.1.44)

Las bandas del sistema 6-PGD se pusieron de manifiesto incubando el gel, una vez realizada la electroforesis, con una solución de 6-PGNa, NADP, PMS y MTT en tampón TRIS 0.1 M (pH 7.5).

Se han analizado 339 muestras de sangre, habiéndose obtenido las siguientes proporciones fenotípicas:

A	93.22 %
AC	6.78 %
C	0.00 %

Las frecuencias alélicas correspondientes son:

$$\text{PGD}^A = 0.966 \pm 0.007$$
$$\text{PGD}^C = 0.034 \pm 0.007$$

El valor de χ^2 obtenido al comparar los valores fenotípicos observados con los esperados ($\chi^2 = 0.007$; $P = 0.95-0.90$; 1g.d.l.) indica que la muestra analizada se halla en equilibrio Hardy-Weinberg.

Los valores de PGD^C en la Península Ibérica son bastante uniformes, con una variabilidad muy reducida (0.01-0.03), encontrándose la frecuencia de Menorca entre los valores más elevados.

En las poblaciones mediterráneas, el alelo PGD^C muestra una mayor variación (0.00-0.16) distribuyéndose los valores más altos en la mitad oriental del Mediterráneo. La frecuencia de este alelo en la serie menorquina es similar a las observadas en otros grupos del área centro-occidental de esta zona geográfica, presentando diferencias significativas con las muestras norteafricanas y del Oriente Próximo.

Las frecuencias de PGD^C en el Centro y Norte de Europa (0.00-0.04) son, en conjunto, inferiores a las del área mediterránea. El valor obtenido en Menorca es similar a las frecuencias más altas observadas en estas poblaciones, resultando significativas las diferencias entre Menorca y un elevado número de series centroeuropeas.

A escala mundial, se observa que los valores más bajos de PGD^C corresponden mayoritariamente a poblaciones de Europa, de la India y, en particular, a los amerindios entre los cuales muchos grupos carecen de dicho alelo. En los négridos y en diversos grupos asiáticos los valores de PGD^C son, en promedio, superiores a los europeos. Los rangos de variación PGD^C correspondientes a todos los grupos continentales quedan, no obstante, solapados en mayor o menor grado, encontrándose la máxima dispersión en Oceanía.

ESTERASA D (EsD; EC 3.1.1.1)

Para la identificación de las bandas electroforéticas de EsD sobre el gel, se ha empleado como sustrato 4-metilumbeliferilacetato disuelto en tampón fosfato (pH 5.2).

Los resultados obtenidos en el análisis de 378 muestras de sangre son los siguientes:

EsD 1-1	74.07 %
EsD 2-1	24.60 %
EsD 2-2	1.32 %

Las frecuencias alélicas correspondientes son:

$$\text{EsD}^1 = 0.864 \pm 0.012$$

$$EsD^2 = 0.136 \pm 0.012$$

El estado de equilibrio Hardy-Weinberg se ha confirmado al obtener un valor de $\chi^2 = 0.777$ ($P = 0.50 - 0.30$; 1 g.d.l.).

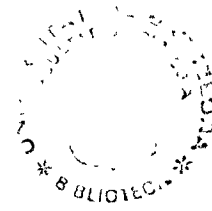
El ámbito de variación del alelo del alelo EsD^1 en la Península Ibérica es muy reducido (0.83 - 0.91), apreciándose una uniformidad en el conjunto de estas poblaciones a excepción de la muestra portuguesa con un valor de EsD^1 notablemente más bajo que las restantes poblaciones. Los resultados de Menorca concuerdan con los encontrados en otros grupos peninsulares, presentando diferencias significativas únicamente con la serie de Portugal.

En las poblaciones mediterráneas y del Centro y Norte de Europa, los valores de EsD^1 son en su mayoría bastante uniformes (0.80-0.90). Los resultados de Menorca quedan incluidos dentro de la variabilidad correspondiente a estas dos zonas geográficas, no obstante se aprecian diferencias significativas con algunos grupos norteeuropeos y del Mediterráneo oriental.

A nivel mundial, las frecuencias más elevadas de EsD^1 corresponden a determinadas poblaciones de Nueva Guinea (Oceanía), Africa sudsahariana y norte de la India. Los valores más bajos para este alelo se han observado en dos grupos de amerindios del Brasil.

FOSFATASA ACIDA ERITROCITARIA (ACP-1; EC 3.1.3.2)

El sustrato empleado para el revelado de las bandas ACP-1 ha sido el difosfato de fenolftaleína disuelto en tampón citrato pH 5.9, habiéndose utilizado el mismo método electroforético que para



la esterasa D.

En la muestra estudiada de 349 menorquines se han identificado los siguientes fenotipos:

A	8.02 %	CA	0.57 %
BA	33.24 %	CB	5.16 %
B	52.72 %	C	0.29 %

Las frecuencias alélicas obtenidas son:

$$ACP_1^A = 0.249 \pm 0.016$$

$$ACP_1^B = 0.719 \pm 0.017$$

$$ACP_1^C = 0.032 \pm 0.007$$

La comparación de las frecuencias observadas con las esperadas indica que la muestra analizada se encuentra en equilibrio Hardy-Weinberg ($\chi^2 = 4.244$; $P = 0.20 - 0.10$; 2 g.d.l.).

En la Península Ibérica los valores fenotípicos descritos para el sistema ACP-1 son, en general, bastante heterogéneos destacándose la serie de Andalucía que difiere significativamente de los restantes grupos peninsulares. Los resultados obtenidos en Menorca presentan diferencias estadísticas con la mayoría de los grupos comparados. Las frecuencias de los alelos ACP_1^A y ACP_1^B en la serie estudiada resultan ser los valores extremos (mínimo y máximo, respectivamente) dentro de la variabilidad española.

La distribución de las frecuencias alélicas del sistema ACP-1 en la Cuenca Mediterránea permite separar claramente a los grupos norteafricanos (con valores relativamente altos de ACP_1^B , y bajos tanto de ACP_1^A como de ACP_1^C) de las restantes poblaciones mediterráneas.

Por otro lado, dentro de la variabilidad correspondiente a la cuenca norte de este área, la zona central parece diferenciarse de los extremos oriental y noroccidental, con valores relativamente bajos de ACP_1^A y elevados de ACP_1^C . Los resultados obtenidos en la serie de Menorca concuerdan con los de una población del Mediterráneo noroccidental.

En las poblaciones del Centro y Norte de Europa, si se descarta a los lapones, se observan valores de ACP-1 relativamente uniformes. En líneas generales, las diferencias entre la serie de Menorca y otras poblaciones europeas, resultan significativas con casi todas ellas.

Con respecto a la repartición mundial de los alelos ACP-1, se observa que las frecuencias más altas de ACP_1^A y las más bajas de ACP_1^B se han descrito en amerindios. En contraposición, los aborígenes australianos y otros grupos de Oceanía parecen caracterizarse por presentar los valores más bajos de ACP_1^A y los más elevados de ACP_1^B .

GLIOXALASA I (GLO; EC 4.4.1.5)

El revelado de las bandas con actividad GLO I después de la electroforesis, se ha llevado a cabo utilizando glutatión reducido (GSH) y metilglioxal.

Se han analizado un total de 286 muestras de sangre, entre las que se han encontrado las siguientes proporciones fenotípicas:

GLO 1-1	17.83 %
GLO 2-1	53.15 %
GLO 2-2	29.02 %

Las frecuencias génicas estimadas a partir de estos resul-

tados son:

$$GLO^1 = 0.444 \pm 0.021$$

$$GLO^2 = 0.556 \pm 0.021$$

El ajuste entre las frecuencias observadas y esperadas ($\chi^2 = 1.669$; $P = 0.20 - 0.10$; 1 g.d.l.) indica que la serie estudiada se halla en equilibrio Hardy-Weinberg.

Los pocos datos sobre la distribución de este sistema en la Península Ibérica son bastante homogéneos (0.42 - 0.48) quedando la serie menorquina claramente incluida dentro del rango de variación peninsular.

En la cuenca norte del Mediterráneo los valores de GLO^1 oscilan entre 0.23 y 0.47, apreciándose un cierto gradiente en el que las frecuencias de este alelo aumentan ligeramente de este a oeste. Los resultados de Menorca concuerdan con los observados en otros grupos del Mediterráneo occidental, difiriendo significativamente de otras poblaciones de la parte central así como de Oriente Próximo.

En los grupos del Centro y Norte de Europa, el alelo GLO^1 muestra una menor amplitud de variación (0.35 - 0.47), a excepción del valor extremo observado en los lapones.

Al comparar las frecuencias del sistema GLO en diferentes grupos de población mundial se observa que los valores más elevados de GLO^1 se presentan en el continente europeo quedando, de este modo, notablemente separado de otros grupos continentales. Por otro lado, las poblaciones de Oceanía también quedan diferenciadas ya que presentan las frecuencias más bajas e incluso nulas de GLO^1 . Los grupos africanos y asiáticos ocupan en líneas generales una posición intermedia entre Europa y Oceanía con respecto a los valores del alelo GLO^1 .

III. PROTEINAS SERICAS

La determinación de las variantes proteicas correspondientes a los cuatro sistemas analizados, se ha llevado a cabo mediante técnicas de electroforesis e isoelectroenfoque en geles de poliacrilamida. La sensibilidad de los métodos empleados ha permitido la identificación de tipos y subtipos de las diferentes variantes proteicas.

SISTEMA HAPTOGLOBINA (Hp)

El análisis realizado del polimorfismo Hp incluye la determinación de tipos mediante electroforesis horizontal en gel de poliacrilamida. La identificación de los subtipos Hp se ha realizado por electroforesis vertical en geles de poliacrilamida-urea, previa purificación de la proteína.

Se ha estudiado un total de 678 muestras de suero, habiéndose obtenido los siguientes resultados:

Tipos Hp:	Hp 1-1	16.22 %	Hp 2-1	48.82 %
	Hp 2-2	34.51 %	Hp 0	0.44 %
Subtipos Hp:	Hp 1F-1F	4.29 %	Hp 1S-2FF	0.44 %
	Hp 1F-1S	7.41 %	Hp 1S-2FS	25.78 %
	Hp 1S-1S	4.59 %	Hp 1S-2SS	0.30 %
	Hp 1F-2FF	0.15 %	Hp 2FF-2FS	0.89 %
	Hp 1F-2FS	22.22 %	Hp 2FS-2FS	33.78 %
	Hp 1F-2SS	0.15 %		

Las frecuencias alélicas correspondientes son:

- para los tipos Hp: $Hp^1 = 0.408 \pm 0.013$

$$H_p^2 = 0.592 \pm 0.013$$

- para los subtipos H_p :

$$\begin{array}{ll} H_p^{1F} = 0.193 \pm 0.011 & H_p^{2FS} = 0.582 \pm 0.013 \\ H_p^{1S} = 0.216 \pm 0.011 & H_p^{2SS} = 0.002 \pm 0.001 \\ H_p^{2FF} = 0.007 \pm 0.002 & \end{array}$$

Tanto en el caso de los tipos H_p ($\chi^2 = 0.158$; $P = 0.70-0.50$; 1 g.d.l.) como en el de los subtipos ($\chi^2 = 1.598$; $P = 0.70-0.50$; 3 g.d.l.) se comprueba que la muestra analizada se halla en equilibrio Hardy-Weinberg.

Tipos H_p

La distribución del alelo H_p^1 en la Península Ibérica (0.37 - 0.45) permite apreciar una cierta homogeneidad si se excluyen los datos correspondientes a la zona centro. Los datos de Menorca no difieren significativamente de las restantes poblaciones salvo en el caso de algunas muestras castellanas.

En la Cuenca Mediterránea los valores de H_p^1 oscilan entre 0.21 y 0.59, pudiéndose apreciar un cierto gradiente según el cual las frecuencias de este alelo parecen aumentar en sentido este-oeste.

Los valores de H_p^1 en el Centro y Norte de Europa presentan una menor variabilidad (0.31 - 0.45) respecto a la descrita en el Mediterráneo. También entre estas poblaciones las frecuencias de H_p^1 parecen aumentar gradualmente en sentido NE-SO, desde los países nórdicos hacia la Península Ibérica.

Los resultados para los tipos H_p obtenidos en Menorca concuerdan con los gradientes indicados para estas dos zonas geográficas, resultando del mismo orden que los valores elevados observados, por

un lado, en las poblaciones mediterráneas occidentales y por otro, en el sudoeste del continente europeo. En líneas generales, las diferencias entre la serie menorquina y estas poblaciones, resultan significativas para los grupos de la mitad oriental del Mediterráneo, y también para los del norte y este del continente europeo.

Subtipos Hp

Al comparar los resultados obtenidos para los subtipos Hp^{1F} y Hp^{1S} del alelo Hp^1 , se observa una notable dispersión tanto en los grupos mediterráneos como en los del Centro y Norte de Europa, destacándose claramente los lapones con las frecuencias más bajas de Hp^{1F} . Las frecuencias de Hp^{1F} y Hp^{1S} de Menorca quedan incluidas dentro del ámbito de la variabilidad de estas zonas geográficas siendo, en general, del mismo orden que las observadas en diversas poblaciones mediterráneas como Barcelona, Cerdeña, Sur de Italia y Grecia.

Las series asiáticas del Extremo Oriente, los amerindios, esquimales y aborígenes australianos, presentan frecuencias de Hp^{1F} muy bajas o nulas, mientras que las del alelo Hp^{1S} muestran una gran variabilidad. Todo esto induce a considerar que los valores bajos de Hp^{1F} pueden ser una característica del tronco racial mongoloide.

SISTEMA TRANSFERRINA (Tf)

Mediante la técnica electroforética de isoelectroenfoco se han determinado los subtipos de transferrina en una muestra de 696 individuos. Los resultados obtenidos son:

Tipos Tf:	C	99.10 %
	CB	0.90 %
	B	0.00 %

Subtipos Tf:	TfC1	58.33 %	TfC2C3	2.15 %
	TfC1C2	23.42 %	TfC3	0.14 %
	TfC2	3.59 %	TfC1B	0.86 %
	TfC1C3	11.49 %		

Las frecuencias génicas correspondientes son:

- para los tipos: $Tf^C = 0.995 \pm 0.001$
 $Tf^B = 0.004 \pm 0.001$

- para los subtipos: $Tf^{C1} = 0.762 \pm 0.011$
 $Tf^{C2} = 0.164 \pm 0.010$
 $Tf^{C3} = 0.070 \pm 0.007$

Tanto en el caso de los tipos Tf ($\chi^2 = 0.001$; $P = 0.99$; 1 g.d.l.) como en el de los subtipos ($\chi^2 = 5.042$; $P = 0.20 - 0.10$; 3g. d.l.) se observa un ajuste entre las frecuencias observadas y esperadas, por lo cual puede admitirse que la serie analizada se halla en equilibrio Hardy-Weinberg.

Tipos Tf

Con respecto a la distribución de los alelos Tf^C , Tf^B y Tf^D en la Península Ibérica, se aprecia una clara homogeneidad, con valores de Tf^C siempre superiores a 0.95. Lo mismo ocurre en otras poblaciones circunmediterráneas y del Centro y Norte de Europa. Los valores de la serie menorquina quedan claramente incluidos dentro de la variabilidad de estas poblaciones.

Subtipos Tf

Los datos sobre los subtipos comunes de Tf^C , Tf^{C1} , Tf^{C2} y Tf^{C3} , en tres series de la Península Ibérica también son bastante homogéneos, observándose no obstante diferencias estadísticas entre la serie de Menorca y Barcelona.

En el área mediterránea y en el Centro y Norte de Europa, el alelo más frecuente es el Tf^{C1} (0.73 - 0.84), seguido de Tf^{C2} (0.09-0.21) y el que presenta valores más bajos es el Tf^{C3} (0.003 - 0.082). Con relación a estas poblaciones, los resultados de Menorca, con frecuencias relativamente bajas de Tf^{C1} y altas de Tf^{C3} , quedan incluidos dentro del ámbito de variación europeo. En general, las diferencias entre Menorca y estas poblaciones resultan significativas para algunas del norte de Europa y para las muestras de la isla de Alonissos (Grecia) y Túnez, en el Mediterráneo.

Con respecto a la distribución mundial de los subtipos de Tf^C , los valores máximos de Tf^{C1} corresponden a algunas poblaciones de Oceanía, mientras que el valor más bajo de Tf^{C2} descrito hasta la fecha corresponde a los Pigmeos. El alelo Tf^{C3} podría ser un marcador específico de európidos ya que sólo se ha detectado en Europa y en grupos de influencia caucasoide.

SISTEMA Gc

El método empleado para la determinación de los subtipos de Gc ha sido el de isoelectroenfoque seguido de inmunofijación con suero anti-Gc (DAKO).

Los resultados del análisis de un total de 448 muestras de suero son:

Tipos:	Gc 1-1	44.64 %		
	Gc 2-1	44.42 %		
	Gc 2-2	10.94 %		
Subtipos:	Gc 1F-1F	1.78 %	Gc 2-1F	7.36 %
	Gc 1F-1S	11.16 %	Gc 2-1S	37.05 %
	Gc 1S-1S	31.70 %	Gc 2-2	10.94 %

Las frecuencias alélicas correspondientes son:

$$\begin{array}{ll} Gc^1 = 0.669 \pm 0.016 & Gc^{1F} = 0.111 \pm 0.010 \\ Gc^2 = 0.331 \pm 0.016 & Gc^{1S} = 0.558 \pm 0.017 \end{array}$$

En ambos casos, tanto para los tipos ($\chi^2 = 0.002$; $P = 0.98-0.95$; 1 g.d.l.), como para los subtipos ($\chi^2 = 1.716$; $P = 0.70 - 0.50$; 3 g.d.l.), se comprueba que la muestra analizada se halla en equilibrio Hardy-Weinberg.

Tipos Gc

En la Península Ibérica los valores de Gc^1 oscilan entre 0.62 y 0.77. La frecuencia de este alelo en la muestra menorquina es del mismo orden que los valores bajos de las series españolas. Comparando con otros grupos peninsulares, la muestra de Menorca sólo difiere significativamente con las tres poblaciones que presentan los valores más elevados de Gc^1 (la de la Meseta Central y dos de Portugal).

Las frecuencias de Gc^1 en el área mediterránea muestran una considerable variabilidad (0.55 - 0.98), correspondiendo los valores más elevados a las series norteafricanas y los más bajos a los grupos del Mediterráneo noroccidental. La frecuencia de Gc^1 en Menorca es del mismo orden que las observadas en estas series noroccidentales. Al comparar los resultados de la muestra objeto de estudio con los de otros grupos mediterráneos se obtienen diferencias significativas con bastantes poblaciones, apreciándose las mayores discrepancias con casi todas las series norteafricanas.

En las poblaciones del Centro y Norte de Europa, los valores más altos de Gc^1 se presentan en los lapones y los más bajos en el SO del continente, con una variación global comprendida entre 0.66 y 0.81. El valor de Gc^1 en la serie menorquina queda, pues, situado en el límite inferior del rango de variación de estas poblaciones, resultando estadísticamente significativas las diferencias entre Menor-

ca y todos los grupos escandinavos, así como con un buen número de poblaciones centroeuropeas.

Subtipos Gc

Los pocos datos existentes en la Península Ibérica, correspondientes a dos muestras catalanas y a la serie objeto de estudio, son muy homogéneos no apreciándose en consecuencia diferencias significativas entre los mismos.

En el ámbito mediterráneo, las frecuencias más bajas de Gc^{1F} corresponden a las series noroccidentales quedando, de este modo, separadas de los otros grupos mediterráneos. Los valores obtenidos en Menorca quedan perfectamente incluidos dentro de la variabilidad observada en las poblaciones noroccidentales, presentando diferencias estadísticas con los grupos de otras zonas del Mediterráneo.

En el Centro y Norte de Europa, los rangos de variación de los alelos Gc^{1F} y Gc^{1S} son más estrechos y están imbricados con los observados en el Mediterráneo. Las frecuencias de Gc^{1F} y Gc^{1S} en la serie menorquina pueden considerarse del mismo orden que los límites inferiores de la variabilidad observada en el Centro y Norte de Europa.

Con respecto a la distribución mundial de los subtipos Gc, se observa que los négridos y los mongólios asiáticos del Extremo Oriente quedan caracterizados por presentar las frecuencias máximas de Gc^{1F} y mínimas de Gc^{1S} y de Gc^2 , diferenciándose entre sí en que los valores de los mongólios no resultan tan extremos como los de los négridos. Por otro lado, los európidos y las poblaciones de la India quedan claramente separadas de los dos grupos anteriores al mostrar frecuencias mínimas de Gc^{1F} y máximas de Gc^{1S} .

SISTEMA Pi

La determinación de las variantes de α_1 -AT se ha llevado a cabo también mediante isoelectroenfoque que permite la identificación de los subtipos de la variante común PiM.

Con esta técnica se han analizado 445 muestras de suero, habiéndose obtenido los siguientes resultados fenotípicos:

Tipos Pi:	PiM	82.70 %	PiSZ	0.22 %
	PiMS	14.61 %	PiZ	0.22 %
	PiS	0.90 %	PiMT	0.22 %
	PiMZ	1.12 %		
Subtipos PiM:	PiM1	34.38 %	PiM4	0.22 %
	PiM1M2	15.06 %	PiM1S	7.87 %
	PiM2	3.37 %	PiM2S	3.60 %
	PiM1M3	19.33 %	PiM3S	2.92 %
	PiM2M3	3.60 %	PiM4S	0.22 %
	PiM3	2.25 %	PiM1Z	0.45 %
	PiM1M4	3.15 %	PiM2Z	0.45 %
	PiM2M4	1.12 %	PiM3Z	0.22 %
	PiM3M4	0.22 %	PiM1T	0.22 %

Las frecuencias alélicas correspondientes son:

$Pi^{M1} = 0.574 \pm 0.017$	$Pi^M = 0.907 \pm 0.010$
$Pi^{M2} = 0.153 \pm 0.012$	$Pi^S = 0.083 \pm 0.009$
$Pi^{M3} = 0.154 \pm 0.012$	$Pi^Z = 0.009 \pm 0.003$
$Pi^{M4} = 0.026 \pm 0.005$	$Pi^T = 0.001 \pm 0.001$

Tanto en el caso de los tipos ($\chi^2 = 1.839$; $P = 0.20 - 0.10$; 1 g.d.l.), como en el de los subtipos ($\chi^2 = 11.338$; $P = 0.20 - 0.10$;

7 g.d.l.) se ha confirmado el estado de equilibrio Hardy-Weinberg de la muestra estudiada.

Tipos Pi

Las poblaciones de la Península Ibérica se caracterizan por presentar los valores más elevados a nivel mundial del alelo Pi^S . Por otro lado, al comparar entre sí los distintos grupos peninsulares se observa una cierta heterogeneidad en el conjunto de la Península, apreciándose un incremento gradual en sentido este-oeste para las frecuencias de Pi^S , y lo contrario para el alelo Pi^M .

Los valores obtenidos en Menorca son similares a los observados en otros grupos de la parte oriental de la Península, de acuerdo con los gradientes mencionados y, en consecuencia, difieren significativamente de las series más occidentales.

En las poblaciones mediterráneas y del Centro y Norte de Europa, la variabilidad de los alelos Pi^M y Pi^S es bastante reducida, siendo los valores de Pi^M superiores a 0.85. Al comparar los resultados de la serie menorquina con los de estas poblaciones, las diferencias resultan significativas con la mayoría de ellas, a excepción de algunas muestras francesas, italianas y de la isla de Cerdeña.

Subtipos Pi^M

En relación a los datos publicados sobre los subtipos de Pi^M en cuatro muestras de la Península Ibérica, la serie menorquina queda diferenciada por presentar frecuencias extremas: mínima de Pi^{M1} y máximas para los alelos Pi^{M3} y Pi^{M4} . Los resultados obtenidos en Menorca difieren significativamente de los observados en las series de Barcelona y Gerona.

Los pocos datos disponibles en poblaciones mediterráneas y del Centro y Norte de Europa indican que los valores más elevados

de Pi^{M1} corresponden a los grupos más septentrionales, y los mínimos a algunas poblaciones mediterráneas. Con respecto a estas dos zonas geográficas, la serie estudiada queda definida por presentar frecuencias extremas de Pi^{M1} y de Pi^{M3} que representan los valores mínimo y máximo, respectivamente, dentro de la variabilidad europea. Los resultados de Menorca difieren significativamente de todas las series comparadas, excepto de la serie francesa de Toulouse, de la del norte de Italia y de la de Roma.

IV. ANÁLISIS DE LAS DISTANCIAS GENÉTICAS

Tal como se indica en el preámbulo del presente resumen, se ha realizado el análisis de las distancias genéticas aplicando los índices de Nei, Prevosti y Edwards, a partir de cuyos resultados se han construido los dendrogramas correspondientes mediante el algoritmo UPGMA.

El estudio de las distancias genéticas se ha realizado en primer lugar, considerando por separado los distintos tipos de marcadores analizados (grupos sanguíneos, enzimas eritrocitarios y proteínas séricas) y posteriormente, atendiendo a todos los caracteres conjuntamente. En relación a las poblaciones comparadas, éstas corresponden a diversos grupos de la Península Ibérica, de la Cuenca Mediterránea y del Centro y Norte de Europa.

En líneas generales, con respecto a los diversos loci de grupos sanguíneos, el análisis de las distancias genéticas entre todas las poblaciones comparadas pone de manifiesto que la mayor afinidad genética corresponde a diversos grupos norte y centroeuropeos, quedando ligeramente separadas las poblaciones mediterráneas y las de otras zonas del continente. Asimismo se evidencia la posición extrema de algunos grupos como los lapones, los vascos españoles y los sardos.

En relación a los grupos sanguíneos, la serie de Menorca presenta mayor semejanza genética con las poblaciones del Mediterráneo que con otros grupos del Centro y Norte de Europa. Por otro lado, dentro del ámbito mediterráneo, la muestra objeto de estudio es genéticamente más afín con los grupos noroccidentales de dicha área (Península Ibérica, sur de Francia, Península Italiana, Córcega y Sicilia). Asimismo, con respecto a otras series de la Península Ibérica, Menorca presenta curiosamente mayor proximidad genética con las muestras de Barcelona, Portugal y Centro de la península, que con otras del área catalana como Gerona y Tarragona.

Considerando conjuntamente los datos sobre los cinco marcadores enzimáticos analizados, los resultados de las distancias genéticas son similares a los obtenidos para los grupos sanguíneos. También en este caso, la serie de Menorca muestra una gran similitud con algunos grupos del Mediterráneo noroccidental (Península Ibérica, sur de Francia y Península Italiana).

En relación a los cuatro sistemas proteicos estudiados, Menorca se halla genéticamente integrada dentro del conjunto de poblaciones de la Península Ibérica las cuales, a su vez, quedan ligeramente distanciadas de otros grupos europeos.

Por último, el análisis de las distancias genéticas utilizando los quince loci (44 alelos) correspondientes a todos los sistemas polimórficos analizados, permite distinguir, en líneas generales, un núcleo de mayor homogeneidad formado por las poblaciones del Centro y Norte de Europa. Ligeramente separados de éstas, se encuentran diversos grupos mediterráneos, y por último, tres series que quedan claramente diferenciadas tanto entre sí como de las restantes poblaciones comparadas (lapones, vascos y una muestra de Libia y Egipto). La serie de Menorca queda claramente integrada con los grupos mediterráneos, poniéndose de manifiesto la mayor afinidad genética de la población menorquina con las muestras de la cuenca norte del Mediterráneo que con respecto a las poblaciones del Centro y Norte de Europa.

CONSIDERACIONES FINALES

Con la realización del presente trabajo se ha puesto de manifiesto la utilidad de los polimorfismos hemáticos para la caracterización de las poblaciones humanas.

El análisis de los subtipos proteicos se ha revelado de particular interés para los estudios poblacionales ya que han permitido establecer diferencias entre algunos grupos que no las presentaban a nivel de tipos.

Las frecuencias alélicas correspondientes a los 16 loci polimórficos analizados en una muestra representativa de la población de la isla de Menorca, han permitido la identificación antropogenética de dicha población en relación a otros grupos de la Península Ibérica, de la Cuenca Mediterránea y del Centro y Norte de Europa.

Atendiendo independientemente a la distribución de algunos de los marcadores genéticos estudiados, la posición de la población menorquina con respecto a otras poblaciones europeas y mediterráneas, queda definida por presentar las siguientes características:

Sistema ABO: una frecuencia del gen B (0.045) muy próxima a los valores mínimos, de acuerdo con la disminución gradual en sentido este-oeste, observada para dicho alelo tanto en la región mediterránea como en el Centro y Norte de Europa.

Sistema Rh: un valor relativamente bajo de C^W (1.97 %) que se ajusta al gradiente descrito para este alelo en el continente europeo y según el cual, los valores de C^W disminuirían de nordeste a suroeste.

Sistema MNSs: unas frecuencias de Ms (0.269) y de NS (0.130)

que, si bien quedan dentro de la variabilidad mediterránea, son del mismo orden que los valores extremos (Ms mínimo y Ns máximo) de las poblaciones norte y centroeuropeas.

Sistema P: un valor de P_1 (0.537) similar a los observados en el Mediterráneo central y en Centroeuropa, y claramente diferenciado de los del Mediterráneo oriental y de otras poblaciones de la Península Ibérica.

Sistema Duffy: una frecuencia de Fy^a (0.367) del mismo orden que los valores bajos del Mediterráneo noroccidental y que representa el extremo inferior de la variabilidad descrita en el Centro y Norte de Europa. El valor Fy^a de Menorca se ajusta a los gradientes indicados para este alelo, según los cuales disminuye de E a O en la región mediterránea, y también de nordeste a suroeste en las poblaciones del Centro y Norte de Europa.

Sistema ADA: un valor elevado de ADA^1 (0.956) próximo al extremo de los máximos del área mediterránea, de acuerdo con el aumento de este alelo en sentido este-oeste, que se observa en este área geográfica.

Sistema 6-PGD: una frecuencia de PGD^C (0.034) similar a los valores más bajos del Mediterráneo y del mismo orden que las frecuencias relativamente más elevadas de los grupos norte y centroeuropeos.

Sistema ACP-1: unos valores de ACP_1^A (0.249) y de ACP_1^B (0.719) que resultan ser extremos (mínimo y máximo, respectivamente) con respecto a la variabilidad observada en el Centro y Norte de Europa.

Sistema GLO I: una frecuencia elevada de GLO^1 (0.444) de acuerdo con el aumento en sentido este-oeste, que presenta dicho alelo en la región circunmediterránea.

Sistema Hp: un valor relativamente alto de Hp^1 (0.408) que se ajusta al aumento gradual, de E a O, descrito para este alelo en la Cuenca Mediterránea, y en sentido NE a SW, en los grupos del Norte y Centro de Europa.

Sistema Gc: una frecuencia de Gc^1 (0.669) similar a las de la Península Ibérica, y próxima a las mínimas dentro del continente europeo. Los valores de Gc^{1F} (0.111) y Gc^{1S} (0.558) pueden considerarse del mismo orden que los extremos inferiores de la variabilidad observada en el Centro y Norte de Europa.

Sistema Pi: unos valores de Pi^M (0.907) y de Pi^S (0.083) también similares a los de la Península Ibérica, y que quedan situados en los extremos (inferior y superior, respectivamente) de la variabilidad descrita en otros grupos del Mediterráneo y del Centro y Norte de Europa. Los valores de Pi^{M1} (0.574) y Pi^{M3} (0.154) de Menorca representan las frecuencias mínima y máxima, respectivamente, de las poblaciones comparadas.

Analizando conjuntamente todos los caracteres estudiados se pueden hacer las siguientes consideraciones:

-- Con relación a todas las poblaciones comparadas, los análisis de las distancias genéticas ponen de manifiesto que la población de Menorca presenta mayor afinidad genética con otros grupos del Mediterráneo que con los del Centro y Norte de Europa, evidenciándose de este modo la integración mediterránea de la población insular estudiada.

-- Asimismo, dentro del ámbito mediterráneo, Menorca manifiesta para los polimorfismos estudiados, mayor semejanza genética con las poblaciones del Mediterráneo central y noroccidental (Península

Ibérica, sur de Francia, Península Italiana, Córcega y Sicilia) que con otros grupos de este área geográfica.

-- Con respecto a las poblaciones de la Península Ibérica, Menorca muestra una mayor afinidad con las series de la costa nororiental que con las de otras zonas peninsulares. Esto podría estar en relación con la mayor influencia del área catalana sobre la isla de Menorca a lo largo de su historia. No obstante, se han encontrado diferencias importantes para algunos de los marcadores analizados (ABO, Lewis, Kell, P, ACP-1, subtipos de Tfc y subtipos de PiM) entre Menorca y otras muestras catalanas. Asimismo se ha comprobado que, para el conjunto de marcadores de grupos sanguíneos estudiados, Menorca presenta mayor semejanza con la población de Barcelona, caracterizada por una fuerte influencia de otras zonas de la península, que con otros grupos de carácter más estrictamente catalán como Gerona y Tarragona.

-- A nivel general, los datos recopilados para el estudio comparativo sobre la distribución de los polimorfismos estudiados, sugieren en muchos casos una variación geográfica que sigue preferentemente las direcciones N-S y E-O, tanto en la Cuenca Mediterránea como en el Centro y Norte de Europa. En este sentido, los resultados de los distintos análisis de distancias genéticas efectuados permiten distinguir a grandes rasgos:

a). Un grupo de gran homogeneidad constituido por las poblaciones del Centro y Norte de Europa.

b). Las poblaciones mediterráneas, donde se presenta una mayor heterogeneidad, pudiéndose diferenciar a su vez, la parte oriental de la occidental dentro de esta zona geográfica.

c). Las muestras de la Península Ibérica que quedan diferenciadas de todas las poblaciones anteriores, particularmente en lo que a los marcadores proteicos se refiere.

De todo lo anteriormente expuesto se puede inferir que la población de Menorca presenta unas características particulares que le confieren una personalidad propia desde el punto de vista genético. Esto podría ser una consecuencia de los aportes génicos externos que ha ido recibiendo a lo largo de su historia por parte de distintos grupos poblacionales. La condición de insularidad podría haber contribuido asimismo a su diferenciación.

Así pues, con este estudio antropogenético se pone de manifiesto la similitud de la población actual de la isla de Menorca con el conjunto de poblaciones de su mismo entorno geográfico, aunque manteniendo unas características diferenciales propias que quizás puedan ser atribuibles tanto al carácter insular como a la historia demográfica de dicha población.

- LOGHEM, J.J.; KLOMP-MAGNEE, W.; BAKX, C.J.A. (1953). Haematolytic disease of the newborn due to iso-immunization by the antigens c and C^W. *Vox Sang.*, 3: 130-132.
- LOPEZ-LARREA, C.; BOOTELLO, A.; ARNAIZ-VILLENA, A. (1981). Linkage of GLO with HLA in a sample of the Spanish population. *Hum. Genet.*, 57: 317-320.
- LUCARELLI, P.; AGOSTINO, R.; PALMARINO, R.; BOTTINI, E. (1971). Adenosine deaminase polymorphism in Sardinia. *Humangenetik*, 14: 1-5.
- LLAMAS, M. (1973). Distribución de los grupos sanguíneos MN y Lewis en la comarca natural de la Mancha. *Mem. Licenc., Univers. Complutense, Madrid.*
- MANZ, R.; OEPEIN, I.; VOLLMER, M. (1979). Ein seltener Typ im Adenosindeaminase-Polymorphismus: ADA 5-2. *Ärztl. Lab.*, 25: 256-257.
- MARENGO-ROWE, A.J.; AVIET, K.; GODBER, M.J.; KOPEC, A.C.; MOURANT, A.E.; TILLS, D.; WOODHEAD, B.J. (1974). The inherited blood factors of the inhabitants of Southern Arabia. *Ann. Hum. Biol.*, 1: 311-326.
- MARKERT, C.L.; MOLLER, F. (1959). Multiple forms of enzymes: tissue ontogenetic, and species specific patterns. *Proc. Nat. Acad. Sci. USA*, 45: 753.
- MARKS, M.P.; JENKINS, T.; NURSE, G.T. (1977). The red cell glutamic-pyruvate transaminase, carbonic anhydrase I and II and esterase D polymorphisms in the Ambo populations of South West Africa, with evidence for the existence of an EsD^O allele. *Hum. Genet.*, 37: 49-54.
- MARTIN, W. (1979). Neue Elektrophoresemethoden zur Darstellung von Serum- und Enzym polymorphismen. Technische Verbesserungen, Hinweis auf ein weiteres EsD-Allel. *Ärztl. Lab.*, 25: 65-67.
- MARTIN, W. (1979). Zur Gc- und Tf-Typisierung mit Hilfe der isoelektrischen Fokussierung. *Referate 8. Int. Tag. forens. Blutgruppenkunde*, pp. 507. (Cit. Thyman, 1981).
- MARTIN, W.; OTT, A. (1975). Polymorphismus der menschlichen Erythrocyten Esterase D. Phänotypen verteilung und Genfrequenzen in Berlin. *Blut*, 30: 299-301.
- MARTIN, J.P.; SESBÖUÉ, R.; CHARLIONET, R.; ROPARTZ, C.; PEREIRA, M.T. (1976). Genetic variants of serum alpha-1-antitrypsin (Pi types) in Portuguese. *Hum. Hered.*, 26: 310-314.
- MAS, J.; MORENO, P.; DEU, M.; CARCELLER, A. (1979-1980). Frecuencia del antígeno C^W en una muestra de población española. *Trab. Antrop.*, 18: 145-152.
- MASSI, G.; VECCHIO, F.M. (1977). Alpha-1-antitrypsin phenotypes in a group of newborn infants in Sardinia. *Hum. Genet.*, 38: 265-269.
- MATA DE LA CAMPA, M. (1949). Investigaciones sobre el Rh. *Rev. Clin. Esp.*, 35: 318-321. (Cit. Mourant et al., 1976).
- MATSON, G.A.; SWANSON, J.; NOADES, J.; SANGER, R.; RACE, R.R. (1959). A "new" antigen

BIBLIOGRAFIA

- AGOSTI, R. (1946). Primeros datos estadísticos sobre el sistema factorial MN en España. Trab. Inst. Sahagún Antrop., 2: 321-326. (Cit. Mourant et al., 1976).
- AGOSTI ROMERO, L.; IKIN, E.W.; MOURANT, A.E. (1950). Les groupes sanguins ABO, MNSs, Rh des Galiciens (Espagne N-O). Rev. Hémat., 5: 325-328. (Cit. Mourant et al., 1976).
- AJMAR, F.; SCHARRER, B.; HASHIMOTO, F.; CARSON, P.E. (1968). Interrelation of stromal NAD(P)ase and human erythrocyte 6-phosphogluconate dehydrogenase. Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 59: 538.
- AKSOY, M.; DINÇOL, G.; ERDEM, S. (1980). Survey on haemoglobin variants, beta-thalassaemia, glucose-6-phosphate dehydrogenase deficiency and haptoglobin types in Turkish people living in Manavgat, Serik and Boztepe (Antalya). Hum. Hered., 30: 3-6.
- ALBERDI, F.; ALLISON, A.C.; BLUMBERG, B.S.; IKIN, E.W.; MOURANT, A.E. (1957). The blood groups of the Spanish Basques. J. R. Anthropol. Int., 87: 217-219. (Cit. Mourant et al., 1976).
- ALBREY, J.A.; VINCENT, E.E.R.; HUTCHINSON, J.; MARSH, W.L.; ALLEN, F.H.; GAVIN, J.; SANGER, R. (1971). A new antibody, anti-Fy3, in the Duffy blood group system. Vox Sang., 20: 29-35.
- ALLEN, F.H.; LEWIS, J. (1957). Kp^a(Penney), a new antigen in the Kell blood group system. Vox Sang., 2: 81-87.
- ALLEN, F.H.; KRABBE, M.R.; CORCORAN, P.A. (1961). A new phenotype (McLeod) in the Kell blood group system. Vox Sang., 6: 555-560.
- ALLEN, F.H.; ROSENFELD, R. (1961). Notation for the Kell blood group system. Transfusion, 1: 305-307.
- AL-NASSAR, K.E.; CONNEALLY, P.M.; PALMER, C.G.; YU, P. (1981). The genetic structure of the Kuwaiti population. I. Distribution of 17 markers with genetic distance analysis. Hum. Genet., 57: 192-198.
- ALPER, C.A.; JOHNSON, A.M. (1969). Immunofixation electrophoresis: A technique for the study of protein polymorphism. Vox Sang., 17: 445-452.
- ALUJA, M.P. (1982). Aportación al conocimiento del sistema eritrocitario P en una muestra de población barcelonesa. Public. Dpto. Antrop. Fac. Ciencias, Univer. Autónoma de Barcelona. n° 1.
- AMORIN, A.; SIEBERT, G. (1982). Glutamate pyruvate transaminase, esterase D, glioxalase I and phosphoglucomutase 1 polymorphisms in Porto District (Portugal). Hum. Hered., 32: 298-300.

- ANANTHAKRISHNAN, R. (1972). Further studies on the distribution of some serum protein and enzyme groups in South India. *Hum. Genet.*, 15: 172-176.
- ANANTHAKRISHNAN, R.; WALTER, H. (1972). Some notes on the geographical distribution of the human red cell acid phosphatase phenotypes. *Humangenetik*, 15: 177-181.
- ANANTHAKRISHNAN, R.; WALTER, H.; TSACHEVA, L. (1972). Red cell enzyme polymorphisms in Bulgaria. *Hum. Genet.*, 15: 186-190.
- ANDRESEN, P. H. (1948). The blood group system L. A new blood group L₂. A case of epistasy within the blood groups. *Acta Path. Microbiol. Scand.*, 25: 728-731. (Cit. Race y Sanger, 1975).
- ANGELOPOULOS, B.; TSOUKANTAS, A.; DANOPOULOS, E. (1966). Distribution of haptoglobin subtypes in Greeks. *J. Med. Genet.*, 3: 276-278. (Cit. Mourant et al., 1976).
- ARNAUD, Ph.; CHAPUIS-CELLIER, C.; VITTOZ, P.; CREYSSEL, R. (1977). Alpha-1-antitrypsin phenotypes in Lyon, France. *Hum. Genet.*, 39:63-68.
- ARNAUD, Ph.; PANDEY, J.P.; FUNDENBERG, H.H.; CHAPUIS-CELLIER, C.; VITTOZ, P.; CREYSSEL, R. (1977). Alpha-1-antitrypsin (Pi) phenotypes in Lyon, France: departure from Hardy-Weinberg equilibrium. *Clin. Genet.*, 12: 77-79.
- ARMENGOL, A.; ALCANTARA, M.P. (1953). Comunicación personal. (Cit. Mourant et al., 1976).
- ASHLEY, M.J.; CHANG-YEUNG, M.; COREY, P.N. (1980). Pi phenotypes in North American workers: racial differences and comparisons with reported frequencies. *Hum. Hered.*, 30: 107-111.
- BAJATZADEH, M.; NEUMANN, S.; WALTER, H. (1969). Pseudocholinesterases and human red cell acid phosphatases in Koreans. *Hum. Genet.*, 7: 91-92.
- BALAKRISHNAN, V.; SANGHVI, L.D. (1968). Distance between populations on the basis of attribute data. *Biometrics*, 24:859-865.
- BANERJEE, B.; SAHA, N.; DAOUD, Z.F.; KHALAF, F.H.; QUDAH, H. (1981). A genetic study of the Jordanians. *Hum. Hered.*, 31: 65-69.
- BARGAGNA, .; DOMENICI, R.; MORALI, A. (1975). Red cell esterase D polymorphism in the population of Tuscany. *Humangenetik*, 29: 251-253.
- BARROS, F., et al., (1964). Fréquence des haptoglobines... *Sangre*, 9: 53-56. (Cit. Mourant et al., 1976).
- BECKMAN, G. (1978). Enzyme polymorphism. En, BROCK MAYO (eds.): "The biochemical genetics of Man", pp. 185-269. Academic Press, New York.
- BECKMAN, G.; BECKMAN, L. (1977). Population studies on northern Sweden. VIII. Ethnic heterogeneity and prenatal selection in the esterase D polymorphism. *Hum. Hered.*, 27: 403-407.

- BECKMAN, G.; BECKMAN, L.; CHEDERGREN, B. (1971). Population studies in northern Sweden. II. Red cell enzyme polymorphism in the Swedish Lapps. *Hereditas*, 69: 243-248.
- BECKMAN, G.; BECKMAN, L.; MIKAELSON, B.; RUDOLPHI, O.; STJENBERG, N.; WIMAN, L.G. (1980). Alpha-1-antitrypsin types and chronic obstructive lung disease in an industrial community in northern Sweden. *Hum. Hered.*, 30: 299-306.
- BECKMAN, G.; BECKMAN, L.; NORDENSON, I. (1980). Alpha-1-antitrypsin phenotypes in northern Sweden. *Hum. Hered.*, 30: 129-135.
- BECKMAN, G.; BECKMAN, L.; SIKSTROM, C. (1980). Transferrin C subtypes and spontaneous abortion. *Hum. Hered.*, 30: 316-319.
- BECKMAN, G.; BECKMAN, L.; SIKSTROM, C. (1980) Transferrin C subtypes in different ethnic groups. *Hereditas*, 92: 189-192.
- BECKMAN, L.; CEDERMARK, G. (1960). Haptoglobin types in "Macaca irus". *Nature (Lond.)*, 186: 643-644.
- BENDER, K.; FRANK, R. (1974). Esterase-D-Polymorphismus: Darstellung in der Hochspannungselektrophorese und Mitteilung von Allelehäufigkeiten. *Humangenetik*, 23: 315-318.
- BENDER, K.; FRANK, R.; HITZEROTH, H.W. (1977). Glyoxalase I polymorphism in South African Bantu-speaking negroids. *Hum. Genet.*, 38: 223-226.
- BENDER, K.; GRZESCHIK, K.H. (1976). Possible assignment of the glyoxalase I (GLO) gene to chromosome 6 using man-mouse somatic cell hybrids. *Hum. Genet.*, 31: 341-345.
- BENDER, K.; GRZESCHIK, K.H. (1976). Assignment of the genes for human glyoxalase I to chromosome 6 and for human esterase D to chromosome 13. *Cytogenet. Cell Genet.*, 16: 93-96.
- BENDER, K.; MAUFF, G.; HITZEROTH, H.W. (1977). No evidence for linkage disequilibrium between Bf and GLO in African Negroids. *Hum. Genet.*, 38: 227-230.
- BENKMANN, H.G.; GOEDDE, H.W. (1974). Esterase D polymorphism: gene frequencies and family data. *Humangenetik*, 24: 325-329.
- BENKMANN, H.G.; GOEDDE, H.W. (1975). Esterase D polymorphism in Assam by cellulose acetate electrophoresis. *Humangenetik*, 27: 343-345.
- BERETTA, M.; BARBERIO, C.; RANZANI, G.; BERTOLOTTI, E.G. (1977). An analysis of red cell enzymatic markers in the Province of Bologna (Italy). *Hum. Hered.*, 27: 352-355.
- BERETTA, M.; MAZZETTI, P.; BARRAI, I.; RAVANI-SACCHI, A.; SALSINI, G. (1981). Red cell isoenzymes in the population of the Po Delta. *J. Hum. Evol.*, 10: 517-521.
- BERG, K.; RODEWALD, A.; SCHWARZFISCHER, F.; WISCHERATH, H. (1977). Population genetics of glyoxalase I (EC 4.4.1.5) in human erythrocytes. *Z. Rechtsmed.*, 79: 13-15.
- BERG, K.; SCHWARZFISCHER, F.; WISCHERATH, H. (1976). Esterase D polymorphism: description of the "new" allele EsD⁴. *Hum. Genet.*, 32: 81-83.

- BERG, K.; CLEVE, H.; HOFMANN, G.; SCHWARZFISCHER, F.; WEND, G.G.; WESCHERATH, H. (1975). ADA⁷-A new allele. *Vox Sang.*, 29: 217-220.
- BERNARD, J.; RUFFIE, J. (1966). *Hématologie géographique*. Masson et C^{ie}, Paris.
- BERNSTEIN, F. (1924). Ergebnisse einer biostatistischen zusammenfassenden Betrachtung über die ehrlichen Blutstrukturen des Menschen. *Klin. Wochenschr.*, 3: 1495-1497. (Cit. *Race y Sanger*, 1975).
- BERTIN, T.; HARRIS, J.E.; FERRELL, R.E.; SCHULL, W.J. (1978). The Nubians of Kom Ombo: Serum and red cell protein types. *Hum. Hered.*, 28: 66-71.
- BHASIN, M.K.; FUHRMANN, W. (1972). Geographic and ethnic distribution of some red cell enzymes. *Humangenetik*, 14: 204-223.
- BHASIN, M.K.; SINGH, I.P.; WALTER, H.; BHARDWAJ, V. (1983). Genetic study of five population groups of Lahaul-Spiti and Kulu districts, Himachal Pradesh. *Z. Morph. Anthrop.*, 74: 13-38.
- BHASIN, M.K.; WALTER, H.; SINGH, I.P.; HILLING, M.; BHARDWAJ, V. (1981). Geographic and ethnic distribution of genetic markers in India. 2. Inv, Gm, ADA, AK, aP, PGM₁, 6-PGD and EsD polymorphisms. *Anthrop. Anz.*, 39: 200-243.
- BHENDE, Y.M.; DESHPANDE, C.K.; BHATIA, H.M.; SANGER, R.; RACE, R.R.; MORGAN, W.T.J.; WATKINS, W.M. (1952). A "new" blood-group character related to the ABO system. *Lancet*, i: 903-904.
- BHEZAD, D.; LEE, C.L.; GAVIN, J.; MARSH, W.L. (1973). A new anti-erythrocyte antibody in the Duffy system: anti-Fy4. *Vox Sang.*, 24: 337-342.
- BLACK, J.A.; DIXON, G.H. (1968). Amino-acid sequence of alpha chains of human haptoglobins. *Nature (Lond.)*, 218: 736-741.
- BLAKE, N.M. (1976). Glutamic pyruvic transaminase and esterase D types in the Asian-Pacific area. *Hum. Genet.*, 35: 91-102.
- BLAKE, N.M.; KIRK, R.L. (1969). New genetic variant of 6-phosphogluconate dehydrogenase in Australian aborigines. *Nature (Lond.)*, 221: 278.
- BLAKE, N.M.; OMOTO, K.; KIRK, R.L.; GAJDUSEK, D.C. (1973). Variation in red cell enzyme groups among populations of the Western Caroline Island, Micronesia. *Am. J. Hum. Genet.*, 25: 413-421.
- BLAZQUEZ CAEIRO, J.L. (1980). Estudio del polimorfismo genético de las haptoglobinas, pseudocolinesterasa sistema C₅⁺ y esterasa-D en una muestra de población gallega. *Acta II Symp. Antrop. Biol. España (OVIEDO)*, pp. 159-167.
- BLAZQUEZ CAEIRO, J.L. (1982). Estudio del polimorfismo genético de proteínas plasmáticas en una muestra de población gallega. Tesis Doctoral. Univer. Santiago de Compostela.
- BLUNDELL, G.; FRAZER, A.; COLE, R.B.; NEVIN, N.C. (1975). Alpha-1-antitrypsin phenotypes

- in Northern Ireland. *Ann. Hum. Genet.*, 38: 289-294.
- BONNE-TAMIR, B.; ASHBEL, S.; BAR-SHANI, S. (1978 a). Ethnic communities in Israel: the genetic blood markers of the Babylonian Jews. *Am. J. phys. Anthrop.*, 49: 457-465.
- BONNE-TAMIR, B.; ASHBEL, S.; BAR-SHANI, S. (1978 b). Ethnic communities in Israel: the genetic blood markers of the Moroccan Jews. *Am. J. phys. Anthrop.*, 49: 465-472.
- BONNE-TAMIR, B.; ASHBEL, S.; MODAI, J. (1977). Genetic markers in Libyan Jews. *Hum. Genet.*, 37: 319-328.
- BOOTH, P.B.; FAOAGALI, J.L.; KIRK, R.L.; BLAKE, N.M. (1977). HLA types, blood groups, serum protein and red cell enzyme types among Samoans in New Zealand. *Hum. Hered.*, 27: 412-423.
- BOOTH, P.B.; MOURANT, A.E.; TILLS, D.; KOPEC, A.C.; WARLOW, A.; TEESDALE, P.; HORNABROOK, R.W.; CRANE, G.G.; SAAVE, J.J. (1981). Genetic surveys from the Central, Morobe and Northern Districts, Papua New Guinea. *Ann. Hum. Biol.*, 8: 435-445.
- BOOTH, P.B.; TILLS, D.; WARLOW, A.; KOPEC, A.C.; MOURANT, A.E.; TEESDALE, P.; HORNABROOK, R.W. (1982). Red cell antigen, serum protein and red cell enzyme polymorphisms in Karkar Islanders and Inhabitants of the adjacent North Coast of New Guinea. *Hum. Hered.*, 32: 385-403.
- BOSSCHERE, J.P.; KHOI, T.D.; QUEENNENHEN, F.; TREUT, A.; FAUCHET, R.; GALL, J.Y. (1979). Étude du polymorphisme génétique de quelques enzymes érythrocytaires dans la Région de Rennes. *Nouv. Rev. fr. Hémat.*, 21: 9-15.
- BOULOUX, C.J.; GOMILA, J.; LANGANEY, A. (1972). Hemotypology of the Bedik. *Hum. Biol.*, 44: 289-302.
- BOWMAN, J.; CARSON, P.E.; FRISCHER, H.; GARAY, A.L. (1966). Genetics of starch gel electrophoresis variants of human 6-phosphogluconate dehydrogenase: population and family studies. *Nature (Lond.)*, 210: 811-813.
- BOWMANN, B.H.; KUROSKY, A. (1982). Haptoglobin: the evolutionary product of duplication, unequal crossing over, and point mutation. In HARRIS HIRSCHHORN (eds.), *Advances in Human Genetics*, vol. 12, pp. 189-261, Plenum Press, New York.
- BRACHTEL, R.; WALTER, H.; BECK, W.; HILLING, M. (1979). Associations between atopic diseases and the polymorphic systems ABO, Kidd, Inv and red cell acid phosphatase. *Hum. Genet.*, 49: 337-348.
- BREGUET, G.; NEY, R.; GRIMM, W.; HOPE, S.L.; KIRK, R.L.; BLAKE, N.M.; NARENDRA, I.B.; TOHA, A. (1982 a). Genetic survey of an isolated community in Bali, Indonesia. I. Blood groups, serum proteins and Hepatitis B serology. *Hum. Hered.*, 32: 52-61.
- BREGUET, G.; NEY, R.; KIRK, R.L.; BLAKE, N.M. (1982 b). Genetic survey of an isolated community in Bali, Indonesia. II. Haemoglobin types and red cell isozymes. *Hum. Hered.*, 32: 308-317.
- BRINKMANN, B.; HOPPE, H.H.; HENNIG, W.; KOOPS, E. (1971). Red cell enzyme polymorphism

in a northern German population. *Hum. Hered.*, 21: 278-288.

- BRINKMANN, B.; REITER, J.; KRÜGER, O. (1973). Genhäufigkeiten einiger Enzympolymorphismen in Mittelmeerländern. *Humangenetik*, 20: 141-146.
- BROCTEUR, J.; GILISSEN-GOTTSCALK, M.; ANDRE, A. (1970). Le polymorphisme de la phosphatase acide érythrocytaire. *Haematologia*, 4: 279-286. (Cit. Mourant et al., 1976).
- BROCTEUR, J.; HOSTE, B.; ANDRE, A. (1980). Plasma protein and enzyme polymorphisms in Belgium. *Hum. Hered.*, 30: 221-224.
- BUSI, B.R.; WELLS, L.J.; VOLKERS, W.S.; EBELI-STRUIJK, A.C.; MEEERA-KHAN, P. (1979). Distribution of glyoxalase I (GLO) variants in Western Europe and the Indian Subcontinent. *Hum. Genet.*, 49: 105-113.
- CABEZAS, J.A.; MARTIN-B, J. (1973). MN blood groups in the population of Spain. *Hum. Hered.*, 23: 385-393.
- CAEIRO, B.; REY, D.; VARELA, T.A. (1982). Esterase D polymorphism in Galicia (North-West of Spain). *Hum. Hered.*, 32: 147-148.
- CALLENDER, S.T.; RACE, R.R. (1946). A serological and genetical study of multiple antibodies formed in response to blood transfusion by a patient with lupus erythematosus diffusus. *Ann. Eugen., Lond.*, 3: 102-117. (Cit. Race y Sanger, 1975).
- CAMPILLO, F.L.; COLINO, F. (1977). Estudio de los grupos sanguíneos en la población española. XX Reun. An. Asoc. Esp. Hematol. Hemoter., Mallorca.
- CAMPILLO, F.L.; GALLARDO, L.E.; SENRA, A. (1973). Distribution of the Kell groups in the Spanish population. *Hum. Hered.*, 23: 499-500.
- CARCELLER, A. (1980). Estudio de los grupos sanguíneos en la comarca de Morella (Castellón). Sistemas ABO, Rh, MNSs, Kell y Duffy. Mem. de Licenc., Fac. Biol., Univ. Barcelona.
- CARLSON, R.; WELCH, Q.B. (1977). A new model for measuring breeding genetic distance. *Ann. Hum. Genet.*, 40: 455-461.
- CARRACEDO, A.; CONCHEIRO, L. (1983). Enzyme polymorphisms in Galicia (NW Spain). *Hum. Hered.*, 33: 160-162.
- CARTER, N.D.; FILDES, A.R.; FITCH, L.I.; PARR, C.W. (1968). Genetically determined electrophoretic variations of human phosphogluconate dehydrogenase. *Acta Genet. Med. Gemellol.*, 18: 109-122.
- CARTWRIGHT, R.A.; BETHEL, I.L.; HARGREAVES, H.; IZATT, M.; JOLLY, J.; MITCHELL, R.J.; SAWHNEY, K.S.; SMITH, M.; SUNDERLAND, E.; TEESDALE, D. (1976). The red blood cell esterase D polymorphism in Europe and Asia. *Hum. Genet.*, 33: 161-166.
- CARTWRIGHT, R.A.; HARGREAVES, H.; SUNDERLAND, E. (1977). Serum protein and isoenzyme polymorphisms Nottingham, England. *Hum. Biol.*, 49: 629-640.

- CAVALLI-SFORZA, L.L.; EDWARDS, A.W.F. (1967). Phylogenetic analysis: models and estimation procedures. *Am. J. Hum. Genet.*, 19: 233-257.
- CAVALLI-SFORZA, L.L.; ZONTA, L.A.; NUZZO, F.; BERNINI, L.; DE JONG, W.W.; MEERA-KHAN, P.; RAY, A.K.; WENT, L.N.; SINISCALCO, M.; NIJENHUIS, L.E.; VAN LOGHEM, E.; MODIANO, G. (1969). Studies on African Pygmies. I. A pilot investigation of Babinga Pygmies in the Central Africa Republic (with analysis of genetic distances). *Am. J. Hum. Genet.*, 21: 252-274.
- CLEVE, H. (1966). Die Verteilung der Haptoglobin-Untergruppen in einer Stichprobe gesunder Blutspender aus Hessen. *Hum. Genet.*, 2: 115-118.
- CLEVE, H.; CONSTANS, J.; BERG, S.; HOSTE, B.; ISHIMOTO, G.; MATSUMOTO, H.; SPEES, E.K.; WEBER, W. (1981). Gc revisited: Six further Gc-phenotypes delineated by isoelectric focusing and by polyacrilamide gel electrophoresis. *Hum. Genet.*, 57: 312-316.
- CLEVE, H.; PATUTSCHNICK, W.; NEVO, S.; WENDT, G.G. (1978). Genetic studies on the Gc subtypes. *Hum. Genet.*, 44: 117-122.
- COATES, P.M.; MESTRINER, M.A.; HOPKINSON, D.A. (1975). A preliminary genetic interpretation of the esterase isozymes of human tissues. *Ann. Hum. Genet.*, 39: 1-20.
- COLINO, F. (1978). Antígenos eritrocitarios de los grupos sanguíneos en la población española. Tesis Doctoral. Univ. Complutense, Madrid.
- COLINO, F.; CAMPILLO, F. (1976). Distribución del grupo sanguíneo MNSs en la población española. XIX Reun. Asoc. Esp. Hematol. Hemoter., Oviedo.
- COLLEDGE, K.I.; PEZZULICH, M.; MARSH, W.L. (1973). Anti-Fy5, an antibody disclosing a probable association between the Rhesus and Duffy blood groups genes. *Vox Sang.*, 24: 193-199.
- CONNELL, G.E.; SMITHIES, O. (1959). Human haptoglobins: estimation and purification. *Biochem. J.*, 72: 115-121.
- CONNELL, G.E.; SMITHIES, O.; DIXON, G.H. (1966). Gene action in the human haptoglobins. II. Isolation and physical characterization of alpha polypeptide chains. *J. Mol. Biol.*, 21: 225-229. (Cit. Bowmann y Kurosky, 1982).
- CONSTANDSE-WESTERMANN, T.S. (1972). Coefficients of biological distance. Anthropological Publications, Oosterhaut N.B.- The Netherlands.
- CONSTANS, J.; CLEVE, H. (1979). Group-specific component. Report on the First International Workshop. *Hum. Genet.*, 48: 143-149.
- CONSTANS, J.; CLEVE, H.; DYKES, D.; FISCHER, R.M.; KIRK, R.L.; PAPIHA, S.S.; SCHEFFFRAN, W.; SCHERZ, R.; THYMANN, M.; WEBER, W. (1983). The polymorphism of vitamin D-binding protein (Gc); Isoelectric focusing in 3M urea as an additional method for identification of genetic markers. *Hum. Genet.*, 65: 176-180.
- CONSTANS, J.; KÜHNEL, P.; VIAU, M.; SPIELMANN, W. (1980 a). A new procedure for the determination of transferrin C (Tf^C) subtypes by isoelectric focusing. Existence of

- two additional alleles, Tf^{C4} and Tf^{C5}. Hum. Genet., 55: 111-114.
- CONSTANS, J.; LEFEVRE-WITIER, P.; RICHARD, P.; JAEGER, G. (1980 b). Gc (vitamin D-binding protein) subtype polymorphism and variants distribution among Saharan, Middle East, and African populations. Am. J. phys. Anthropol., 52: 435-441.
- CONSTANS, J.; RICHARD, P.; VIAU, M. (1978 a). Relationship between Hp^{1S} and Hp² gene frequencies among human populations. Hum. Hered., 28: 328-334.
- CONSTANS, J.; SALZANO, F.M. (1980). Gc and transferrin isoelectric focusing subtypes among Brazilians Indians. J. Hum. Evol., 9: 489-494.
- CONSTANS, J.; VIAU, M. (1975 a). Une nouvelle mutation Pi^N au locus Pi dans les populations humaines. C.R. Acad. Sci. (Paris), 281: 1361-1364.
- CONSTANS, J.; VIAU, M. (1975 b). Distribution of haptoglobin subtypes in French Basques. Hum. Hered., 25: 156-159.
- CONSTANS, J.; VIAU, M. (1977). Polymorphism of the peptidic chains in Pyrenean populations. Am. J. Hum. Genet., 29: 280-286.
- CONSTANS, J.; VIAU, M.; CLEVE, H.; JAEGER, G.; QUILICI, J.C.; PALLISON, M.J. (1978 b). Analysis of the Gc polymorphism in human population by isoelectric focusing on polyacrylamide gels. Demonstration of subtypes of the Gc¹ allele and of additional Gc variants. Hum. Genet., 41: 53-60.
- CONSTANS, J.; VIAU, M.; GOUAILLARD, C. (1980 c). Pi^{M4}: an additional Pi^M subtype. Hum. Genet., 55: 119-121.
- CONSTANS, J.; VIAU, M.; GOUAILLARD, C.; CLERC, A. (1981 a). Haptoglobin polymorphism among Saharian and West African groups. Am. J. Hum. Genet., 33: 606-616.
- CONSTANS, J.; VIAU, M.; JAEGER, G.; PALLISON, M.J. (1981 b). Gc, Tf, Hp subtypes and alpha-1-antitrypsin polymorphisms in a Pygmy Bi-Aka sample. Phenotype association between Tf^{D1} and Gc^{1A1} (Gc^{Ab}) variants. Hum. Hered., 31: 129-137.
- CONSTANS, J.; VIAU, M.; MOATTI, J.P.; CLAVERE, J.C. (1979). Serum vitamin D-binding protein and Gc polymorphism. En: Vitamin D, Basic Research and its Clinical Application. pp. 153-166, Walter de Gruyter, Berlin. (Cit. Papiha et al., 1982).
- CONSTANS, J.; VIAU, M.; PISON, G.; LANGANEY, A. (1978 c). Gc subtypes demonstrated by isoelectric focusing: further data and description of new variants among an African sample (Fula) from Senegal. Jap. J. hum. Genet., 23: 111-117. (Cit. Thymann, 1981).
- CONSTANS, J.; VIAU, M.; RUFFIE, J. (1978 c). Étude de la protéine Gc dans quelques échantillons de populations de France: polymorphisme génétique par isoélectrofocalisation et données quantitatives. C.r. hebdomadaire Séances Acad. Sci. (Paris), 287: 1003-1006.
- COOPER, D.W. (1978). Inherited variation in plasma proteins. En, D.J.H. BROCK O. MAYO : The biochemical Genetics in Man. pp. 271-324, Academic Press, New York.
- CORBO, R.M.; SPENNATI, B.F.; SCACCHI, R.; PALMARINO, R.; DELLA PENNA, M.R.; LUCARELLI, P.

- (1981). A survey of serum protein and enzyme polymorphisms in the district of l'Aquila (Italy). *Hum. Hered.*, 31: 167-171.
- COX, D.W.; HUBER, O. (1980). Association of severe rheumatoid arthritis with heterozygosity for alpha-1-antitrypsin deficiency. *Clin. Genet.*, 17: 153-160.
- COX, D.W.; JOHNSON, A.M.; FAGERHOL, M. K. (1980). Report of nomenclature meeting for alpha-1-antitrypsin. *Hum. Genet.*, 53: 429-433.
- COX, D.W.; SIMPSON, N.E.; JANTTI, R. (1978). Group-specific component, alpha-1-antitrypsin and esterase D in Canadian Eskimos. *Hum. Hered.*, 28: 341-350.
- CRAWFORD, M.H.; LEYSHON, W.C.; BROWN, K.; LEES, F.; TAYLOR, L. (1974). Human biology in Mexico. A comparison of blood group, serum and red cell enzyme frequencies, and genetic distances of the Indian populations of Mexico. *Am. J. phys. Anthrop.*, 41: 251-269.
- CUADRAS, C.M. (1981). Métodos de análisis multivariante. Eunibar-Edit. Universitaria, Barcelona.
- CUNHA, A.X. (1956). Os grupos sanguíneos dos Portugueses. Contribuição para o estudo dos grupos P. *Arch. Mus. Bocage*, 27: 161-165. (Cit. Mourant et al., 1976).
- CUNHA, A.X.; MORAIS, M.H.X. (1959). Os grupos sanguíneos dos Portugueses. Distribuição regional dos sistemas A_1A_2BO e MN. *Contr. para o Est. Antrop. Portuguesa*, 7: 17-36.
- CUNHA, A.X.; MORAIS, M.H.X. (1960). Os genótipos Rh em portugueses. *Contr. para o Est. Antrop. Portuguesa*, 7: 53-59.
- CUNHA, A.X.; MORAIS, M.H.X. (1966). Os grupos sanguíneos dos Portugueses. Grupos Kell-Cellano, Duffy e MNSs. *Contr. para o Est. Antrop. Portuguesa*, 8: 5-15.
- CUTBUSH, M.; MOLLISON, P.L.; PARKIN, D.M. (1950). A new human blood group. *Nature (Lond.)*, 165: 188-189.
- CHAHAL, S.M.S.; PAPIHA, S.S.; ROBERTS, D.F.; SINGH, I.P. (1982). Serological and biochemical variation in the Gaddi tribe of Himachal Pradesh, India. *Z. Morph. Anthrop.*, 73: 197-208.
- CHALMERS, J.N.M.; IKIN, E.W.; MOURANT, A.E. (1949). The ABO, MN and Rh blood groups of the Basque people. *Am. J. phys. Anthrop.*, 7: 529-544.
- CHARLIONET, R.; MARTIN, J.P.; SESBOUÉ, R.; MADEL, P.J.; LEFEBVRE, F. (1979). Systems of highly diversified carrier ampholytes. Evaluation of the resolving power of isoelectric focusing in the Pi system (alpha-1-antitrypsin genetic polymorphism). *J. Chromatogr.*, 176: 86-101.
- CHARLIONET, R.; SESBOUÉ, R.; MORCAMP, C.; LEFEBVRE, F.; MARTIN, J.P. (1981). Genetic variants of serum alpha-1-antitrypsin (Pi types) in Normans. Common Pi^M subtypes and new phenotypes. *Hum. Hered.*, 31: 104-109.
- CHEN, S.H.; SCOTT, C.R.; GIBLETT, E.R. (1974). Adenosine deaminase demonstration of a "silent" gene associated with combined immunodeficiency disease. *Am. J. Hum.*

Genet., 26: 103-107.

- CHOWN, B.; LEWIS, M.; KAITA, H. (1957). A "new" Kell blood group phenotype. *Nature (Lond.)*, 180: 711.
- CHOWN, B.; LEWIS, M.; KAITA, H. (1965). The Duffy blood group system in Caucasians: evidence for a new allele. *Am. J. Hum. Genet.*, 17: 384-389.
- DAIGER, S.P.; CAVALLI-SFORZA, L.L. (1977). Detection of genetic variation with radioactive ligands. II. Genetic variants of vitamin D. Labelled group specific component (Gc) proteins. *Am. J. Hum. Genet.*, 29: 593-604.
- DAIGER, S.P.; SCHANFIELD, M.S.; CAVALLI-SFORZA, L.L. (1975). Human group specific component (Gc) proteins bind vitamin D and 25-hydroxy vitamin D. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 12: 2076-2080.
- DAS, S.K.; MUKHERJEE, B.N.; MALHOTRA, K.C.; MAJUMDER, P.P. (1977). A note on Esterase D polymorphism in some Indian populations. *Hum. Hered.*, 27: 393-395.
- DAVIDSON, R.G. (1967). Electrophoretic variants of human 6-phosphogluconate dehydrogenase: population and family studies and description of a new variant. *Ann. Hum. Genet.*, 30: 355-362.
- DAVRINCHE, C.; CHARLIONET, R.; RIVAT, C.; SESBOUE, R.; BAYOREK, M.; ARNONE, M. (1984). Genetic variants of human B component (Bf system) and alpha-1-antitrypsin (Pi system) in a population from Sardinia. *Hum. Hered.*, 34: 297-302.
- DEW, T.A.; ERADIO, B.; PIERCE, J.A. (1973). Antitrypsin gene frequencies in healthy people (abstract only). *J. clin. Invest.*, 52: 23a.
- DIAZ, G.; GUTIÉRREZ, J.M. (1951). Contribución al estudio de la distribución regional de los grupos sanguíneos. *Acta Clin., Sevilla*, 5: 1039-1043. (Cit. Mourant et al., 1976).
- DISSING, J.; ERIKSEN, B. (1984). Human red cell esterase D polymorphism in Denmark, its use in paternity cases and the description of a new phenotype. *Hum. Hered.*, 34: 148-155.
- DISSING, J.; KNUDSEN, J.B. (1969). A new red cell adenosine deaminase phenotype in man. *Hum. Hered.*, 19: 375-377. (Cit. Manz et al., 1979).
- DISSING, J.; SVENSMARK, O. (1976). Human red cell acid phosphatase: quantitative evidence of a silent gene P⁰, and a Danish population study. *Hum. Hered.*, 26: 43-58.
- DOBOSZ, T. (1983). Distribution of red cell enzyme polymorphisms in South-West Poland. *Hum. Hered.*, 33: 55-57.
- DOUGLAS, G.R.; McALPINE, P.I.; HAMERTON, J.L. (1973). Regional localization of loci for human PGM₁ and 6-PGD on human chromosome one by use of hybrids of chinese hamster-human somatic cells. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 70: 2737-2740.
- DUNGERN, E.V.; HIRSZFELD, L. (1911). Über gruppenspezifische Strukturen des Blutes. *Z.*

- Immun. Forsch., 8: 526-562. (Cit. Race y Sanger, 1975).
- DYKES, D.D.; CRAWFORD, M.H.; POLESKY, H.F. (1983). Population distribution in North and Central America of PGM₁ and Gc subtypes as determined by isoelectric focusing (IEF). Am. J. phys. Anthrop., 62: 137-145.
- DYKES, D.D.; FURIO, C.M.; POLESKY, H.F. (1982). Transferrin (Tf) subtypes in US American Indians, Whites and Blacks using thin-layer agarose gels: report on a new variant Tf^{C8}. Electrophoresis, 3: 162-164.
- DYKES, D.D.; POLESKY, H. F. (1981). Transferrin (Tf) subtyping on agarose: a new technique for isoelectric focusing. Hum. Genet., 59: 365-366.
- DYKES, D.D.; POLESKY, H.F. (1982). Gc 1C12: A new variant. Hum. Hered., 32: 136-138.
- DYKES, D.D.; POLESKY, H.F.; COX, E. (1981). Isoelectric focusing of Gc (vitamin D binding globulin) in parentage testing. Hum. Genet., 58: 174-175.
- EBELI-STRIJJK, A.C.; WURZER-FIGURELLI, E.M.; AJMAR, F.; MEERA-KAHN, P. (1976). The distribution of esterase D variants in different ethnic groups. Hum. Genet., 34: 299-306.
- EDWARDS, A.W.F. (1971). Distances between populations on the basis of gene frequencies. Biometrics, 27: 873-881.
- EDWARDS, A.W.F. (1974). Distance measures for phylogenetic trees. En, J.F. CROW C. DENNISTON, Genetic Distance, pp. 41-44, Plenum Press, New York.
- EDWARDS, A.W.F.; CAVALLI-SFORZA, L.L. (1972). Affinity as revealed by differences in gene frequencies. En, J.S. WEINER J. HUIZINGA (eds.), The Assessment of Population in Man, Clarendon Press, Oxford.
- EDWARDS, Y.H.; HOPKINSON, D.A.; HARRIS, H. (1971). Adenosine deaminase isozymes in human tissues. Am. Hum. Genet., 35: 207-219.
- EHNHOLM, C. (1969). The distribution of haptoglobin subtypes in the Finnish population. Hum. Hered., 19: 222-226.
- EHNHOLM, C.; ERIKSSON, A.W. (1969). Haptoglobin subtypes among Finnish Skolt Lapps. Ann. Med. Exp. Fenn., 47: 52-54. (Cit. Mourant et al., 1976).
- ELOSEGUI, C.; HORS, P. (1951). Sistemas Kell y Duffy. Primeras aportaciones. Hematol. Hemoter., 1: 86-89. (Cit. Mourant et al., 1976).
- ELOSEGUI, C.; HORS, P. (1951). Factor Rh en Madrid. Hematol. Hemoter., 1: 101. (Cit. Mourant et al., 1976).
- ERIKSEN, B. (1979). Human red cell glyoxalase I polymorphism in Denmark and its application to paternity cases. Hum. Hered., 29: 265-271.
- ERIKSSON, A.W.; KIRJARINTA, M.; FELLMAN, J.; ESKOLA, M.R.; LEHMANN, W. (1971). Adenosine deaminase polymorphism in Finland (Swedes, Finns and Lapps), the Mari Republic (Cheremisses), and Greenland (Eskimos). Am. J. Hum. Genet., 23: 568-577.

- ERSKINE, A.G.; SOCHA, W.W. (1978). The principles and practice of blood grouping. 2th. Edit., C.V. Mosby Company, Saint Louis.
- FAGERHOL, M.K. (1967). Serum Pi types in Norwegians. *Acta pathol. Microbiol. Scand.*, 70: 421-428.
- FAGERHOL, M.K.; BRAEND, M. (1965). Serum prealbumin: polymorphism in man. *Science*, 149: 986-987.
- FAGERHOL, M.K.; COX, D.W. (1981). The Pi polymorphism. Genetic, biochemical and clinical aspects of human alpha-1-antitrypsin. En, HARRIS HIRSCHHORN (eds.), *Advances in Human Genetics*, vol. 11, pp. 1-62, Plenum Press, New York.
- FAGERHOL, M.K.; LAURELL, C.B. (1970). The Pi system-inherited variants of serum alpha-1-antitrypsin. En, A. STEINBERG A. BEARN (eds.), *Progress in Medical Genetics*, vol. VII, pp. 96-111, Grune and Stratton, New York.
- FAGERHOL, M.K.; TENFJORD, O.W. (1968). Serum Pi types in some European, American, Asian and African populations. *Acta pathol. Microbiol. Scand.*, 72: 601-608.
- FARGION, S.; KLASEN, E.C.; LALATTA, F.; SANGALLI, G.; TOMMASINI, M.; FIORELLI, G. (1981). Alpha-1-antitrypsin in patients with hepatocellular carcinoma and chronic active hepatitis. *Clin. Genet.*, 19: 134-139.
- FARHUD, D.D.; ANANTHAKRISHNAN, R.; WALTER, H.; LOSER, J. (1973). Electrophoretic investigation of some red cell enzymes in Iran. *Hum. Hered.*, 23:263-266.
- FERGUSON-SMITH, M.A.; AITKEN, D.A.; TURLEAU, C.; GROUCHY, J. (1976). Localization of the human ABO: Np-1: AK-1 linkage group by regional assignment of AK-1 to 9q34. *Hum. Genet.*, 34: 35-43.
- FERNANDEZ-CASADO, M. (1975). Contribución al conocimiento del sistema de antígenos eritrocitarios P en una muestra de población española. Univ. Madrid. Fac. Ciencias, Depto. Antropología. (cit. Aluja, 1982).
- FERNANDEZ, V.E. (1980). Estudio del polimorfismo y variabilidad de los sistemas sanguíneos Rh y Kell en una muestra de población gallega. *Acta II Symp. Antrop. Biol. España (Oviedo)*, pp. 168-176.
- FERTAKIS, A.; MIHAS, A.; ANGELOPOULOS, B. (1971). Distribution of the group-specific component in Greece. *Am. J. Hum. Genet.*, 23: 589-591.
- FILDES, R.A.; PARR, C.W. (1963). Human red cell phosphogluconate dehydrogenase. *Nature (Lond.)*, 200: 890.
- FISHER, R.A. (1949). *Métodos estadísticos para investigadores*. Aguilar, Madrid.
- FLEISCHER, E.A.; MONN, E. (1970). Haptoglobin types and subtypes in Lappish and non Lappish Norwegians. *Am. J. Hum. Genet.*, 22: 105-108.
- FRANTS, R.R.; ERIKSSON, A.W. (1978). Reliable classification of six PiM subtypes by separator isoelectric focusing. *Hum. Hered.*, 28: 201-209.

- FRANTS, R.R.; ERIKSSON, A.W. (1980). A new unstable PiM variant of alpha-1-antitrypsin in a Finnish Isolate. *Hum. Hered.*, 30: 333-342.
- FRASER, G.R.; VOLKERS, W.S.; BERNINI, L.F.; LOGHEM, E.; MEERA-KAHN, P.; NIJENHUIS, L.E. (1974). Gene frequencies in a Dutch population. *Hum. Hered.*, 24: 435-448.
- FRIEDENREICH, V. (1936). *Immunitätsforsch.*, 89: 409. (Cit. Race y Sanger, 1975).
- FUHRMANN, W.; LICHTER, K.H. (1966). Human red cell acid phosphatase polymorphism. *Humangenetik*, 3: 121.
- FURUHJELM, U.; NEVANLINNA, R.H.; NURKKA, R.; GAVIN, J.; TIPPETT, P.; GOOCH, A.; SANGER, R. (1968). The blood group antigen U1^a (KARHULA). *Vox Sang.*, 15: 118-124
- FUSTE, M.; PLANAS, J.; DIAZ, J.M. (1965). Avance de un estudio sobre la distribución de los tipos de haptoglobinas en la población de las Islas Canarias. *El museo Canario*, 26: 1-6. (Cit. Hernández, 1982).
- GALATIUS-JENSEN, F. (1957). Further investigations of the genetic mechanism of the haptoglobins. *Acta Genet. Stat. Med.*, 7: 549-564.
- GALATIUS-JENSEN, F. (1958). Rare phenotypes in the Hp system. *Acta Genet.*, 8: 248-255.
- GANESAN, J.; LIE-INJO, L.E.; ONG, P. (1976). Variation of several erythrocyte enzymes in the Dayaks of Sarawak. *Hum. Hered.*, 26: 124-127.
- GARCIA, M.A. (1974). Grupos genéticos de las haptoglobinas en una muestra de población castellana. *Sangre*, 19: 399-405.
- GEDDE-DAHL, T.J.; FAGERHOL, M.K.; COOK, P.J.L.; NOADES, J.E. (1972). Autosomal linkage between the Gm and Pi loci in man. *Ann. Hum. Genet.*, 35: 393-399.
- GENZ, Th.; MARTIN, J.P.; CLEVE, H. (1977). Classification of alpha-1-antitrypsin (Pi) phenotypes by isoelectrofocusing. *Hum. Genet.*, 38: 325-332.
- GHOSH, A.K. (1977). Polymorphism of red cell glyoxalase I with special reference to South and South-east Asia and Oceania. *Hum. Genet.*, 39: 91-95.
- GHOSH, A.K.; KIRK, R.L.; JOSHI, S.R.; BHATIA, H.M. (1977). A population genetic study of the Kota in the Nilgiri Hills, South India. *Hum. Hered.*, 27: 225-241.
- GIBLETT, E.R. (1958). Js, a new blood group antigen found in Negroes. *Nature (Lond.)*, 181: 1221-1222.
- GIBLETT, E.R. (1964). Variant haptoglobin phenotypes. *Cold. Spring Harbor Symp. Quant. Biol.*, 29: 321-326. (Cit. Giblett, 1969).
- GIBLETT, E.R. (1969). *Genetic markers in Human Blood*. Blackwell, Oxford.
- GIBLETT, E.R.; SCOTT, N.M. (1965). Red acid phosphatase. Racial distribution and report of a new phenotype. *Am.J. Hum. Genet.*, 17: 425-432.

- GODBER, M.; KOPEC, A.C.; MOURANT, A.E.; TEESDALE, P.; TILLS, D.; WEINER, J.S.; EL-NIEL, H.; WOOD, C.H.; BARLEY, S. (1976). The blood groups, serum groups, red cell enzymes and haemoglobins of the Sandanawe and Nyaturu of Tanzania. *Ann. Hum. Biol.*, 3: 463-473.
- GOEDDE, H.W.; BENKMANN, H.G.; AGARWAL, D.P.; BIENZLE, U.; GUGGENMOOS, R.; ROSENKAIMER, F.; HOPPE, H.H.; BRINKMANN, B. (1979 a). Genetic studies in Cameroon: red cell enzyme and serum protein polymorphisms. *Z. Morph. Anthrop.*, 70: 33-40.
- GOEDDE, H.W.; BENKMANN, H.G.; AGAWAL, D.P.; HIRTH, L.; BIENZLE, U.; DIETRICH, M.; HOPPE, H.H.; ORLOWSKI, J.; KOHNE, E. (1979 b). Genetic studies in Saudi Arabia: red cell enzyme, haemoglobin and serum protein polymorphisms. *Am. J. phys. Anthrop.*, 50: 271-278.
- GOEDDE, H.W.; BENKMANN, H.G.; CHRIST, I.; SINGH, S.; HIRTH, L. (1970). Gene frequencies of red cell adenosine deaminase, adenylate kinase, phosphoglucomutase, acis phosphatase and serum alpha-1-antitrypsin (Pi) in a German population. *Hum. Genet.*, 10: 235-243.
- GOEDDE, H.W.; BENKMANN, H.G.; FLATZ, G.; BIENZLE, U.; KROEGER, A. (1980). Alpha-1-antitrypsin subtypes in the populations of Germany, Ecuador, Afghanistan, Cameroon and Saudi-Arabia. *Z. Morph. Anthrop.*, 70: 341-346.
- GOEDDE, H.W.; BENKMANN, H.G.; FLATZ, G.; RAHIMI, A.G.; KAIFIE, S.; DELBRÜCK, H. (1977). Red cell enzyme polymorphisms in different populations of Afghanistan. *Ann. Hum. Biol.*, 4: 225-232.
- GOEDDE, H.W.; BENKMANN, H.G.; HUSSEIN, L.; EL-NAGGAR, B. (1980). Genetic studies in Egypt: red cell enzyme and plasma protein polymorphisms. *A. Morpho. Anthrop.*, 71: 329-335.
- GOEDDE, H.W.; HIRTH, L.; BENKMANN, H.G.; PELLICER, A.; PELLICER, T.; STAHN, M.; SINGH, S. (1972). Population genetic studies of red cell enzyme polymorphisms in four Spanish populations. *Hum. Hered.*, 22: 552-560.
- GOEDDE, H.W.; HIRTH, L.; BENKMANN, H.G.; PELLICER, A.; PELLICER, T.; STAHN, M.; SINGH, S. (1973). Population genetic studies of serum polymorphisms in four Spanish populations. *Hum. Hered.*, 23: 135-146.
- GOEDDE, H.W.; RITTER, H.; CALLSEN, U.; FLOCK, H. (1966). Untersuchungen zum Polymorphismus der sauren Erythrocytenphosphatasen (EC 3.1.3.2). *Humangenetik*, 3: 113-120.
- GOLAN, R.; BEN-EZZER, J.; SZEINBERG, A. (1977). Esterase D polymorphism in several population groups in Israel. *Hum. Hered.*, 27: 298-304.
- GOLAN, R.; BEN-EZZER, J.; SZEINBERG, A. (1979). Erythrocyte glyoxalase I polymorphism in several population groups in Israel. *Hum. Hered.*, 29: 57-60.
- GOMEZ, P. (1976). Bioantropología e influencia geográfica en el N.E. de León. *Inst. F. Bernardino de Sahagún (C.S.I.C.)*, León.
- GOMEZ, P. (1980). Estudio del sistema Rh en una región cantábrica. *Bol. Soc. Esp.*

- Antrop. Biol., 1: 32-40.
- GOMEZ, P.; PASTOR, J.M.; ZUBIZARRETA, A. (1981). Polimorfismo genético del sistema Rh en la población de Cantabria (Santander). Bol. Soc. Esp. Antrop. Biol., 2: 27-32.
- GORDON, H.; KERAAN, M.M.; VOUIJS, M. (1967). Variant of 6-phosphogluconate dehydrogenase within a community. Nature (Lond.), 214: 466.
- GOTI ITURRIAGA, J.L. (1966). Grupo ABO, factor Rh y sistema secretor-Lewis en vascos. Rev. clin. Esp., 27: 30-40. (Cit. Mourant et al., 1976).
- GOWER, J.C. (1972). Measures of taxonomic distance and their analysis. En, J.S. WEINER J. HUIZINGA (eds.), The Assessment of Population Affinities in Man. pp. 1-24, Clarendon Press, Oxford.
- GRAHAM, H.D.; HIRSCH, H.F.; DAVIES, D.M. (1977). Genetic and immunochemical relationships between soluble and cell-bound antigens of the Lewis system. 5th Int. Convoc. Immunol., Buffalo, N.Y., pp. 257-267. (Cit. Lodge et al., 1982).
- GRAS, J. (1967). Proteínas plasmáticas. Jims, Barcelona.
- GREWAL, M.S. (1962). The rate of genetic divergence of sublines in the CB57BL strain of mice. Gen. Res., 3: 226-237. (Cit. Constandse-Westermann, 1972).
- GRIFOLS-LUCAS, J.A. (1954). The Kell, Duffy and P blood group distribution in a sample of Barcelona blood donors. 5th Int. Congr. Blood Transf., Paris, pp.225.
- GRIFOLS-LUCAS, J.A.; MANAU, R. (1952). Los genotipos Rh de otros 350 dadores de sangre españoles. Med. Clin., 18: 271-274.
- GRUBB, R. (1948). Correlation between Lewis blood group and secretor character in man. Nature (Lond.), 162: 933.
- GUASCH, J.; FLORENSA, A.; DIAZ, G.; GAVILANES, C.R.; RIO, R.; TABUENCA, J.; RAICHS, A. (1952). Los factores hemáticos en España, excepto el país vasco. Med. Clin., 18: 268-271.
- GUEVIN, R.M.; TALIANO, V.; WALDMAN, O. (1971). The coté serum, an antibody defining a new variant in the Kell system. Amer. Ass. Blood Banks Programm, 24 th Annual Meeting, p. 100. (Cit. Race y Sanger, 1975).
- GUNSON, H.H.; LATHAM, V. (1972). An agglutinin in human serum reacting with cells from Le(a-b-) non-secretor individuals. Vox Sang., 22: 344-353.
- HABIB, Z. (1983). Haptoglobin polymorphism in Egyptians. Ann. hum. Biol., 10: 385-388.
- HANSEN, H.E.; LARSEN, S.O.; ERIKSEN, B. (1981). No linkage disequilibrium HLA-GLO found in 1004 normal, unrelated Danes. Hum. Hered., 31: 15-17.
- HARADA, S.; MIYAKE, K.; SUZUKI, H.; ODA, T. (1977). New phenotypes of serum alpha-1-antitrypsin in Japanese detected by gel slab isoelectric focusing. Hum. Genet., 38: 333-336.

- HARADA, S.; OMOTO, K. (1970). Electrophoretic variants of human serum alpha-1-antitrypsin in Japan. *J. Anthropol. Soc. Nippon.*, 78: 22-30.
- HARPENDING, H.; JENKINS, T. (1974). Kung population structure. En, J.F. CROW C. DENNISTON, *Genetic Distance*, pp. 137-165, Clarendon Press, New York.
- HARRIS, J.B. (1976). Grupos sanguíneos y técnicas para su identificación. Ed. El Manual Moderno, Mexico D.F.
- HARRIS, H. (1980). The principles of human biochemical genetics. Elsevier/North-Holland Biochemical Press, Amsterdam.
- HARRIS, H.; HOPKINSON, D.A. *Handbook of enzyme electrophoresis in human genetics*. North-Holland, Amsterdam.
- HART, V.D.; SZALOKY, A.; LOGHEM, J.J. (1968). A new antibody associated with the Kell blood group system. *Vox Sang.*, 15: 456-458.
- HASSAN, EL, A.M.; GODBER, M.G.; KOPEC, A.C.; MOURANT, A.E.; TILLS, D.; LEHMANN, H. (1968). The hereditary blood factors of the Beja of the Sudan. *Man*, 3: 272-283.
- HEDRICK, P.W. (1975). Genetic similarity and distance: comments and comparisons. *Evolution*, 29: 362-366.
- HEIDE, H.M.; MAGNEE, W.; LOGHEM, J.J.; SOUCHARD, L. (1951). Blood group distribution in Basques. *Amer. J. Hum. Genet.*, 3: 356-361.
- HEIDE, K.G.; PETERSEN, N. (1973). Daten zur Populationsgenetik der Adenosin-Desaminase aus Schleswig-Holstein. *Hum. Genet.*, 18: 353-354.
- HENKE, J.; SPIEKER, E. (1979). Population genetic studies in Aymara-speaking people of Bolivia. *Z. Morph. Anthropol.*, 70: 181-184.
- HENNINGSSEN, K. (1949). On the heredity of factor P. *Acta Path. Microbiol. Scand.*, 26: 769-786.
- HERBICH, J.; FISHER, R.A.; HOPKINSON, D.A. (1970). Atypical segregation of human red cell acid phosphatase phenotypes: evidence for a rare "silent" allele p^o. *Ann. Hum. Genet.*, 34: 145-151.
- HERBSCHLEB-VOOGT, E.; GRZESCHIK, K.H.; PEARSON, P.L.; MEERA-KHAN, P. (1981). Assignment of Adenosine Deaminase complexing protein (ADCP) gene(s) to human chromosome 2 in rodent-human somatic cell hybrids. *Hum. Genet.*, 59: 317-323.
- HERNANDEZ, M. (1982). Polimorfismos séricos en barceloneses. Tesis Doctoral, Univers. Barcelona.
- HERZOG, P.; BOHATOVA, J. (1969). Zur Populationsgenetik der sauren Phosphatase der Erythrocyten (EC 3.1.3.1): Phänotypen- und Allelhäufigkeiten in der CSSR. *Hum. Genet.*, 7: 183-184.
- HERZOG, P.; BOHATOVA, J. (1973). Phenotype and gene frequencies of adenosine deaminase in Prague. *Humangenetik*, 17: 173-174.

- HERZOG, P.; BOHATOVA, J.; DRDOVA, A. (1972). Contribution to the AK and 6-PGD polymorphism in Prague. *Hum. Genet.*, 14: 326.
- HEVÉR, Ö.; HAJPAL, A. (1978). The incidence of Hp² allele variants in Hungary. *Hum. Hered.*, 28: 100-103.
- HEYNINGEN, V.; BOBROW, M.; BODMER, W.F.; GARDINER, S.E.; POVEY, S.; HOPKINSON, D.A. (1975). Chromosome assignment of some human enzyme loci: mitochondrial malate dehydrogenase to 7, mannosephosphate isomerase and pyruvate kinase to 15 and probably esterase D to 13. *Ann. Hum. Genet.*, 38: 295-303.
- HIERNAUX, J. (1976). Blood polymorphism frequencies in the Sara Majingay of Chad. *Ann. Hum. Biol.*, 3: 127-140.
- HIRSCHFELD, J. (1959). Immuno-electrophoretic demonstration of qualitative differences in human sera and their relation to the haptoglobins. *Acta Path. Microbiol. Scand.*, 47: 160-168.
- HIRSCHFELD, J.; JONSSON, B.; RASMUSON, M. (1960). Inheritance of a new group-specific system demonstrated in normal human sera by means of an immuno-electrophoretic technique. *Nature (Lond.)*, 185: 931-932.
- HITZEROTH, H.W.; BENDER, K. (1980). Erythrocyte G-6-PD and 6-PGD genetic polymorphisms in South African Negroes, with a note on G-6-PD and the Malaria hypothesis. *Hum. Genet.*, 54: 233-242.
- HITZEROTH, H.W.; BENDER, K.; FRANK, R. (1981). South African Negroes: isoenzyme polymorphisms (GPT, PGM¹, PGM², AcP, AK, and ADA) and tentative genetic distances. *Anthrop. Anz.*, 39: 20-35.
- HITZEROTH, H.W.; BENDER, K.; WOLFSWINKEL, J.M. (1976). Esterase D polymorphism in South African negroids. *S. Afr. J. Sci.*, 72: 301-303. (Cit. Dissing et al., 1984).
- HOFFMANN, J.J.M.L.; BROEK, v.d., W.G.M. (1976). Distribution of alpha-1-antitrypsin phenotypes in two Dutch population groups. *Hum. Genet.*, 32: 43-48.
- HOFFMANN-OSTENHOF, O., et al. (1977). Nomenclature of multiple forms of enzymes. Recommendations (1976). IUPAC-IUB Commission on Biochemical Nomenclature (CBN). *J. Biol. Chem.*, 252: 5939-5941.
- HOLMBERG, C.G.; LAURELL, C.B. (1945). *Acta Phys. Scand.*, 10: 307. (Cit. Putnam, 1975).
- HOPKINSON, D.A.; COOK, P.J.L.; HARRIS, H. (1969). Further data on the adenosine deaminase (ADA) polymorphism and report of a new phenotype. *Ann. Hum. Genet.*, 32: 361-367.
- HOPKINSON, D.A.; HARRIS, H. (1969). Red cell acid phosphatase, phosphoglucomutase, and adenylate kinase. In, J. YUNIS, *Biochemical methods in red cell genetics*. pp. 337-375, Academic Press, New York.
- HOPKINSON, D.A.; MESTRINER, M.A.; CURTNER, J.; HARRIS, H. (1973). Esterase D: a new polymorphism. *Ann. Hum. Genet.*, 37: 119-137.

- HOPKINSON, D.A.; SPENCER, N.; HARRIS, H. (1963). Red cell acid phosphatase variants: a new human polymorphism. *Nature (Lond.)*, 199: 969-971.
- HOPKINSON, D.A.; SPENCER, N.; HARRIS, H. (1964). Genetical studies on human red cell acid phosphatase. *Am. J. Hum. Genet.*, 16: 141-154.
- HORS, P. (1951). Seroantropología de Leoneses y Maragatos. *Hematol. Hemoter.*, 1: 99-100. (Cit. Mourant et al., 1976).
- HORS, P. (1951). Seroantropología e historia de los agotes. *Hematol. Hemoter.*, 1: 3-40. (Cit. Mourant et al., 1976).
- HORS, P.; MARCOS, F. (1951). Seroantropología de los vaqueiros. *Hematol. Hemoter.* 1: 90-96. (Cit. Mourant et al., 1976).
- HORS, P.; SARANDESES, A. (1951). Seroantropología de Galicia. *Hematol. Hemoter.*, 1: 97-98. (Cit. Mourant et al., 1976).
- HOSTE, B. (1979). Group-specific component (Gc) and transferrin (Tf) subtypes ascertained by isoelectric focusing. *Hum. Genet.*, 50: 75-79.
- HUMMEL, K.; PULVERER, G.; SCHAAL, K.P.; WEIDTMAN, V. (1970). Häufigkeit der Sichttypen in den Erbsystemen Haptoglobin, Gc, saure Erythrocytenphosphatase, Phosphoglucomutase und Adenylatkinase sowie den Erbeigenschaften Gm(1), Gm(2) und Inv bei Deutschen (aus dem Raum Freiburg: Br. und Köln) und bei Türken. *Humangenetik*, 8: 330-333.
- IBRAHIM, W.N.; KAMEL, K.; SELIM, O.; AZIM, A.; GABALLAH, M.F.; SABRY, F.; EL-NAGGAR, A.; HOERMAN, K. (1974). Hereditary blood factors and anthropometry of the inhabitants of the Egyptian Siwa Oasis. *Hum. Biol.*, 46: 57-68.
- ISHIMOTO, G.; KUWATA, M.; FUJITA, H. (1974). Esterase D polymorphism in Japanese. *Jap. J. hum. Genet.*, 19: 157-160.
- ISHIMOTO, G.; KUWATA, M.; NAKAJIMA, H. (1979). Group-specific component (Gc) polymorphism in Japanese: an analysis by isoelectric focusing on polyacrylamide gels. *Jap. J. hum. Genet.*, 24: 75-83.
- ITURRIOZ, R.M. (1979). Los sistemas sanguíneos ABO, Rh, Duffy, Kell y P en población autóctona vizcaína (Valle de Arratia). *Munibe*, 31: 185-188.
- ITURRIOZ, R, M. (1980). Sistemas sanguíneos Kell y Duffy en población vasca autóctona y mixta. *Acta II Symp. Antrop. Biol. España*, (Oviedo), pp. 199-210.
- ITURRIOZ, R.M. (1982). Cartografía hematológica del País Vasco: polimorfismos eritrocitarios y salivares de la población vizcaína. Tesis Doctoral. Univer. País Vasco.
- ITURRIOZ, A.M.; ITURRIOZ, R.M. (1980). Estudio de los sistemas ABO, Lewis y secretor en población vasca autóctona. *Acta II Symp. Antrop. Biol. España*, (Oviedo), pp. 211-224.

- ITURRIOZ, R.M.; JUARISTI, M.; BASABE, J.M. (1978). Subgrupos del sistema sanguíneo Rh en población vasca. I Symp. Antrop. Biol. España (Madrid), pp. 303-307.
- JENKINS, T.; CORDFIELD, V. (1972). The red cell acid phosphatase polymorphism in Southern Africa: population data and studies on the R, RA and RB phenotypes. *Ann. Hum. Genet.*, 35: 379-391.
- JENKINS, T.; HARPENDING, H.G.; GORDON, H.; KERAAN, M.M.; JOHNSTON, S. (1971). Red-cell-enzyme polymorphisms in the Khoisan peoples of Southern Africa. *Am. J. Hum. Genet.*, 23: 513-522.
- JENKINS, T.; NURSE, G.T. (1974). The red cell 6-phosphogluconate dehydrogenase polymorphism in certain Southern African populations, with the first report of a new phenotype. *Ann. Hum. Genet.*, 38: 19-29.
- JORDE, L.B. (1980). The genetic structure of subdivided human populations. En, J.H. MIELKE M.H. CRAWFORD (eds.), *Current Developments in Anthropological Genetics*, pp. 135-208, Plenum Press, New York.
- JÖRGENSEN, G.; RITTER, H.; VOGEL, F. (1980). Polimorfismo Gc ("componente específico de grupo"). En, P.E. BECKER (ed.), *Genética humana*, tomo I/3, pp. 112-142, Toray, Barcelona.
- KAHLICH-KÖNNER, D.; MAYR, W.R.; PROKOP, O.; WENINGER, M. (1969). Erythrocyten- und Serummerkmalen bei den Einwohnern der Kanarischen Inseln. *Anthrop. Anz.*, 31: 181-183.
- ITURRIOZ, R.M.; JUARISTI, M.; BASABE, J.M. (1978). Subgrupos del sistema sanguíneo Rh en población vasca. I Symp. Antrop. Biol. España (Madrid), pp. 303-307.
- JENKINS, T.; CORDFIELD, V. (1972). The red cell acid phosphatase polymorphism in Southern Africa: population data and studies on the R, RA and RB phenotypes. *Ann. Hum. Genet.*, 35: 379-391.
- JENKINS, T.; HARPENDING, H.G.; GORDON, H.; KERAAN, M.M.; JOHNSTON, S. (1971). Red-cell-enzyme polymorphisms in the Khoisan peoples of Southern Africa. *Am. J. Hum. Genet.*, 23: 513-522.
- JENKINS, T.; NURSE, G.T. (1974). The red cell 6-phosphogluconate dehydrogenase polymorphism in certain Southern African populations, with the first report of a new phenotype. *Ann. Hum. Genet.*, 38: 19-29.
- JORDE, L.B. (1980). The genetic structure of subdivided human populations. En, J.H. MIELKE M.H. CRAWFORD (eds.), *Current Developments in Anthropological Genetics*, pp. 135-208, Plenum Press, New York.
- JÖRGENSEN, G.; RITTER, H.; VOGEL, F. (1980). Polimorfismo Gc ("componente específico de grupo"). En, P.E. BECKER (ed.), *Genética humana*, tomo I/3, pp. 112-142, Toray, Barcelona.
- KAMBOH, M.I.; KIRK, R.L. (1983). Distribution of transferrin (Tf) subtypes in Asian, Pacific and Australian Aboriginal populations: evidence for the existence of a new

- subtype Tf^{C6}. Hum. Hered., 33: 237-243.
- KAMEL, K.; 'UMAR, M.; IBRAHIM, W.; MANSOUR, A.; GABALLAH, F.; SELIM, O.; AZIM, A.; HAMZA, S.; SABRY, F.; MOAFY, N.; EL-NAGGAR, A.; HOERMAN, K. (1975). Anthropological studies among Libyans. Erythrocyte genetic factors, serum haptoglobin phenotypes and anthropometry. Am. J. phys. Anthrop., 43: 103-111.
- KAPLANOGLU, L.B.; TRIANTAPHYLIDIS, C.D. (1982). Genetic polymorphism in a North-Greek population. Hum. Hered., 32: 124-129.
- KARLSSON, S.; ARNASON, A.; JENSSON, O. (1980). GLO polymorphism in Iceland. Hum. Hered., 30: 383-385.
- KARLSSON, S.; ARNASON, A.; THORDARSON, G.; OLAISEN, B. (1980). Frequency of Gc alleles and a variant Gc allele in Iceland. Hum. Hered., 30: 119-121.
- KARLSSON, S.; SKAFTADOTTIR, I.; ARNASON, A.; MACKINTOSH, P.; JENSSON, O. (1983 a). Gc subtypes in Northern Indians. Hum. Hered., 33: 199-200.
- KARLSSON, S.; SKAFTADOTTIR, I.; ARNASON, A.; THORDARSON, G.; JENSSON, O. (1983 b). Gc subtypes in Icelanders. Hum. Hered., 33: 5-8.
- KEHR-LOKE, E.R.; WEYRAUCH, U.; RITTER, H.; GOEDDE, H.W. (1966). Untersuchungen zur Populationsgenetik der Haptoglobin-Untergruppen. Blut, 14: 97-100.
- KELLERMANN, G.; WALTER, H. (1970). Investigations on the population genetics of the alpha-1-antitrypsin polymorphism. Humangenetik, 10: 145-150.
- KELLERMANN, G.; WALTER, H. (1970). On the genetics of the Pi serum proteins. Hum. Genet., 10: 191-194.
- KIRK, R.L. (1968). The world distribution of transferrin variants and some unsolved problems. Acta Genet. Med. Gemell., 17: 613-640.
- KIRK, R.L.; McDERMID, E.M.; BLAKE, N.M. (1983). The distribution of red cell enzyme and serum protein groups in a population of Dani (Pit. River, West Irian). Hum. Genet., 17: 345-350.
- KITCHIN, F.D. (1965). Demonstration of the inherited serum group-specific protein by acrylamide electrophoresis. Proc. Soc. Exp. Biol. Med., 118: 304-307. (Cit. Putnam, 1975).
- KITCHIN, F.D.; BEARN, A.G. (1966). The electrophoretic patterns of normal and variant phenotypes of the group specific (Gc) components in human serum. Am. J. Hum. Genet., 18: 201-214.
- KLASEN, E.C.; BOS, A.; SIMMELINK, H.D. (1982). Pi (alpha-1-antitrypsin) subtypes: frequency of PI^{*M4} in several populations. Hum. Genet., 62: 139-141.
- KLASEN, E.C.; D'ANDREA, F.; BERNINI, L.F. (1978). Phenotype and gene distribution of alpha-1-antitrypsin in a North Italian population. Hum. Hered., 28: 474-478.
- KÖMPF, J. (1980). Glioxalasa I. En, P.E. BECKER (ed.), Genética humana. Tomo I/3, pp.

623-625, Toray, Barcelona.

- KÖMPF, J.; BISSBORT, S. (1975). Population genetics of red cell glyoxalase I (EC 4.4.1.5). Gene frequencies in Southwestern Germany. Hum. Genet., 28: 175-176.
- KÖMPF, J.; BISSBORT, S.; GUSSMANN, S.; RITTER, H. (1975 a). Polymorphism of red cell glyoxalase I (EC 4.4.1.5). A new genetic marker in man. Investigation of 169 mother-child combinations. Humangenetik, 27: 141-143.
- KÖMPF, J.; BISSBORT, S.; RITTER, H. (1975 b). Red cell glyoxalase I (EC 4.4.1.5). Formal genetics and linkage relations. Humangenetik, 28: 249-251.
- KORTEKANGAS, A.E.; KAARSALO, E.; MELARTIN, L.; TIPPETT, P.; GAVIN, J.; NOADES, J.; SANGER, R.; RACE, R.R. (1965). The red cell antigen P^k and its relationship to the P system; the evidence of three more P^k families. Vox Sang., 10: 385-404.
- KÖSTER, B.; LEUPOLD, H.; MAUFF, G. (1975). Esterase D polymorphism: high-voltage agarose gel electrophoresis and distribution of phenotypes in different European populations. Humangenetik, 28: 75-78.
- KOZIOL, P.; DOBOSZ, T. (1978). GLO polymorphism in two Polish population samples. Hum. Genet., 45: 77-79.
- KOZIOL, P.; STEPIEN, J. (1980). Atypical segregation of esterase D: evidence of a rare "silent" allele EsD⁰. Hum. Genet., 53: 223-225.
- KUEPPERS, F.; CHRISTOPHERSON, M.J. (1978). Alpha-1-antitrypsin: further genetic heterogeneity revealed by isoelectric focusing. Am. J. Hum. Genet., 30: 359-365.
- KUEPPERS, F.; HARPEL, B. (1979). Group-specific component (Gc) "subtypes" of Gc¹ by isoelectric focusing in US Blacks and Whites. Hum. Hered., 29: 242-249.
- KÜHNL, P. (1979). Elektrofokussierung in der forensischen Serologie. Ärztl. Lab., 25: 39-43.
- KÜHNL, P.; CONSTANS, J.; VIAU, M.; SPIELMANN, W. (1981). Isoelectric focusing of the common transferrin^C allele subtypes. In ALLEN, ARNAUD (eds.), Electrophoresis '81. pp. 573-583, Walter de Gruyter, Berlin. (Cit. Pascali y Auconi, 1983).
- KÜHNL, P.; SCHWABENLAND, R.; SPIELMANN, W. (1977). Investigations on the polymorphism of glyoxalase I (EC 4.4.1.5) in the population of Hessen, Germany. Hum. Genet., 38: 99-106.
- KÜHNL, P.; SPIELMANN, W. (1977). Hinweise auf einen weiteren Polymorphismus in Tf-system. 7th Inter. Congr. Soc. Forensic Haematogenetics, Hamburg. (Cit. Thymann, 1978).
- KÜHNL, P.; SPIELMANN, W. (1978). Transferrin: evidence for two common subtypes of the Tf^C allele. Hum. Genet., 43: 91-95.
- KÜHNL, P.; SPIELMANN, W. (1979). A third common allele in the transferrin system, Tf^{C3}, detected by isoelectric focusing. Hum. Genet., 50: 193-198.



- KÜHNEL, P.; SPIELMANN, W.; LOA, M. (1978). An improved method for the identification of Gc¹ subtypes (Group-Specific Component) by isoelectric focusing. *Vox Sang.*, 35: 401-404.
- KUMAR, N.S.R.; RAO, P.R. (1982). Some polymorphic enzymes from Andhra Pradesh. *Hum. Hered.*, 32: 121-123.
- KURCZYNSKI, T.W. (1970). Generalized distance and discrete variables. *Biometrics*, 26: 525-534.
- KUROSUKY, A. (1980). Evolution of haptoglobin and the serine proteases. En, H. PEETERS (ed.), *Protides of the Biological Fluids*. vol. 28, pp. 99-102, Pergamon Press, New York.
- KWOK, K.Y.Y.; LEWIS, W.H.P. (1981). Group-specific component (Gc) subtypes in the Chinese population of Hong Kong. *Hum. Genet.*, 59: 72-74.
- LAI, L.Y.C. (1968). Unusual distribution of red cell acid phosphatase among Aborigines of Australia. *Nature (Lond.)*, 217: 1186.
- LAI, L.Y.C.; BLOOM, J. (1982). Genetic variation in Bougainville and Solomon Islands populations. *Am. J. phys. Anthrop.*, 58: 369-382.
- LAI, L.Y.C.; NEVO, S.; STEINBERG, A.G. (1964). Acid phosphatases of human red cells: predicted phenotype conforms to a genetic hypothesis. *Science*, 145: 1187-1188.
- LALUOEL, J.M. (1980). Distance analysis and multidimensional scaling. En, J.H. MIELKE M.H. CRAWFORD (eds.), *Current Developments in Anthropological Genetics*. pp. 209-250, Plenum Press, New York.
- LALOUEL, J.M.; LOISELET, J.; LEFRANC, G.; CHAIBAN, D.; CHAKHACHIRO, L.; RIVAT, L.; ROPARTZ, C. (1976). Genetic differentiation among Lebanese communities. *Acta Anthropogenet.*, 1: 15-33. (Cit. Lefranc et al., 1981).
- LANDSTEINER, K. (1900). Zur Kenntnis der antifermentativen, lytischen und agglutinierenden Wirkungen des Blutserums und der Lymphe. *Zbl. Bakt.*, 27: 357-362. (Cit. Race y Sanger, 1975).
- LANDSTEINER, K.; LEVINE, P. (1927). Further observations on individual differences of human blood. *Proc. Soc. Exper. Biol.*, 24: 941. (Cit. Race y Sanger, 1975).
- LANDSTEINER, K.; WIENER, A.S. (1940). An agglutinable factor in human blood recognized by immune sera for Rhesus blood. *Proc. Soc. Exp. Biol.*, 43: 223. (Cit. Race y Sanger, 1975).
- LANDSTEINER, K.; WIENER, A.S. (1941). Studies on an agglutininogen (Rh) in human blood reacting with anti-rhesus sera and with human isoantibodies. *J. Exp. Med.*, 74: 309-320. (Cit. Race y Sanger, 1975).
- LAUGHLIN, W.S.; GRAY, M.P.; HOPKINS, C.E. (1956). Blood group genetics of the Basques of Idaho. *Ist. Int. Congr. Hum. Genet.*, Kopenhagen, iii: 380-392.
- LAURELL, C.B.; ERIKSSON, S. (1963). The electrophoretic alpha₁-globulin pattern of serum

- in alpha-1-antitrypsin deficiency. Scand. J. Clin. Lab. Invest., 15: 132-140. (Cit. Fagerhol y Cox, 1981).
- LAWLER, S.; LOGHEM, J.J. (1947). The Rhesus antigen C^W causing haemolytic disease of the newborn. Lancet, ii:545. (Cit. Race y Sanger, 1975).
- LAWRENCE, T.H.; BIGGERS, C.J.; SIMONTON, P.R. (1977). Bacteriostatic inhibition of Klebsiella pneumoniae by three human transferrins. Ann. Hum. Biol., 4: 281-284.
- LEFEVRE-WITIER, P.; VERGNES, H. (1977). Enzyme polimorphisms of Ideles populations (Ahaggar, Algeria) and the Iwellemeden Kel Kummer Twaregs (Menaka, Mali). Hum. Hered., 27: 454-469.
- LEFRANC, M.P.; CHIBANI, J.; HELAL, A.N.; BOUKEF, K.; SEGER, J.; LEFRANC, G. (1981). human transferrin (TF) and group-specific component (Gc) subtypes in Tunisia. Hum. Genet., 59: 60-63.
- LE GALL, J.Y.; LE GALL, M.; GODIN, Y.; SERRE, J.L. (1982). A study of genetic markers of the blood in four Central African populations groups. hum. Hered., 32: 418-427.
- LEVINE, P.; BACKER, M.; WIGOD, M.; PONDER, R. (1949). A new human hereditary blood property (Cellano) present in 99.8 % of all donors. Science, 109: 464-466.
- LEVINE, P.; BOBBITT, O.B.; WALLER, R.K.; KUHMICHEL, A. (1951). Isoimmunization by a new blood factor in tumor cells. Proc. Soc. Exper. Biol., 77: 403. (Cit. Race y Sanger, 1975).
- LEVINE, P.; CELANO, M.J.; FALKOWSKI, F.; CHAMBERS, J.; HUNTER.; ENGLISH, C.T. (1965) A second example of ---/--- or Rh_{null} blood. Transfusion, Philad., 5: 492-500. (cit. Race y Sanger, 1975).
- LEVINE, P.; KATZIN, E.M.; BURHAM, L. (1941). Isoimmunization in pregnancy, its possible bearing on the etiology of erythroblastosis fetalis. J. Am. Med. Ass., 116: 825-827. (Cit. Race y Sanger, 1975).
- LEVINE, P.; STETSON, R.E. (1939). An unusual case of intragroup agglutination. J. Am. Med. Ass., 113: 126-127. (Cit. Race y Sanger, 1975).
- LEWONTIN, R.C. (1972). The apportionment of human diversity. Hum. Biol., 6: 381-398.
- LI, C.C. (1969). Genética humana. Principios y métodos. Omega, Barcelona.
- LIE-INJO, L.E.; GANESAN, J.; HERRERA, A.; LOPEZ, C.G. (1978). Alpha-1-antitrypsin variants in different racial groups in Malaysia. Hum. Hered., 28: 37-40.
- LISKER, R.; GIBLETT, E.R. (1967). Studies on several genetic hamatological traits of Mexicans. XI. Red cell acid phosphatase and phosphoglucomutase in three Indian groups. Am. J. Hum. Genet., 19: 174-177.
- LIVINGSTONE, F.B. (1963). Blood groups and ancestry: a test case from the New Guinea highlands. Curr. Anthropol., 4: 541-542.
- LODGE, T.W. (1982). Current trends in the Lewis system. Biotest Bulletin, 3: 196-207.

- LOGHEM, J.J.; KLOMP-MAGNEE, W.; BAKX, C.J.A. (1953). Haematolytic disease of the newborn due to iso-immunization by the antigens c and C^W. Vox Sang., 3: 130-132.
- LOPEZ-LARREA, C.; BOOTELLO, A.; ARNAIZ-VILLENA, A. (1981). Linkage of GLO with HLA in a sample of the Spanish population. Hum. Genet., 57: 317-320.
- LUCARELLI, P.; AGOSTINO, R.; PALMARINO, R.; BOTTINI, E. (1971). Adenosine deaminase polymorphism in Sardinia. Humangenetik, 14: 1-5.
- LLAMAS, M. (1973). Distribución de los grupos sanguíneos MN y Lewis en la comarca natural de la Mancha. Mem. Licenc., Univers. Complutense, Madrid.
- MANZ, R.; OEPEL, I.; VOLLMER, M. (1979). Ein seltener Typ im Adenosindeaminase-Polymorphismus: ADA 5-2. Ärztl. Lab., 25: 256-257.
- MARENGO-ROWE, A.J.; AVIET, K.; GODBER, M.J.; KOPEC, A.C.; MOURANT, A.E.; TILLS, D.; WOODHEAD, B.J. (1974). The inherited blood factors of the inhabitants of Southern Arabia. Ann. Hum. Biol., 1: 311-326.
- MARKERT, C.L.; MOLLER, F. (1959). Multiple forms of enzymes: tissue ontogenetic, and species specific patterns. Proc. Nat. Acad. Sci. USA, 45: 753.
- MARKS, M.P.; JENKINS, T.; NURSE, G.T. (1977). The red cell glutamic-pyruvate transaminase, carbonic anhydrase I and II and esterase D polymorphisms in the Ambo populations of South West Africa, with evidence for the existence of an EsD⁰ allele. Hum. Genet., 37: 49-54.
- MARTIN, W. (1979). Neue Elektrophoresemethoden zur Darstellung von Serum- und Enzym polymorphismen. Technische Verbesserungen, Hinweis auf ein weiteres EsD-Allel. Ärztl. Lab., 25: 65-67.
- MARTIN, W. (1979). Zur Gc- und Tf-Typisierung mit Hilfe der isoelektrischen Fokussierung. Referate 8. Int. Tag. forens. Blutgruppenkunde, pp. 507. (Cit. Thyman, 1981).
- MARTIN, W.; OTT, A. (1975). Polymorphismus der menschlichen Erythrocyten Esterase D. Phänotypen verteilung und Genfrequenzen in Berlin. Blut, 30: 299-301.
- MARTIN, J.P.; SESBÖUÉ, R.; CHARLIONET, R.; ROPARTZ, C.; PEREIRA, M.T. (1976). Genetic variants of serum alpha-1-antitrypsin (Pi types) in Portuguese. Hum. Hered., 26: 310-314.
- MAS, J.; MORENO, P.; DEU, M.; CARCELLER, A. (1979-1980). Frecuencia del antígeno C^W en una muestra de población española. Trab. Antrop., 18: 145-152.
- MASSI, G.; VECCHIO, F.M. (1977). Alpha-1-antitrypsin phenotypes in a group of newborn infants in Sardinia. Hum. Genet., 38: 265-269.
- MATA DE LA CAMPA, M. (1949). Investigaciones sobre el Rh. Rev. Clin. Esp., 35: 318-321. (Cit. Mourant et al., 1976).
- MATSON, G.A.; SWANSON, J.; NOADES, J.; SANGER, R.; RACE, R.R. (1959). A "new" antigen

- and antibody belonging to the P blood group system. *Am. J. Hum. Genet.*, 11: 26-34.
- MATSUMOTO, H.; MATSUI, K.; ISHIDA, N.; OHKURA, K.; TENG, Y.S. (1980). The distribution of Gc subtypes among the Mongoloid populations. *Am. J. phys. Anthrop.*, 53: 505-508.
- MAUFF, G.; WACHAUF, P.; SCHAAL, K.P.; PULVERER, G. (1978). GLO I and Bf phenotype distribution in a West German population sample. *Hum. Hered.*, 28: 431-434.
- MAYR, W.R.; MAYR, D.; KÖMPF, J.; BISSBORT, S.; RITTER, H. (1976). Possible linkage of HLA and GLO. *Hum. Genet.*, 31: 241-242.
- MAZZUR, S.; BLAKE, N.M. (1981). Red cell enzyme and serum protein types in a population from Ndeni (Santa Cruz Islands). *Ann. Hum. Biol.*, 8: 277-281.
- McDERMID, E.M.; BLAKE, N.M.; KIRK, R.L.; KOSASIH, E.N.; SIMONS, M.J. (1973). The distribution of serum protein and enzyme groups among the Batak of Samosir Island (Sumatra, Indonesia). *Humangenetik*, 17: 351-356.
- McLOUGHLIN, K.M.; BLAKE, N.N.; HOGAN, P.F. (1982 a). Blood group, red cell enzyme and serum protein types in the Buka Islanders, Papua New Guinea. *Hum. Hered.*, 32: 152-159.
- McLOUGHLIN, K.M.; BLAKE, N.M.; KORAROME, J.; ALPERS, W. (1982 b). Blood group, red cell enzymes and serum protein types in an Asaro Village, Eastern Highlands, Papua New Guinea. *Hum. Hered.*, 32: 160-165.
- MEERA-KHAN, P.; DOPPERT, B.A. (1976). Rapid detection of glyoxalase I (GLO) on cellulose acetate gel and the distribution of GLO variants in a Dutch population. *Hum. Genet.*, 34: 53-56.
- MESA, M.S. (1973). Estudio del polimorfismo genético de los sistemas Rh y Kell en la comarca natural de la Mancha. *Trab. Antrop.*, 16: 245-251.
- MESA, M.S. (1976). Estudio de los sistemas sanguíneos Rh y Kell en las comarcas naturales de Tierra de Campos y Montes de Torozos. *Trab. Antrop.*, 18: 49-56.
- MESTRINER, M.A.; SALZANO, F.M.; NEEL, J.V.; AYRES, M. (1976). Esterase D in South American Indians. *Am. J. Hum. Genet.*, 28: 257-261.
- MIKKELSEN, M.; JACOBSEN, P.; HENNINGSEN, K. (1977). Possible localization of Gc-system on chromosome 4. Loss of long arm 4 material associated with father-child incompatibility within the Gc-system. *Hum. Hered.*, 27: 105-107.
- MITCHELL, R.J.; IZATT, M.M.; SUNDERLAND, E.; CARTWRIGHT, R.A. (1976). Blood groups antigens, plasma protein and red cell isoenzyme polymorphisms in South-west Scotland. *Ann. Hum. Biol.*, 3: 157-171.
- MITCHELL, R.J.; TILLS, D.; KOPEC, A.C.; SUNDERLAND, E.; MOURANT, A.E.; MARIN, A. (1982). Genetic studies of the population of the Isle of Man. *Ann. Hum. Biol.*, 9: 57-68.
- MODIANO, G.; BERNINI, L.; CARTER, N.D.; SANTACHIARA-BENERECETTI, S.A.; DETTER, J.C.; BAUR, E.W.; PAOLUCCI, A.M.; GIGLIANI, F.; MORPURGO, G.; NIJENHUIS, L.E.; KANASHIRO, V.K. (1972). A survey of several red cell and serum genetic markers in a Peruvian

- population. *Am. J. Hum. Genet.*, 24: 111-123.
- MORAL, P. (1980). Grupos sanguíneos en la isla de Menorca. *Trab. Antrop.*, 18: 215-227.
- MORAL, P.; MORENO-TORRES, A.; PANADERO, A.M.; MORENO, P. (1982). Polimorfismo del sistema Pi en población barcelonesa. *Trab. Antrop.*, 19: 39-44.
- MORAL, P.; PANADERO, A.M. (1983). Haptoglobin subtypes in Barcelona (Spain). *Hum. Hered.*, 33: 192-194.
- MORAL, P.; PANADERO, A.M. (1984). Distribución de los sistemas enzimáticos 6-PGD (6-fosfogluconato deshidrogenasa) y ADA (adenosindeaminasa) en Barcelona. *Trab. Antrop.*, 19: 193-202.
- MORAL, P.; PANADERO, A.M.; MORENO-TORRES, A.; MORENO, P. (1983). Subtipos de transferrina y Gc en Barcelona. *Acta III Symp. Antrop. Biol. España (Santiago de C.)*, pp. 264-274.
- MORENO, P.; MAS, J. (1976). Estudio del antígeno D^u en población barcelonesa. *Trab. Antrop.*, 18: 57-61.
- MORENO, P.; MORAL, P. (1980). Distribución de los grupos sanguíneos ABO, Rh y Lewis en una muestra de población de la provincia de Gerona. *Trab. Antrop.*, 18: 229-241.
- MORENO, P.; MORAL, P. (1981). Estudio del polimorfismo de la fosfatasa ácida y esterasa D eritrocitarias en Barcelona (España). *Rev. Mexic. Est. Antrop.*, 27: 89-94.
- MORENO, P.; MORAL, P. (1983). Subtipos de gc y alfa-1-antitripsina en una muestra de población de Gerona. *Acta III Symp. Antrop. Biol. España (Santiago de C.)*, pp. 275-282.
- MORENO, P.; MORAL, P. (En prensa, 1983). Distribución de grupos sanguíneos y enzimas eritrocitarios en una población de Gerona (España). *García de Orta, serie Antropobiología (Lisboa)*.
- MORENO, P.; MORAL, P.; MAS, J. (1982). Grupos sanguíneos en una muestra de población de Tarragona. *Trab. Antrop.*, 19: 45-50.
- MORTON, N.E.; YEE, S.; HARRIS, D.E.; LEW, R. (1971). Bioassay of kinship. *Theor. Popul. Biol.*, 2: 507-524. (Cit. Lalouel, 1980).
- MOULLEC, J. (1971). *Les groupes sanguins. Tomo 1, La Tourrelle, Paris*.
- MOURANT, A.E. (1945). A new Rhesus antibody. *Nature (Lond.)*, 155: 54.
- MOURANT, A.E. (1946). A "new" human blood group antigen of frequent occurrence. *Nature (Lond.)*, 158: 237.
- MOURANT, A.E.; KOPEC, A.C.; DOMANIEWSKA-SOBCZAK, K. (1976). The distribution of the human blood groups and other polymorphisms. *Oxford Univ. Press, London*.
- MOURANT, A.E.; TILLS, D.; DOMANIEWSKA-SOBCZAK, K. (1976). Sunshine and the geographical distribution of the alleles of the Gc system of plasma proteins. *Hum. Genet.*, 33:

- MOURANT, A.E.; TILLS, D.; KOPEC, A.C.; WARLOW, A.; TEESDALE, P.; BOOTH, P.B.; HORNABROOK, R.W. (1981). Red cell antigen, serum protein, and red cell enzyme polymorphisms in inhabitants of the Jimi Valley, Western Highlands, New Guinea. *Hum. Genet.*, 59: 77-80.
- MOURANT, A.E.; TILLS, D.; KOPEC, A.C.; WARLOW, A.; TEESDALE, P.; BOOTH, P.B.; HORNABROOK, R.W. (1982). Red cell antigen, serum protein and red cell enzyme polymorphisms in eastern Highlanders of New Guinea. *Hum. Hered.*, 32: 374-384.
- MOYA, J. (1970). Los grupos sanguíneos de los sistemas Kell y Duffy en los vascos. 1^a Sem. Antrop. vasca, Bilbao, pp. 563-561. (Cit. Mourant et al., 1976).
- MUKHERJEE, B.N.; DAS, S.K.; KELLERMANN, G. (1974). Study of some serum groups systems in the Mahishyas and the Muslims in 24-Parganas District, West Bengal. *Hum. Genet.*, 21: 27-32.
- MUKHERJEE, B.N.; MALHOTRA, K.C.; DAS, S.K.; MAZUMDAR, P.P.; ROY, M.; KATE, S.L.; SAINANI, G.S. (1979). Genetic polymorphism analysis among nine endogamous population groups of Maharashtra, India. *J. Hum. Evol.*, 8: 555-565.
- NANCE, W.E.; SMITHIES, O. (1963). New haptoglobin alleles: a prediction confirmed. *Nature (Lond.)*, 198: 869-870.
- NEEL, J.V.; GERSHOWITZ, H.; MOHRENWEISER, H.W.; AMOS, B.; KOSTYU, D.D.; SALZANO, F.M.; MESTRINER, M.A.; LAWRENCE, D.; SIMOES, A.L.; SMOUSE, P.E.; OLIVER, W.J.; SPIELMAN, R.S.; NEEL, J.V.Jr. (1980). Genetic studies on the Ticuna, an enigmatic tribe of Central Amazonas. *Ann. Hum. Genet.*, 44: 37-54.
- NEEL, J.V.; GERSHOWITZ, H.; SPIELMAN, R.S.; MIGLIAZZA, E.C.; SALZANO, F.M.; OLIVER, J. (1977). Genetic studies of the Macushi and Wapishana Indians. II. Data on 12 genetic polymorphism of red cell and serum proteins: gene flow between the tribes. *Hum. Genet.*, 37: 207-219.
- NEEL, J.V.; TANIS, R.J.; MIGLIAZZA, E.C.; SPIELMAN, R.S.; SALZANO, F.M.; OLIVER, W.J.; MORROW, M.; BACHOFER, S. (1977). Genetic studies of the Macushi and Wapishana Indians. I. Rare genetic variants and a "private polymorphism" of esterase D. *Hum. Genet.*, 36: 81-107.
- NEI, M. (1972). Genetic distance between populations. *Am. Nat.*, 106: 283-292.
- NEI, M. (1973). The theory and estimation of genetic distance. En, N.E. MORTON (ed.), *Genetic Structure of Populations*. pp. 45-54, Univ. Hawaii Press, Honolulu.
- NEI, M. (1978). Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*, 89: 583-590.
- NEI, M.; ROYCHOUDHURY, A.K. (1974). Sampling variances of heterozygosity and genetic distance. *Genetics*, 76: 379-390.
- NIJENHUIS, L.E. (1956). Blood group frequencies in french Basques. *Ist Congr. Hum. Genet.*, Copenhagen, iii: 375-379.

- NISHIGAKI, I.; ITOH, T. (1984). Isoelectric focusing studies of human red cell esterase D: evidence for polymorphic occurrence of a new allele EsD⁷ in Japanese. *Hum. Genet.*, 66: 92-95.
- NISHIHARA, H.; ISHIKAWA, S.; SHINKAI, K.; AKEDO, H. (1973). Multiple forms of human adenosine deaminase. II. Isolation and properties of a conversion factor from human lung. *Biochem. Biophys. Acta*, 302: 429-442.
- NORTH, M.L.; AMANN, I.; TONGIO, M.M.; HAUPTMANN, G.; KLEIN, J.; MAYER, S. (1981). Red cell glyoxalase I polymorphism in Alsace, France. Linkage of GLC with Bf. *Hum. Hered.*, 31: 39-41.
- NURSE, G.T.; BOTHA, M.C.; JENKINS, T. (1977). Sero-genetic studies on the San of South West Africa. *Hum. Hered.*, 27: 81-98.
- NURSE, G.T.; JENKINS, T. (1975). The Griqua of Campbell, Cape Province, South Africa. *Am. J. phys. Anthropol.*, 43: 71-78.
- NURSE, G.T.; JENKINS, T.; AFRICA, B.J.; STELLMACHER, F.F. (1982). Sero-genetic studies on the Basters of Rehoboth, South West Africa /Namibia. *Ann. Hum. Biol.*, 9: 157-166.
- NURSE, G.T.; LANE, A.B.; JENKINS, T. (1976). Sero-genetic studies on the Dama of South West Africa. *Ann. Hum. Biol.*, 3: 33-50.
- OCAÑA, J. (1975). Sobre la distancia genética. *Mem. Licen., Fac. Biol. Univers. Barcelona*.
- OJIKUTU, R.O.; NURSE, G.T.; JENKINS, T. (1977). Red cell enzyme polymorphisms in the Yoruba. *Hum. Hered.*, 27: 444-453.
- OLAISEN, B.; GEDDE-DAHL, T.; THORSBY, E. (1976). Localization of the human GLO gene locus. *Hum. Genet.*, 32: 301-304.
- OLAISEN, B.; SIVERTS, A.; JONASSEN, R.; MEVAG, B.; GEDDE-DAHL, T. (1981). The EsD polymorphism: further studies of the EsD2 and EsD5 allele products. *Hum. Genet.*, 57: 351-353.
- OLAISEN, B.; TEISBERG, P.; JONASSEN, R. (1976). EsD polymorphism in Norway. *Hum. Genet.*, 34: 63-64.
- OLAISEN, B.; TEISBERG, P.; JONASSEN, R. (1976) GLO polymorphism in Norway. *Hum. Hered.*, 26: 454-457.
- OMOTO, K.; AOKI, K.; HARADA, S. (1975). Polymorphism of esterase D in some population groups in Japan. *Hum. Hered.*, 25: 378-381.
- OMOTO, K.; MISAWA, S.; HARADA, S.; SUMPAICO, J.S.; MEDADO, P.M.; OGONUKI, H. (1978). Population genetic studies of the Philippine Negritos. I. A pilot survey of red cell enzyme and serum protein groups. *Am. J. Hum. Genet.*, 30: 190-201.
- OMOTO, K.; MIYAKE, K. (1978). The distribution of group-specific component (Gc) subtypes

- in Japanese. *Jpn. J. Hum. Genet.*, 23: 119-125. (Cit. Thymann, 1981).
- OP'T HOF, J.; WOLF, U.; RITTER, H. (1968). Zur Populationsgenetik der 6-Phosphogluconatdehydrogenasen (EC 1.1.1.44): Genhäufigkeit in einer südwestdeutschen Stichprobe. *Humangenetik*, 6: 338-339.
- PALMHERT-KELLER, R.; NURSE, G.T.; JENKINS, T. (1983). Sero-genetic studies on the Caucasoids of South West Africa / Namibia. *Hum. Hered.*, 33: 79-87.
- PAPIHA, S.S. (1981). Isoelectric focusing in the detection of genetic variation of enzymes and proteins: method and gene frequencies of the group-specific component (Gc) in the Gaddi tribe of Chamba (Himachal Pradesh), India. *J. Ind. Anthropol. Soc.*, 16: 75-87.
- PAPIHA, S.S.; AL-AGIDI, S.K. (1976). Esterase D and superoxide dismutase polymorphisms in Iraq. *Hum. Hered.*, 26: 394-400.
- PAPIHA, S.S.; MUKHERJEE, B.N.; CHAHAL, S.M.S.; MALHOTRA, K.C.; ROBERTS, D.F. (1982). Genetic heterogeneity and population structure in north-west India. *Ann. Hum. Biol.*, 9: 235-251.
- PAPIHA, S.S.; NAHAR, A. (1977). The world distribution of the electrophoretic variants of the red cell enzyme esterase D. *Hum. Hered.*, 27: 424-432.
- PAPIHA, S.S.; ROBERTS, D.F. (1972). Adenosine deaminase (ADA) polymorphism in northern England. *Hum. Genet.*, 15: 279-281.
- PAPIHA, S.S.; ROBERTS, D.F.; ALI, S.G.M.; ISLAM, M.M. (1975). Some hereditary blood factors of Bengali Muslim of Bangladesh (red cell enzymes, haemoglobins, and serum proteins). *Humangenetik*, 28: 285-293.
- PAPIHA, S.S.; ROBERTS, D.F.; MUKHERJEE, D.P.; SINGH, S.D.; MALHOTRA, M. (1978). A genetic survey in the Bhil tribe of Madhya Pradesh, Central India. *Am. J. phys. Anthropol.*, 49: 179-186.
- PAPIHA, S.S.; ROBERTS, D.F.; RAHIMI, A.G. (1977). Genetic polymorphisms in Afghanistan. *Ann. Hum. Biol.*, 4: 233-241.
- PAPIHA, S.S.; ROBERTS, D.F.; WHITE, I.; CHAHAL, S.M.S.; ASEFI, J.A. (1982). Population genetics of the group specific component (Gc) and phosphoglucomutase (PGM₁) studied by isoelectric focusing. *Am. J. phys. Anthropol.*, 59: 1-7.
- PAPIHA, S.S.; ROBERTS, D.F.; WIG, N.M.; SINGH, S.D. (1972). Red cell enzyme polymorphism in Punjabis in North India. *Am. J. phys. Anthropol.*, 37: 293-299.
- PAPIHA, S.S.; SEYEDNA, Y.; SUNDERLAND, E. (1982). Phosphoglucomutase (PGM) and group specific component (Gc), isoelectric focusing subtypes among Zoroastrians of Iran. *Ann. Hum. Biol.*, 9: 571-574.
- PARDO, F. (1978). Estudio del polimorfismo genético de los sistemas sanguíneos P y Lutheran en la población gallega. *Braña (Bol. Soc. Galega His. Nat.)*, 2: 61-79. (Cit. Varela et al., 1982).

- PARKER, W.C.; CLEVE, H.; BEARN, A.G. (1963). Determination of phenotypes in the human group-specific component (Gc) system by starch gel electrophoresis. *Am. J. Hum. Genet.*, 15: 353.
- PARKIN, B.; ADAMS, E.G. (1975). The typing of esterase D in human blood stains. *Med. Sci. Law*, 15: 102-105. (Cit. Papiha y Nahar, 1977).
- PARR, C.W. (1966). Erythrocyte phosphogluconate dehydrogenase polymorphism. *Nature (Lond.)*, 210: 487.
- PARR, C.W.; BAGSTER, I.A.; WELCH, S.G. (1977). Human red cell glyoxalase I polymorphism. *Biochem. Genet.*, 15: 109-113.
- PARR, C.W.; FITCH, L.I. (1967). Inherited quantitative variation of human phosphogluconate dehydrogenase. *Ann. Hum. Genet.*, 30: 339-353.
- PASCALI, V.L.; AUCONI, P. (1983). Transferrin: common and rare variants in Italy. Evidence for the existence of the rare tf^{C6} among Caucasians. *Hum. Genet.*, 64: 232-234.
- PASCALI, V.L.; DE MERCURIO, D. (1981). Determination of alpha-1-antitrypsin subtypes in the population of Rome. A study in ultrathinlayer isoelectric focusing. *Hum. Hered.*, 31: 296-298.
- PAUSCH, U.; FACHLEUTNER, G.; KIRNBAUER, M.; MAYR, W.R. (1979). Polymorphism of glyoxalase I in Vienna. *Hum. Hered.*, 29: 204-207.
- PEACOCK, A.C.; BUNTING, L.S.; QUEEN, K.G. (1965). Serum protein electrophoresis in acrylamide gel: patterns from normal human subjects. *Science*, 147: 1451-1453.
- PETRUCCI, R.; CONGEDO, P. (1983). Genetic studies of Gc (vitamin D binding globulin) polymorphism in the population of Latium (Italy). *J. Hum. Evol.*, 12: 439-441.
- PFLUGSHAUPT, R.; SCHERZ, R.; BÜTLER, R. (1976). Polymorphism of human red cell adenosine deaminase, esterase D, glutamate pyruvate transaminase and galactose-1-phosphate-uridiltransferase in the Swiss population. *Hum. Hered.*, 26: 161-166.
- PFLUGSHAUPT, R.; SCHERZ, R.; BÜTLER, R. (1978). Human red cell glyoxalase I polymorphism in the Swiss population: phenotype frequencies and a simplified technique. *Hum. Hered.*, 28: 235-237.
- PFLUGSHAUPT, R.; SCHERZ, R.; TRAUTWEIN, M.; RICHIGER, U.; BÜTLER, R. (1970). Polymorphism of red cell acid phosphatase in the Swiss population. *Humangenetik*, 8: 354-356.
- PIANTELLI, M.; AUCONI, P.; MUSIANI, P. (1978). Alpha-1-antitrypsin phenotypes in newborns from Central and Southern Italy. *Hum. Hered.*, 28: 468-473.
- PLANAS, J. (1963). Los tipos de haptoglobinas en el hombre. Datos sobre una población castellana. *Genet. Ibér.*, 15: 103-133.
- PLANAS, J.; FUSTE, M.; DIAZ, J.M.; PONS, J. (1969). Blood groups (Rh, ABO) in the

- population of Gran Canaria (Canary Islands, Spain). *Hum. Hered.*, 19: 185-189.
- PLANAS, J.; FUSTE, M.; VIÑAS, J. (1966). Contribución al estudio de los caracteres hemáticos en la población española (haptoglobinas; grupos sanguíneos A₁A₂BO y Rh). *Genet. Ibér.*, 18: 185-203.
- PLANAS, J.; PONS, J.; TRIGINER, J. (1968). Haptoglobin types in the population of Asturias (Spain). *Acta Genet. Basel*, 18: 155-158.
- POLONOVSKI, M.; JAYLE, M.F. (1938). Existence dans le plasma sanguin d'une substance activant l'action peroxydasique de l'hémoglobine. *C.r. Soc. Biol. (Paris)*, 129: 457 (Cit. Putnam, 1975).
- PONGPAEW, P.; SCHELP, F.P. (1980). Alpha-1-protease inhibitor phenotypes and serum concentrations in Thailand. *Hum. Genet.*, 54: 119-124.
- PONS, J. (1964). Grupos sanguíneos en asturianos. *Rev. Fac. Ciencias, Oviedo*, 5: 135-141.
- PONS, J.; FUSTE, M.; DIAZ, J.M.; PLANAS, J. (1968). Haptoglobin types in the population of the Gran Canaria. *Acta Genet. Basel*, 18: 579-583.
- PORTUGAL, J.; MOYA, V. (1965). Nuevos avances en hematología forense. Valor diagnóstico de las haptoglobinas. *Arch. Fac. Med.*, 8: 25-38.
- POTAPOV, M.I. (1970). Detection of the antigen of the Lewis system, characteristic of the erythrocytes of group Le(a-b-) secretor. *Prob. Haematol.*, 11: 45-49. (Cit. Watkins, 1980).
- PREVOSTI, A. (1974). La distancia genética entre poblaciones. *Miscellanea Alcobé*, pp. 109-118.
- PROKOP, O. (1970). Grupos sanguíneos humanos. Ed. Científico-Médica, Barcelona.
- PUENTE, J. (1980). Sistemas sanguíneos ABO, Rhesus, P y Kell en población autóctona de la provincia de Guipúzcoa. *Mem. Licen. Univers.*, Barcelona.
- PUTNAM, F.W. (1975-1977). Plasma proteins; structure, function and genetic control. (3 volúmenes). Academic Press, New York.
- RACE, R.R.; LAWLER, S.D.; BERTINSHAW, D.; GRFOLS-LUCAS, J.A.; GRIFOLS-LUCAS, V.; IBARZ, M.; OPPENHEIMER, W. (1949). Los genotipos Rh de 223 donadores de sangre españoles. *Med. Clin.*, 13: 325-326. (Cit. Mourant et al., 1976).
- RACE, R.R.; SANGER, R. (1975). *Blood groups in Man*. 6th ed., Blackwell, London.
- RACE, R.R.; TAYLOR, G.L. (1943). A serum that discloses the genotype of some Rh positive people. *Nature (Lond.)*, 152: 300.
- RADAM, G.; STRAUCH, H. (1966). Populationsgenetik der sauren Erythrocytenphosphatase. *Hum. Genet.*, 2: 378-380.
- RADAM, G.; STRAUCH, H. (1971). Beitrag zur Populationsgenetik der Adenosindesaminase.

- Hum. Genet., 12: 173-174.
- RADAM, G.; STRAUCH, H. (1971). Daten zur Populationsgenetik der 6-Phosphogluconat Dehydrogenase. Hum. Genet., 13: 61.
- RADAM, G.; STRAUCH, H.; MARTIN, W. (1980). Der Phänotyp "Rügen" in Polymorphismus der Esterase D: Hinweis auf die Existenz eines neuen Allels (EsD⁶). Blut, 40: 337-341.
- RADAM, G.; STRAUCH, H.; PROKOP, O. (1974). Ein seltener Phänotyp im Adenosin-desaminase Polymorphismus: Hinweis auf die Existenz eines neuen Allels. Humangenetik, 25: 247.
- RANZANI, G.; ANTONINI, G.; SANTACHIARA-BENERECETTI, A.S. (1979). Red cell glyoxalase I polymorphism in Italians. Report of a variant phenotype. Hum. Hered., 29: 261-264.
- RANZANI, G.; BERETTA, M.; BENERECETTI, A.S.S. (1978). The polymorphism of red cell esterase D in Italy. Hum. Hered., 28: 147-150.
- RAO, P.M.; BLAKE, N.M.; VEERAJU, P. (1978). Genetic studies on the Savara and Jatapu tribes of Andhra Pradesh, India. Hum. Hered., 28: 122-131.
- RAYMONDJEAN, M.; RAYMONDJEAN, N.; DIEBOLT, G.; LINHARD, J.; MOULLEE, J. (1975). Phenotypes des isoenzymes erythrocytaires, phosphatase acide, phosphoglucomutase, adenylate kinase, adenosine desaminase, dans un échantillon de la population de Dakar (Sénégal). Bull. Mém. Soc. d'Ant. Paris, 13: 17-21.
- REDDY, A.P.; RAMACHANDRAIAH, T.; MUKHERJEE, B.N. (1981). Esterase D polymorphism among the Yanadi of Andhra Pradesh, India. Hum. Hered., 31: 1-2.
- RENNINGER, W.; BIMBOESE, C. (1970). Zur Genetik der Erythrocyten-Adenosin-deaminase Genfrequenzen und Familienuntersuchungen. Humangenetik, 9: 34-37.
- REX-KISS, B.; SZABO, L. (1971). Results of haptoglobin types investigations in Hungary. Hum. Genet., 13: 78-80.
- REYS, L.; MANSO, C.; STAMATOYANNOPOULOS, G.; GIBLETT, E. (1972). Genetic studies on southeastern Bantu of Mozambique. II. Serum groups, haemoglobins and red cell isozyme phenotypes. Humangenetik, 16: 227-233.
- RIDDLE, V.M.; LORENZ, F.W. (1973). Nonenzymic formation of toxic levels of methylglyoxal from glycerol and dihydroxyacetone in Ringer's phosphatase suspensions of avian spermatozoa. Biochem. Biophys., 50: 27-34.
- RITTER, H.; WENDT, G.G.; TARIVERDIAN, G.; ZILCH, J.; RUBE, M.; KIRCHBERG, G. (1971). Genetics and linkage analysis of adenosine deaminase. Humangenetik, 14: 69-71.
- RITTER, H.; WENDT, G.G.; ZILCH, J.; KOPPF, J.; CRAMER, H.; KIRCHBERG, G. (1971). Genetics and linkage analysis for the acid phosphatase of the erythrocytes. Hum. Genet., 13: 353-355.
- RITTNER, C.; MÜLLER, G. (1975). Esterase D: some population and formal genetical data. Hum. Hered., 25: 152-155.
- RITTNER, C.; WEBER, W. (1978). Evidence for a "silent" allele GLO⁰ at the glyoxalase I

- locus. Hum. Genet., 42: 315-318.
- ROBERTS, D.F.; EVANS, M.; IKIN, E.W.; MOURANT, A.E. (1966). Blood groups and the affinities of the Canary islanders. *Man*, 1: 512-525.
- ROBERTS, D.F.; MITCHELL, R.J.; CREEN, C.K.; JORDE, L.B. (1981). Genetic variation in Cumbrians. *Ann. Hum. Biol.*, 8: 135-144.
- ROBERTS, D.F.; PAPIHA, S.S. (1978). Les polymorphismes génétiques des Sukuma (Tanzania). *L'Antropologie*, 82: 565-574.
- ROBERTS, D.F.; PAPIHA, S.S.; ABEYARATNE, K.P. (1972). Red cell enzyme polymorphisms in Ceylan Sinhalese. *Am. J. Hum. Genet.*, 24: 181-188.
- ROBERTS, D.F.; PAPIHA, S.S.; CREEN, C.K.; CHAPARWAL, B.; MEHTA, S. (1974). Red cell enzyme and other polymorphic systems in Madhya Pradesh, Central India. *Ann. Hum. Biol.*, 1: 159-174.
- ROBERTS, D.F.; PAPIHA, S.S.; SSEBABI, E.C.T. (1977). Red cell enzymes in East Africa. *Hum. Biol.*, 49: 301-308.
- ROBINET-LEVY, M.; RIEVNIER, M. (1972). Techniques d'identification des groupes Pi. *Rev. Fr. Transf.*, 15: 61-72.
- ROGERS, J.S. (1972). Measures of genetic similarity and genetic distance. In, *Studies in Genetics*. pp. 145-153. Univ. Texas Publ.
- ROBERS, H.; RITTER, H. (1969). Zur formales Genetik der 6-Phosphogluconatdehydrogenasen (EC 1.1.1.44); Untersuchung von 220 Familien. *Humangenetik*, 8: 69-70.
- ROSENFELD, R.E.; ALLEN, F.H.; RUBINSTEIN, P. (1973). Genetic model for the Rh blood-group system. *Proc. Nat. Acad. Sci. USA*, 70: 1303-1307.
- RUA, C.; ITURRIOZ, R. (1980). Sistemas sanguíneos MNSs y P en población vasca autóctona. *Acta II Symp. Antrop. Biol. España, Oviedo*, pp. 250-259.
- SA, N. (1962). Frequencies of the gene Rh-system in Portugal. *Vox Sang.*, 7: 502-503.
- SABO, B.; McCREARY, J.; GELLERMAN, M.; STROUP, M.; NEALE, S.P.; BELL, C.B. (1975). Confirmation of K¹¹ and K¹⁷ as alleles in the Kell blood group system. *Vox Sang.*, 29: 450-452.
- SAHA, N.; BAYOUMI, R.A.; SHEIKH, F.S.; SAMUEL, A.P.W.; FADIL, I.; HOURI, I.S.; SEBAI, Z.A.; SABAA, H.M.A. (1980). Some blood genetic markers of selected tribes in Western Saudi Arabia. *Am. J. phys. Anthrop.*, 52: 595-600.
- SAHA, N.; KIRK, R.L.; SHANBHAG, S.; JOSHI, S.H.; BHATIA, H.M. (1974). Genetic studies among the Kadar of Kerala. *Hum. Hered.*, 24: 198-218.
- SAHA, N.; KIRK, R.L.; SHANBHAG, S.; JOSHI, S.R.; BHATIA, H.M. (1976). Population genetic studies in Kerala and Nilgiris (South West India). *Hum. Hered.*, 26: 175-197.
- SAHA, N.; SAMUEL, A.P.W.; OMER, A.; AHMED, M.A.; HUSSEIN, A.A.; GADDOURA, E.N. (1978). A

- study of some genetic characteristics of the population of the Sudan. *Ann. Hum. Biol.*, 5: 569-575.
- SALAK, J.; PALOUSOVA, Z. (1971). On the phenotype distribution of red cell acid phosphatase in Czechoslovakia. *Humangenetik*, 13: 247-249.
- SANGER, R. (1955). An association between the P and Jay systems of blood groups. *Nature (Lond.)*, 176: 1163-1164.
- SANGER, R.; RACE, R.R.; JACK, J. (1955). The Duffy blood groups of New York Negroes: the phenotype Fy(a-b-). *Brit. J. Haematol.*, 1: 370-374. (Cit. Race y Sanger, 1975).
- SANGHVI, L.D. (1953). Comparison of genetical and morphological methods for a study of biological differences. *Am. J. phys. Anthropol.*, 11: 385-404.
- SANTORO, C.; OLIVETTI, E.; CARBONARA, A.O. (1983). Distribution of haptoglobin subtypes in continental Italy and Sardinia. *Hum. Hered.*, 33: 195-198.
- SATOH, C.; FERRELL, R.E.; TANIS, R.J.; VEDA, N.; KISHINOTO, S.; NEEL, J.V.; HAMILTON, H.B.; BABA, K. (1977). The frequency in Japanese of genetic variants of 22 proteins. III. Phosphoglucomutase-2, 6-phosphogluconate dehydrogenase, adenylate kinase and adenosine deaminase. *Am. J. Hum. Genet.*, 41: 169-183.
- SCHADE, A.L.; CAROLINE, L. (1946). An iron-binding component in human blood plasma. *Science*, 104: 340-341.
- SCHEFFRAHN, W.; ZIGGIOTTI, E. (1982). Die elektrophoretischen Alpha-1-Antitrypsin-Varianten in der schweizerischen Bevölkerung. *Anthrop. Anz.*, 40: 137-143.
- SCHNEIDER, P.; ANANTHAKISHNAN, R.; WALTER, H.; XIROTIRIS, N.; ABELE, R. (1975). Enzyme polymorphisms hemoglobin variants in Greeks. *Humangenetik*, 27: 217-222.
- SCHULTZE, H.E.; HEIDE, K.; HAUPT, H. (1962). Alpha-a-antitrypsin aus Humanserum. *Klin. Wsch.*, 40: 427-429. (Cit. Fagerhol y Cox, 1981).
- SCOTT, E.M.; DUNCAN, J.W.; EKSTRAND, V.; WRIGHT, R.C. (1966). Frequency of polymorphic types of red cell enzymes and serum factors in Alaskan Eskimos and Indians. *Am. J. Hum. Genet.*, 18: 408-411.
- SCOZZARI, R.; BENNICASA, A.; AUGELLO, M. (1981). Glyoxalase I polymorphism: gene frequencies in two Italian populations. *Hum. Hered.*, 31: 208-210.
- SCOZZARI, R.; SANTOLAMAZZA, C. (1970). Studies on the red cell adenosine deaminase polymorphism in Rome. *Humangenetik*, 8: 364-365.
- SEGER, J. (1977). Fréquences dans la population parisienne des gènes correspondants au polymorphisme de l'adénosine déaminase, de la 6-phosphogluconate déshydrogénase et de l'esterase D. *Rev. Fr. Trans. Imm-hémat.*, 20: 575-583.
- SESBOUE, R.; CHARLIONET, R.; VERCAIGNE, D.; GUIMBRETIERE, J.; MARTIN, J.P. (1978). Genetics variants of serum alpha-1-antitrypsin (Pi types) in Bretons. *Hum. Hered.*, 28: 280-284.

- SETH, S.; BERNDT, H. (1973). Distribution of enzyme groups and serum proteins in a north German population. *Hum. Genet.*, 20: 147-150.
- SHARP, H.L.; BRIDGES, R.A.; KRIVIT, W. (1969). Cirrhosis associated with alpha-1-antitrypsin deficiency: a previously unrecognized inherited disorder. *J. Lab. Clin. Med.*, 73: 934-939.
- SHIH, L.Y.; HSIA, D.Y.Y.; BOWMAN, J.E.; SHIH, S.C.; SHIH, P.L. (1968). The electrophoretic phenotypes of red cell 6-phosphogluconate dehydrogenase and adenylate kinase in Chinese populations. *Am. J. Hum. Genet.*, 20: 474-483.
- SHIM, B.; BEARN, A.G. (1964). The distribution of haptoglobin subtypes in various populations including subtype pattern in some nonhuman primates. *Am. J. Hum. Genet.*, 16: 477-483.
- SINGH, I.P.; BHASIN, M.K.; WALTER, H.; HILLING, M.; BHASIN, V.; SINGH, R. (1982). Genetic studies of Pangwalas, transhumant and settled Gaddis. 2. Serum protein and red cell enzyme polymorphisms. *Z. Morph. Anthropol.*, 73: 175-195.
- SINGH, S.; SAREEN, K.N.; GOEDDE, H.W. (1974). Investigation of some biochemical genetic markers in four endogamous groups in Punjab (NW India). 2. Red cell enzyme polymorphisms. *Hum. Genet.*, 22: 133-138.
- SMITH, C.A.B. (1977). A note on genetic distance. *Ann. Hum. Genet.*, 40: 463-479.
- SMITHIES, O. (1955). Grouped variations in the occurrence of new protein components in normal human serum. *Nature (Lond.)*, 175: 307-308.
- SMITHIES, O. (1957). Variations in human serum beta-globulins. *Nature (Lond.)*, 180: 1482-1483.
- SMITHIES, O.; CONNELL, G.E.; DIXON, G.H. (1962 a). Inheritance of haptoglobin subtypes. *Am. J. Hum. Genet.*, 14: 14-21.
- SMITHIES, O.; CONNELL, G.E.; DIXON, G.H. (1962 b). Chromosomal rearrangements and the evolution of haptoglobin genes. *Nature (Lond.)*, 196: 232-236.
- SMITHIES, O.; CONNELL, G.E.; DIXON, G.H. (1966). Gene action in the human haptoglobin. I. Dissociation into constituent polypeptide chains. *J. Mol. Biol.*, 21: 213-218.
- SMITHIES, O.; WALKER, N.F. (1955). Genetic control of some serum proteins in normal humans. *Nature (Lond.)*, 176: 1265-1266.
- SMITHIES, O.; WALKER, N.F. (1956). Notation for serum protein groups and genes controlling their inheritance. *Nature (Lond.)*, 178: 694-695.
- SOKAL, R.R.; SNEATH, P.H. (1963). *The principles of numerical taxonomy*. Freeman, San Francisco.
- SONNEBORN, H.H.; RENNINGER, W. (1970). Genfrequenzuntersuchungen der Adenosin-desaminase-Isoenzyme mit einer neuen Technik. *Humangenetik*, 10: 188-190.
- SORENSEN, S.A.; FENGER, K. (1976). Gene frequencies and linkage data on EsD in man. *Hum.*

Hered., 26: 90-94.

SPARKES, R.S.; TARGUM, S.; GERSHON, E.; SENSABAUGH, G.F.; SPARKES, M.C.; CRIST, M. (1979). Evidence for a "null" allele at the esterase D locus. Hum. Genet., 46: 319-323.

SPENCER, N.; HOPKINSON, D.A.; HARRIS, H. (1968). Adenosine deaminase polymorphism in man. Ann. Hum. Genet., 32: 9-14.

SPEDINI, G.; CAPUCCI, E.; CROSTI, N.; DANUBIO, M.E.; ROMAGNOLI, S. (1982). Erythrocyte glyoxalase I and superoxide dismutase polymorphisms in the Mbugu and some other populations of the Central Africa Republic. Hum. Hered., 32: 253-258.

SPEDINI, G.; FUCIARELLI, M.; RICKARDS, D. (1980). Blood polymorphism frequencies in the Tofinu, the Water Men of Southern Benin. Anthropol. Anz., 38: 121-130.

SPEISER, P.; PAUSCH, V. (1967). The distribution of the red cell acid phosphatase variants in Vienna. Vox Sang., 13: 12-14.

SPIELMANN, W.; TEIXIDOR, D.; MATZNETTER, T. (1973). Blutgruppen bei Bantu-Populationen aus Angola, zugleich ein Beitrag zur Berechnung der Vaterschaftswahrscheinlichkeit bei Gutachen mit Negern als Eventualvätern. Blut, 27: 322-335.

SPIELMANN, W.; TEIXIDOR, D.; RENNINGER, W.; MATZNETTER, T. (1970). Blutgruppen und Lepra bei mocambiquanischen Völkern. Humangenetik, 10: 304-317.

SPUHLER, J.N. (1954). Some problems in the physical Anthropology of the American South. West. Am. Anthropol., 56: 604-619. (Cit. Constandse-Westerman, 1972).

STAMATOYANNOPOULOS, G.; THOMAKOS, A.; GIBLETT, E.R. (1975). Red cell enzyme polymorphisms in the Greek populations. Humangenetik, 27: 23-30.

STEINBERG, A.G.; BLEIBTREU, H.K.; KURCZYNSKI, T.W.; MARTIN, A.O.; KURCZYNSKI, E.M. (1966). Genetic studies in an inbred human isolate. Proc. 3th Int. Congr. Human Genet., Chicago, pp. 267-289. (Cit. Constandse-Westerman, 1972).

STIBLER, H.; BECKMAN, G.; SIKSTROM, C. (1979). Subtypes of transferrin C. Hum. Hered., 29: 320-324.

STOHLMACHER, P.; HAFERLAND, W. (1977). On the population genetics of the red cell glyoxalase I (GLO). Hum. Genet., 39: 303-304.

STRANGE, J.J.; KENWORTHY, R.J.; WEBB, A.J.; GILES, C.M. (1974). WK^a (Weecks), a new antigen in the Kell blood group system. Vox Sang., 27: 81-86.

STRATTON, F. (1946). A new Rh allelomorph. Nature (Lond.), 158: 25-27.

STROUP, M.; McILROY, M.; WALKER, R.; AYDELOTTE, J.V. (1965). Evidence that Sutter belongs to the Kell blood group system. Transf. (Philad.), 5: 309. (Cit. Race y Sanger, 1975).

SUKERNIK, R.I.; KARAPHET, T.M.; OSIPOVA, L.P. (1978). Distribution of blood groups, serum markers and red cell enzymes in two human populations from northern Siberia.

- SUNDERLAND, E.; SAWHNEY, K.S.; BETHELL, J.L. (1979). Plasma protein and red cell enzyme groups among the Nepoalese. *Hum. Hered.*, 29: 14-26.
- SUTTON, H.E. (1970). The haptoglobins. En A.G. STEINBERG A.G. BEARN (eds.), *Progress in Medical Genetics*. vol. 7, pp. 163-216, Grune Stratton; New York.
- SUTTON, H.E.; KARP, G.W. (1964). Variations of heterozygous expression at the haptoglobin locus. *Am. J. Hum. Genet.*, 16: 419-434.
- SUZUKI, T.; KASHIMURA, S.; UMETSU, K.; KUDO, T. (1978). Esterase D phenotypes in north-eastern Japan. *Z. Rechtsmed.*, 81: 119-123. (Cit. Dissing et al., 1984).
- SZATHMARY, E.J.E.; COX, D.W.; GERSHOWITZ, H.; RUCKNAGEL, D.L.; SCHANFIELD, M.S. (1974). The northern and suotheastern Ojibwa: serum proteins and red cell enzyme systems. *Am J. phys. Anthrop.*, 40: 49-66.
- TALAMO, R.C.; LANGLEY, C.E.; REED, C.E.; MAKINO, S. Alpha-1-antitrypsin deficiency: a variant with no detectable alpha-1-antitrypsin. *Science*, 181: 70-71.
- TAN, S.G.; GAN, Y.Y.; ASUAN, K.; ABDULLAD, F. Gc subtyping in Malaysians and in Indonesians from Sumatra. *Hum. Genet.*, 59: 75-76.
- TAN, S.G.; TENG, Y.S.; GANESAN, J.; LAU, K.Y.; LIE-INJO, L.E. (1979). Biochemical genetic markers in the Kadazans of Sabah, Malaysia. *Hum. Genet.*, 49: 349-353.
- TANIS, R.J.; NEEL, J.V.; DOVEY, H.; MORROW, M. (1973). The genetic structure of a tribal population, the Yanomama Indians. IX. Gene frequencies for 18 serum protein and erythrocyte enzyme systems in the Yanomama and five neighboring tribes. *Am. J. Hum. Genet.*, 25: 655-676.
- TARIWERDIAN, G.; RITTER, H. (1969). Population genetics of adenosine deaminase ; gene frequencies in southwestern Germany. *Humangenetik*, 7: 179.
- TARIWERDIAN, G.; ROPERS, H.; OP'T HOP, J.; RITTER, H. (1970). Zur Genetik der 6-Phosphogluconatdehydrogenase. Eine neue Variante F (Freiburg). *Humangenetik*, 10: 355-357.
- TASHIAN, R.E. (1969). The esterases and carbonic anhydrases of human erythrocytes. En, J.J. YUNIS (ed.), *Biochemical methods in red cell genetics*. pp. 307-336, Academic Press, New York.
- TASHIAN, R.E.; BREWER, G.J.; LEHMANN, H.; DAVIES, D.A.; RUCKNAGEL, D.L. (1967). Further studies on the Xavante Indians. V. *Am. J. Hum. Genet.*, 19: 524-531.
- TCHEN, P.; BOIS, E.; SEGER, J.; GREHAND, P.; FEINGOLD, N.; FEINGOLD, J. (1978). A genetic study of two French Guiana Amerindian populations. I. Serum proteins and red cell enzymes. *Hum Genet.*, 45: 305-315.
- TCHEN P.; FONVAL, F.; BOIS, E.; RIVAT, L.; SEGER, J. (1979). Genetic study of the Cuiva Indians of Venezuela. *Ann. Hum. Biol.*, 6: 231-240.

- THOMSEN, O.; FRIEDENREICH, V.; WORSAAE, E. (1930). Über die Möglichkeit der Existenz zweier neuer Blutgruppen: auch ein Beitrag zur Beleuchtung sogenannter Untergruppen. *Acta Pathol. Microbiol. Scand.* 7: 157-190. (Cit. Race, Sanger, 1975).
- THYMAN, M. (1978). Identification of a new serum protein polymorphism as transferrin. *Hum. Genet.* 43: 225-229.
- THYMAN, M. (1981). Gc subtypes determined by agarose isoelectrofocusing. Distribution in Denmark and application to paternity cases. *Hum. Hered.* 31: 214-221.
- THYMAN, M.; HENNINGSEN, K. (1979). Erfahrungen mit der Isoelektrofokussierung bei der Gc- und Tf-Typisierung. *Ärztl. Lab.*, 25: 47-50.
- TILLS, D. (1977). Red cell and serum proteins and enzymes of the Irish. *Ann. Hum. Biol.*, 4: 35-42.
- TILLS, D.; KOPEC, A.C.; FOX, R.F.; MOURANT, A.E. (1979). The inherited blood factors of some northern Nigerians. *Hum. Hered.* 29: 172-176.
- TILLS, D.; KOPEC, A.C.; TILLS, R.E. (1983). The distribution of the human blood groups and other polymorphisms. Supplement 1. Oxford Univers. Press, Oxford.
- TILLS, D.; WARLOW, A.; KOPEC, A.C.; FRIDRIKSSON, S.; MOURANT, A.E. (1982). The blood groups and other hereditary blood factors of the Icelanders. *Ann. Hum. Biol.*, 9: 507-520.
- TILLS, D.; WARLOW, A.; MOURANT, A.E.; KOPEC, A.C.; EDHOLM, O.G.; GARRARD, G. (1977). The blood groups and other hereditary blood factors of Yemenite and Kurdish Jews. *Ann. Hum. Biol.*, 4: 259-274.
- TORRINHA, J.A.F. (1967). Haptoglobin frequencies in the North of Portugal. *Acta Genet. Stat. Med.*, 17: 74-76. (Cit. Mourant et al., 1976).
- TRIGINER, J.; PONS, J. (1967). Contribución al estudio de los grupos sanguíneos MN y Rh en los asturianos. *Rev. Fac. Ciencias, Oviedo*, 8: 3-7.
- TSIAKALOS, G.; WALTER, H.; HILLING, M.; WINDHOF, D. (1980). Investigations on the distribution of genetic polymorphisms in Greece. 1. Blood group polymorphisms. *Anthrop. Anz.*, 38: 237-254.
- TSIAKALOS, G.; WALTER, H.; HILLING, M. (1981 b). Investigations on the distribution of genetic polymorphisms in Greece. 3. Red cell enzyme polymorphisms and genetic distances. *Anthrop. Anz.*, 39: 244-254.
- TSIAKALOS, G.; WALTER, H.; HILLING, M.; SCHAARSCHMIDT, L. (1981 a). Investigations on the distribution of genetic polymorphisms in Greece. 2. Serum protein polymorphisms. *Anthrop. Anz.*, 39: 1-9.
- TUROWSKA, B. (1975). Polymorphism of red cell phosphoglucomutase, adenylate kinase and adenosine deaminase in a Polish population. *Hum. Hered.*, 25: 506-508.
- TUROWSKA, B.; OPOLSKA, B.; GAWRZEWSKI, W. (1976). Distribution of 6-phosphogluconate dehydrogenase variants in South Poland. *Hum. Hered.*, 26: 319-320.

- UNDEVIA, J.V.; BALAKISHNAN, V.; KIRK, R.L.; BLAKE, N.M.; SAHA, N.; McDERMID, E.M. (1978). A population genetic study of the Vania Soni in Western India. *Hum. Hered.*, 28: 104-121.
- UOTILA, L.; KOIVUSALO, M. (1980). Isozymes of red cell glyoxalase I in a Finish population, *Hum. Hered.*, 30: 207-210.
- VALLS, A. (1969). Antropogenética de una población aislada de los Pirineos. *An. Estc. exp. Aula Dei*, 9: 396-410. (Cit. Mourant et al., 1976).
- VALLS, A. (1975). Seroantropología de la población española. *Rev. Univers. Complutense*, 24, n^o 97.
- VALLS, A. (1980) *Introducción a la Antropología*. Ed. Labor, Barcelona.
- VALLS, A.; MORENO, P.; MAS, J. (1977-1978). Contribución al conocimiento del sistema MNSs en la población española. *Trab. Antrop.*, 18: 119-123.
- VANDEVILLE, D.; MARTIN, J.P.; ROPARTZ, C. (1974). Alpha-1-antitrypsin polymorphism of a Bantu population. Description of a new allele: Pi^L. *Hum. Genet.*, 21: 33-38.
- VARELA, T.A.; LODEIRO, R. (1980). Polimorfismo del sistema MNSs en la población gallega. *Acta II Symp. Antrop. Biol. España, Oviedo*, pp. 267-275.
- VEERRAJU, P.; BABU, M.S.; JAIKISHAN, G.; NAIDU, J.M.; BLAKE, N.M. (1982). Genetic studies on the Koya Dora and Konda Kammara tribes of Andhra Pradesh, India. *Hum. Hered.*, 32: 240-245.
- VERGNES, H.; CABANNES, R. (1976). Polymorphism of erythrocyte and serum enzyme systems in the Gagu of the Ivory Coast. *Ann. Hum. Biol.*, 3: 423-429.
- VERGNES, H.; CONSTANS, J.; QUILICI, J.C.; LEFEVRE-WITIER, P.; SEVIN, J.; STEVENS, M. (1980 a). Study of red blood cell and serum enzymes in five Pyrenean communities and in a Basque population sample. *Hum. Hered.*, 30: 171-180.
- VERGNES, H.; MEYER, S.; WÉIL, D.; GOUDEMAND, J.; BREVIERE, D.; SEVIN, J.; CONSTANS, J. (1980 b). Erythrocyte glyoxalase I and esterase D polymorphisms in four French populations. *Hum. Hered.*, 30: 232- 236.
- VERGNES, H.; QUILICI, J.C.; GHERARDI, M.; BAJARANO, G. (1976). Serum and red cell enzyme variants in an Amerindian tribe. The Sirionos (Eastern Bolivia). *Hum. Hered.*, 26: 252-262.
- VERGNES, H.; SEVIN, A.; SEVIN, J.; JAEGER, G. (1979). Population genetic studies of the Aka Pygmies (Central Africa). *Hum. Genet.*, 48: 343-355.
- VIDAL, T. (1979). Aproximación geográfica a la isla de Menorca. (Comunicación personal).
- VIDAL, T.; DUBON, M.L.; GOMILA, J. (1979). La població menorquina. *Enciclopèdia de Menorca*. Obra cultural de Menorca.
- VIGIL, F.; GOMEZ, P. (1976). Estudio del sistema sanguíneo Kell en Asturianos. (en vías

de publicación). (Cit. Gómez, 1976).

- VIGIL, C.; GOMEZ, P.; RODRIGUEZ, P.; SANCHEZ, F.; PINTO, V. (1980). Estudio del polimorfismo del sistema Rh en la población asturiana. Acta II Symp. Antrop. Biol., España, Oviedo, pp. 276-284.
- VIRTARANTA-KNOWLES, K.; NEVANLINNA, H.R. (1982). Red cell glyoxalase I polymorphism in the Finnish population. Hum. Hered., 32: 285-288.
- VOGEL, F.; MOTULSKY, A.G. (1982). Human Genetics. Springer-Verlag, Berlin.
- WALSH, R.J.; MONTGOMERY, G. (1947). A new human isoagglutinin subdividing the MN blood groups. Nature (Lond.), 160: 504.
- WALTER, H. (1976). On the geographical variability of the red cell PGM₁ and acid phosphatase gene-frequencies. Hum. Hered., 26: 25-33.
- WALTER, H. (1980). Sistema transferrina. En P.E. BECKER (ed.), Genética humana. Tomo I/3, pp. 145-174, Toray, Barcelona.
- WALTER, H.; ARNDT-HANSER, A.; BECK, W. (1978). Statistische Untersuchungen an genetischen Polymorphismen des Blutes. I. Geschlechtsunterschiede. Z. Morph. Anthropol., 69: 86-103.
- WALTER, H.; ARNDT-HANSER, A.; BECK, W. (1979). Statistische Untersuchungen an genetischen Polymorphismen des Blutes. II. Regionale Unterschiede. Z. Morph. Anthropol., 70: 41-63.
- WALTER, H.; ARNDT-HANSER, A.; RAFFA, M.A.; GUMBEL, B. (1975). On the distribution of some genetic markers in Libya. Humangenetik, 27: 129-136.
- WALTER, H.; BAJATZADEH, M.; KELLERMANN, G.; MATZNETTER, T. (1970). Associations between leprosy and serum protein groups. Hum. Genet., 10: 298-303.
- WALTER, H.; BRACHTEL, R.; ECKES, L.; HILLING, M. (1977). Psoriasis vulgaris and genetic markers. Hum. Genet., 37: 169-181.
- WALTER, H.; BRACHTEL, R.; HILLING, M. (1977). Esterase D phenotypes in Psoriasis vulgaris, atopic diseases and healthy controls. Hum. Hered., 27: 377-380.
- WALTER, H.; PAHL, K.P.; HILLING, M.; VEERRAJU, P.; GOUD, J.D.; NAIDU, J.M.; BABU, M.S.; KISHAN, G.J. (1981). Genetic markers in eight endogamous population groups from Andhra Pradesh (South India). Z. Morph. Anthropol., 72: 325-338.
- WALTER, H.; STRÖDMANN, H.; HILLING, M.; SINGH, I.P.; BHASIN, M.K.; VEERRAJU, P. (1981). Transferrin subtypes in six Indian population samples. Hum. Hered., 31: 152-155.
- WATKINS, W.M. (1980). Biochemistry and genetics of the ABO, Lewis and P blood group systems. En H. HARRIS K. HIRSCHHORN (eds.), Advances in Human Genetics. Vol. 10, Plenum Press, New York.
- WEBB, D.; HYDE, R.W.; SCHWARTZ, R.H.; HALL, W.J.; CONDEMI, J.J.; TOWNES, P.L. (1973). Serum alpha-1-antitrypsin variants. Prevalence and clinical spirometry. Am. Rev.

resp. Dis., 108: 918-925. (Cit. Hoffmann y Broek, 1976).

WEIDINGER, S.; CLEVE, H.; PATUTSCHNICK, W. (1982). Alpha-1-antitrypsin: evidence for a four Pi^M allele. Distribution of the Pi^M subtypes in Southern Germany. Z. Rechtsmed., 88: 203-211.

WEIDINGER, S.; CLEVE, H.; SCHWARZFISCHER, F.; POSTEL, W.; WESER, J.; GÖRG, A. (1984). Transferrin subtypes and variants in Germany; further evidence for a Tf null allele. Hum. Genet., 66: 356-360.

WEINBERG, E.D. (1974). Iron and susceptibility to infection disease. Science, 184: 952-956.

WEISSMANN, J. (1983). Populationsgenetik der Enzym polymorphismen ACP, ADA, AK, EsD, GLO I, GPT und PGM₁ bei Bantus Xhosa und Europiden aus Südafrika. Z. Morph. Anthrop., 74: 39-44.

WEISSMANN, J.; REUTER, W. (1982). Serummerkmale in Portugal: C3, Gc, Hp und Tf. Anthrop. Anz., 40: 133-136.

WEISSMANN, J.; VOLLMER, M.; PRIBILLA, O. (1980). Populationsgenetische Studie in Portugal ADA- und SoD-Polymorphismus. Nachweis der Phänotypen ADA 5-1 und ADA 5-2. Ärztl. Lab., 26: 338-340.

WEITKAMP, L.R.; NEEL, J.V. (1970). Gene frequencies and microdifferentiation among the Makiritare Indians. III. Nine erythrocyte enzyme systems. Am. J. Hum. Genet., 22: 533-537.

WEITKAMP, L.R.; SING, F.C.; SHREFFLER, D.S.; GUTTORMSON, S.A. (1969). The genetic linkage relation of adenylate kinase: further data on the ABO-AK linkage group. Am. J. Hum. Genet., 21: 600-605.

WELCH, S.G.; LEE, J. (1974). The population distribution of genetic variants of human esterase D. Humangenetik, 24: 329-331.

WELCH, Q.B.; SHU, L.C.; THANGAVELU, S.; LIE-INJO, E.L. (1978). Adenosine deaminase among the Semai, Temuan, Semelai, and Jakun groups of west Malaysian Orang Asli. Hum. Hered., 28: 62-65.

WIEDERMANN, D.; CIDL, K.; KUBICKOVA, B.; DOKLADAL, M. (1974). Untersuchungen zur Häufigkeitsverteilung der Hp- und Gc-Serumgruppen bei Zigeuern aus Mähren (Tschechoslowakei). Anthrop. Anz., 34: 225-230.

WIENER, A.S.; PETERS, M.R. (1940). Hemolytic reactions following transfusions of blood of the homologous group, with three cases in which the same agglutinin was reposable. Am. Int. Med., 13: 2306-2322. (Cit. Race y Sanger, 1975).

WILLE, B.; BENDER, K.; WOLF, U.; RITTER, H. (1968). Zur Populationsgenetik der sauren Phosphatase der Erythrocyten: Phänotypen und Allelhäufigkeiten in Südwestdeutschland. Hum. Genet., 5: 274-277.

WOOLLEY, V.; GILL, P.S.; SUNDERLAND, E. (1983). Blood groups, haptoglobins and red cell isoenzymes of the Jat Sikhs of Ludhiana District, Punjab, India. Hum. Hered., 33:

- WORKMAN, P.L.; LUCARELLI, P.; AGOSTINO, R.; SCAABINO, R.; SCACCHI, R.; CARAPPELLA, E.; PALMARINO, R.; BOTTINI, E. (1975). Genetic differentiation among Sardinia villages. *Am. J. phys. Anthrop.*, 43: 165-176.
- WRIGHT, S. (1978). *Evolution and the Genetics of populations, Vol. 4. Variability within and among Natural populations.* Univers. Chicago Press, Chicago.
- WÜST, H. (1971). The red cell adenosine deaminase (ADA) polymorphism in Vienna. *Vox Sang.*, 20: 267-270.
- WÜST, H. (1971). Further studies on the adenosine deaminase (ADA) polymorphism in Austria. *Vox Sang.*, 21: 443-446.
- YIP, M.Y.; DHALIWAL, S.S.; YONG, H.S. (1979). Some enzyme polymorphisms in Malaysian mothers and their newborn. *Hum. Hered.*, 29: 5-9.
- YUASA, I.; SUENAGA, K.; GOTOH, Y.; ITO, K.; NOKOYAMA, N.; OKADA, K. (1984). Pi(alpha-1-antitrypsin) polymorphism in the Japanese: confirmation of Pi^{M4} and description of new Pi variants. *Hum. Genet.*, 67: 209-212.

