

IV REUNION ANUAL DE LA SOCIEDAD DE GENETICA DE CHILE

Octubre 2, 3, 4 de 1978

Valdivia, Chile

RESUMENES DE COMUNICACIONES

Evidencias de relajación de la selección natural por diferencias de mortalidad en la especie humana.

CRUZ-COKE, R. (Departamento de Medicina, Facultad de Medicina Norte, Universidad de Chile).

Los cambios sociales que sufre la especie humana pueden afectar la acción de la selección natural por diferencias de mortalidad perinatales. En la especie humana hay un exceso de muertes prenatales de varones que puede explicarse por mutantes recesivos en cromosoma X en los varones contra los cuales opera la selección natural.

Se han estudiado datos demográficos en Chile, Estados Unidos, Inglaterra y Francia relacionados con natalidad, mortinatalidad y proporciones de sexos durante el período 1960-1975. Aplicando el modelo de Haldane del equilibrio mutación-selección ligado al sexo, se ha estimado el grado de relajación de la selección natural por diferencias de mortalidad prenatales contra los varones.

Los resultados revelan una correlación entre la caída de las tasas de natalidad y la disminución de la proporción de varones en los mortinatos, hasta alcanzar la inversión en Chile y Inglaterra. La estimación de relajación de la selección natural revela en Chile e Inglaterra una completa relajación y en Francia y Estados Unidos, una caída parcial. En Chile se aprecia además un aumento significativo de las malformaciones del Tubo Neural, asociados a diferencias de sexo y que están altamente correlacionadas en la caída de la proporción de varones.

Se concluye que la presión de cambios sociales a través del control de natalidad, afectan el proceso de microevolución de la especie humana dentro de una misma generación. Por tanto, el teórico y lento proceso evolutivo puede ser acelerado en determinados parámetros puntuales.

Coevolución entre dípteros fitófagos (Familia Tephritidae) y sus plantas huéspedes. (Coevolution among dipterous phytophagous (Tephritidae Family) and their plants hosts)

FRIAS D. (Depto. Biología Celular y Genética, Fac. Medicina Norte, U. de Chile).

La evolución de dos o más taxones estrechamente relacionados ecológicamente, que no intercambian genes y entre los cuales operan presiones recíprocas de selección, dependería parcialmente de la evolución del otro (Coevolución), (Ehrlich y Raven 1964). Las especies de los Géneros *Rhagoletis*, *Trypanea* y *Acinia* (Tephritidae) son dípteros que viven asociados a plantas. El objetivo de este estudio es in-

vestigar si existe coevolución entre estos dípteros fitófagos y sus plantas huéspedes.

En la Zona Central de Chile, en varias especies de los Géneros mencionados se estudiaron: especificidad de hábitats, abundancia estacional, adaptaciones a sus respectivos huéspedes, caracteres de importancia taxonómica y cariotipos.

Rhagoletis ochraspis (Wiedemann) es una especie polimórfica que vive asociada a especies del Género *Solanum* (Fam. Solanaceae). Las especies de los Géneros *Trypanea* y *Acinia* se asocian a plantas de la Familia Compositae. Las larvas de todos estos dípteros se alimentan de los frutos y/o semillas de sus huéspedes. En cada especie se encontró adaptaciones morfológicas y fisiológicas que favorecen la asociación con sus hospederos. Los estudios de abundancia estacional de adultos y estados inmaduros revelaron que los ciclos vitales están adaptados al ciclo biológico anual de sus respectivas plantas huéspedes. Todas las especies estudiadas tienen $2n = 12$ cromosomas, sin embargo, se detectaron diferencias en la morfología cromosómica y mecanismos de determinación del sexo.

Los estudios citogenéticos y taxonómicos revelan que los Géneros *Trypanea* y *Acinia* están estrechamente emparentados y se asocian a plantas congénéricas. Por el contrario, *Rhagoletis ochraspis* está más distanciada tanto filogenética como ecológicamente. Esta correlación entre la distancia filogenética de estos dípteros y distancia ecológica y además las adaptaciones encontradas, sugieren que podrían ser producto de un proceso coevolutivo entre estos dípteros fitófagos y sus plantas huéspedes. (Financiado por Proyecto 4147-N, Universidad de Chile y PNUD/UNESCO RLA 76/006).

Diferencias genéticas en la forma y tamaño de las estructuras maxilofaciales

PALOMINO HERNAN (Depto. de Biología Celular y Genética, Facultad Medicina Norte, Universidad de Chile).

Las características morfológicas dentarias, de alta determinación genética, han sido herramienta útil en estudios filogenéticos y ontogenéticos, debido que los dientes son muy durables y a que no cambian en su forma y tamaño en el tiempo. Las estructuras óseas y arcos dentarios, han sido también aunque en menor grado, objeto de estudios interpopulacionales. La contribución genética a estas características es más difícil de calorar.

Las estructuras maxilofaciales pueden ser definidas como tres sistemas: dentario, óseo y de los arcos dentarios, que interactúan estableciendo en el individuo un conjunto armónico y con valores estándares para la población en estudio.

Estos valores permiten por una parte establecer comparaciones filogenéticas a varios niveles de diferenciación poblacional observándose que estas estructuras pueden ser indicadores útiles de distancia biológica.

Por otra parte interesa analizar el grado de correlación entre estos tres sistemas y ponderar el impacto de la miscigenación como posible causante de desarmonías con el consiguiente aumento de maloclusiones (Financiado en parte por Proyecto 492-783 S.D.U.C.I. Universidad de Chile).

La respuesta conductual de *Drosophila pavana* a señales de reconocimiento. (The Behavioural response of the *Drosophila pavana* to recognition signals)

GODOY-HERRERA, R. (Departamento de Biología Celular y Genética, Fac. Medicina Norte, Universidad de Chile).

Observaciones de campo indican que congéneres de varias especies de los géneros *Drosophila* y *Scaptomyza* tienden a agregarse cuando coexisten en algunos frutos sobremaduros o fermentados. El presente trabajo fue desarrollado para estudiar si esta tendencia a reunirse resulta por la emisión y recepción de señales de los adultos de *D. pavana*.

Un matraz de vidrio consta de 8 salidas equidistantes cada una continuada en un tubo de vidrio en forma de Y. Cada extremo de estos tubos está unido a una celdilla, pero un trozo de gaza las separa del aparato. Ocho celdillas de un mismo lado contenían cada una 25 machos o hembras, normales o mutantes para el tamaño del ala, ocho celdillas del lado opuesto estaban vacías y 100 machos o hembras normales eran introducidos por el matraz. En otra serie experimental, 8 celdillas contenían cada una 25 hembras normales o mutadas, 8 celdillas del lado opuesto contenían cada una 25 machos normales o mutados y 100 machos o hembras eran introducidas al matraz. En cada experimento se anotaba después de 12 horas el número y distribución de los adultos en los tubos en Y.

Los resultados muestran que los congéneres: a) emiten y perciben señales a distancia, b) aumentan su vagilidad cuando reciben señales masculinas, pero las hembras no responden a señales femeninas, c) van hacia los machos cuando eligen entre ambos sexos y d) se distribuyen al azar cuando eligen entre individuos normales o mutantes para el tamaño del ala.

En resumen, existen factores intrínsecos que contribuyen a agregar a los congéneres de una manera parecida a la observada en la naturaleza. Los resultados sugieren también que hay dimorfismo sexual para esta respuesta conductual y que el mecanismo de comunicación pareciera no ser por sonido. (Financiado por PNUD/UNESCO RLA 76/006 y por Proyecto 4147-N, Universidad de Chile).

Conservatismo cromosómico en *Akodon* (Rodentia, Cricetidae) del sur de Chile. (Chromosomal conservatism in *Akodon* (Rodentia, Cricetidae) in southern Chile)

GALLARDO, M. (Instituto de Ecología y Evolución. Universidad Austral de Chile. Casilla 57-D, Valdivia).

La información extractable del cariotipo es limitada cuando se comparan especies emparentadas que comparten el mismo 2N y NF. Tal es el caso de las especies simpátricas de cricétidos *Akodon olivaceus brachiotis*, *A. longipilis* y *A. sanborni* (2N = 52, NF = 60). A fin de conocer los patrones de bandas cromosómicas y apreciar sus diferencias, estas especies de aparente igualdad cariotípica se analizaron por las técnicas de bandeado G y C.

Se procesaron 13 ejemplares de *A. olivaceus brachiotis*, 6 de *A. longipilis* y 3 de *A. sanborni* procedentes de Valdivia

y Osorno. Se confeccionó al menos 10 cariotipos de cada animal. Las bandas G y C se obtuvieron por las técnicas de Chiarrelli y Schnedle, respectivamente, con pequeñas modificaciones.

El cariotipo consta de 22 pares de autosomas acrocéntricos y 3 pares submetacéntricos. El X es subtelocéntrico, el Y es acrocéntrico. Estas especies comparten el mismo patrón de heterocromatina constitutiva, la que es escasa y de distribución centromérica. Los patrones de bandas G son sorprendentemente iguales, correspondencia que involucra a todo el complemento. Bianchi *et al.* (1976) han descrito un conservatismo cromosómico en *A. azarae*, *A. molinae* y *A. obscurus* de Argentina y que comprende un tercio del cariotipo. Sin embargo, los cromosomas sexuales son notablemente diferentes en bandas a pesar de presentar la misma morfología. El caso de las especies aquí analizadas es aún más extremo ya que no se han detectado diferencias en tales patrones. La concordancia distribucional de bandas en estas 3 especies, aumenta la probabilidad de homología entre ellas. Esto indicaría que en este caso la evolución cromosómica ha sido conservativa en términos de retención del material genético contrastando con la notoria diferenciación morfológica alcanzada por estas entidades.

Diversidad de los cariotipos de las lagartijas del género *Liolaemus* (Iguanidae) de la zona Central de Chile. (Caryotypic diversity of lizards genus *Liolaemus* from Central Chile)

NAVARRO, J., VELOSO, A., VALENCIA, J., SALLABERRY, M. (Depto. Biol. Cel. y Genética. Fac. de Medicina y Depto. de Biol. Fac. de Ciencias. Universidad de Chile).

La citotaxonomía en *Liolaemus*, que comprende alrededor de 34 especies, principales representantes de las comunidades herpetológicas de la región temperada es escasa. Se conocen los cariotipos de *L. cyanogaster*, *L. pictus* y *L. lutzae*, cuyo 2n = 34. Entre los paralelos 30° y 36° Lat. S y una gradiente altitudinal (0 a 3.500 m) se distribuyen 13 especies, cuyas relaciones taxonómicas están basadas en caracteres de la morfología externa. Las diferencias encontradas al comparar ejemplares de las localidades tipo con los de otras localidades sugiere formas locales con el status de subespecies. Para contar con evidencia taxonómica sólida y poner de manifiesto posibles relaciones filogenéticas, incorporamos como criterio de diagnóstico la evidencia cromosómica. Como resultado parcial de la revisión cromosómica del género, informamos de las características cariotípicas de 8 especies.

En los cariotipos distinguimos macro (M) y microcromosomas (m). No se detectaron diferencias sexuales. Los M son principalmente bibraceados. Algunas especies además presentan cromosomas telocéntricos. *L. platei* y *L. nigromaculatus* tienen un número significativo de M. telocéntricos. Todos los cariotipos presentan una contricción secundaria en ambos homólogos del par 1 ó 2 de M, siendo estos similares en morfología. Su longitud relativa en todas las especies oscila entre 14-18% del set haploide. La variación de los cariotipos se observa en los restantes M, que difieren en morfología, tamaño y/o en el número de m. La disminución de tamaño en los pares cromosómicos ordenados de mayor a menor es gradual excepto en *L. platei* y *L. nigromaculatus*. El número modal de este conjunto de especies es 2n = 30 y corresponde a *L. nitidus*, *L. leopardinus*, *L. nigroviridis* y *L. lemniscatus*; *L. altissimus* y *L. chilensis* 2n = 32; *L. nigromaculatus* 2n = 38 y *L. platei* 2n = 40.

La variación cariotípica de este grupo de especies permite discutir posibles tendencias evolutivas, las que son

examinadas en conjunto con aspectos de su distribución geográfica. (Financiado por: Proy. B206-84, Prog. Mult. Nac. Genética OEA y UNEP-MAB-UNESCO 1105-77-01).

Importancia de la matemática de los encuentros cromosómicos. (The importance of chromosome meeting mathematics)

VALENZUELA, C.Y. (Departamento de Biología Celular y Genética. Facultad de Medicina. Universidad de Chile).

Hasta hoy, el número esperado de roturas cromosómicas ha sido calculado presumiendo una relación de proporcionalidad directa entre este número y el largo de la región del cariotipo bajo estudio. Esta presunción no toma en cuenta el tipo de rearrreglo cromosómico en donde las roturas cromosómicas están involucradas. Si se trata de un rearrreglo que involucra una sola rotura, la presunción puede aplicarse directamente, pero si se trata de dos o más roturas es necesario complicar el modelo. La distribución de rearrreglos con una sola rotura es descrita por el polinomio $(A_1 + A_2 + \dots + A_n)$ donde A_i es el número de uniones internucleótidas del i -ésimo cromosoma. En cambio, rearrreglos con dos roturas cromosómicas, como es el caso de las translocaciones e inversiones, son descritos por $(A_1 + A_2 + \dots + A_n)^2$. La necesidad de complicar el modelo surge porque en rearrreglos con más roturas cromosómicas ha sucedido obligatoriamente un encuentro entre varias uniones internucleótidas y este evento cambia el universo de posibilidades de rearrreglos cromosómicos.

Similitud cromosómica: Un nuevo método cuantitativo de descripción y comparación (Chromosomal similarity: a new quantitative method of description and comparison)

SPOTORNO, A., FERNANDEZ-DONOSO, R. y PINCHEIRA, J. (Depto. Biología Celular y Genética, Fac. de Medicina, U. de Chile).

La estimación y comparación de similitudes y divergencias genéticas entre organismos requiere no sólo de la descripción de variación sino de su transformación a variables operacionales cuantificables. La variación cariotípica actualmente se describe cualitativamente (cariotipo, idiograma) o utilizando cuantificadores operacionales inadecuados (arm-ratio, índice de simetría, índice centromérico) o mal definidos (simetría). Presentamos una nueva y simple forma de describir y comparar cuantitativamente cariotipos no bandeados de especies relacionadas.

Utilizamos un gráfico que dispersa valores promedios y acepta estadísticos de dispersión (v. gr. intervalos de confianza) para mediciones de brazos largos y cortos de cada cromosoma, ya sea con valores absolutos, estandarizados (% del set haploide más el X) o corregidos (usando cromosomas marcadores). Tal gráfico o "cario-idiograma" distribuye adecuadamente las variables tamaño y posición del centrómero, lo que se demostrará usando datos de cuatro especies de marsupiales neotropicales. Permite además estimar la reversión y su opuesto, la presencia de cromosomas marcadores.

Se detecta similitud morfológica para cinco pares de cromosomas entre *Marmosa elegans* y *Dromiciops australis* y diferencias con *Marmosa fuscata* y *Caluromys derbianus*. Los resultados en las especies chilenas están corroborados por análisis de bandas G. La actual base de datos en este grupo no permite realizar análisis cladístico. (Financiado por Proyecto Especial de Citogenética, OEA-Chile).

Hexoquinasas de cepas silvestres y mutantes morfológicas de *Neurospora crassa*. (Hexokinases of wild type and morphological mutant strains of *Neurospora crassa*)

LAGOS, R. y URETA, T. (Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile).

Las hexoquinasas (ATP: D-hexosa 6-fosfotransferasa, E.C. 2.7.1.1.) de vertebrados han sido ampliamente estudiadas, en cambio las de microorganismos son bastante desconocidas, con excepción de las de *Sacharomyces cerevisiae*. Esto nos llevó a estudiar el número y propiedades de las hexoquinasas en cepa silvestre y mutantes morfológicos de *Neurospora crassa*.

Neurospora crassa fue cultivada inoculando conidios, en medio mínimo líquido 2% sacarosa. Las isoenzimas fueron separadas por cromatografía en DEAE-celulosa. La actividad fosforilante de glucosa se midió espectrofotométricamente acoplando la reacción al sistema glucosa-6-fosfatodeshidrogenasa-NADP.

Se detectaron cuatro isoenzimas denominadas α , β , γ y δ que presentan amplia especificidad de sustrato y peso molecular de 95.000.

El nivel total de las hexoquinasas aumenta en la fase temprana de crecimiento para disminuir levemente en el período de madurez del crecimiento hifal. Conjuntamente con estos cambios, hay variaciones en las proporciones relativas de las isoenzimas.

En las mutantes morfológicas col-16 y crisp-1 se observaron cambios cuantitativos en las proporciones relativas de la isoenzimas con respecto a la cepa silvestre; y cambios cualitativos en las mutantes dapple y dingy, las cuales sólo presentan las isoenzimas β y γ .

Al añadir sorbosa (agente paramorfológeno) al medio en que se cultivó la cepa silvestre, se observaron cambios de tipo cuantitativo en el perfil isoenzimático de hexoquinasa.

Las hexoquinasas γ y δ de *Neurospora crassa* presentan reacción inmunológica cruzada parcial con anti-hexoquinasa P I y anti-hexoquinasa P II de *Sacharomyces cerevisiae*.

Composición química de la pared celular de *Neurospora crassa* y su rol en la morfogénesis del crecimiento

CARDEMIL, L., PINCHEIRA, G. (Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Santiago).

Neurospora crassa, cepa silvestre, muestran un crecimiento rápido y de forma lineal debido a la presencia de hifas con pocas ramificaciones. En oposición, hay mutantes que presentan un crecimiento restringido con hifas cortas que poseen muchas ramificaciones, lo que da un fenotipo de crecimiento colonial.

En trabajos anteriores, se ha atribuido a la pared celular un rol en la morfogénesis de las hifas: enzimas glicolíticas, que digieren la pared, pueden inducir crecimiento colonial en la cepa silvestre.

Nosotros hemos analizado la Fracción 1 de la pared celular de la cepa silvestre y la hemos comparado con la Fracción 1 de 3 cepas coloniales: Scumbo 49, Peak 2^a y Ragged 296, que presenta un crecimiento restringido decreciente de Scumbo a Ragged. Resultados de análisis de los componentes de azúcares por cromatografía de gases (alditol acetatos) fue comunicado el año anterior y concluimos que tal fracción 1 está constituida de 3 azúcares fundamentales glucosa, manosa y falactosa, además de hexosaminas y ácidos urónicos.

En la cepa silvestre glucosa es el componente principal pero en las mutantes manosa y galactosa aumenta considerablemente.

Análisis de metilación que permite identificar los enlaces glicosídicos que unen los azúcares entre sí, demuestran que en la cepa silvestre predomina una porción de β (1 \rightarrow 3)-glucan pero que en las mutantes coloniales existe también una porción de manan ramificado con uniones glicosídicas 2,6 y cuyas ramas son posiblemente.

Estos resultados se discuten en razón a la morfogénesis de crecimiento.

Caracterización de un nuevo sistema de colifagos asociados

GARCIA-QUINTANA, H.G.; M. POLETTE; O. GARRIDO; S. HEIN (Institutos de Microbiología, Embriología y Bioquímica. Facultad de Ciencias. Universidad Austral de Chile. Valdivia).

La capacidad lítica o lisogénica de los virus bacterianos está controlada positiva y/o negativamente por genes preoces del cromosoma fágico, tanto como por la funcionalidad de la célula huésped en el momento de la infección. La expresión de una u otra respuesta, se refleja en el tipo de placa de lisis que el bacteriófago desarrolla sobre tapices de cepas sensibles: los fagos virulentos hacen placas claras, en tanto que los virus temperados hacen placas de lisis más o menos turbias, dependiendo de la frecuencia de la lisogenización. Por mutagénesis se ha logrado inducir y luego seleccionar mutantes cuyo comportamiento recíproco está alterado. Desde un punto de vista práctico, los virus temperados representan un material ventajoso para el análisis de los mutantes letales condicionales. Es por ello que la pesquisa de nuevos fagos temperados que, de algún modo, se diferencien de los tradicionales cánones morfológicos o fisiológicos, es un incentivo para la investigación.

En el nuevo sistema viral —que hemos descubierto en nuestro Instituto—, hemos probado inducir mutaciones recurriendo a la acción de los agentes más comúnmente usados como: irradiación U.V., shock térmico o incubación con nitrosoguanidina o acridinas.

Los resultados obtenidos permiten especular sobre: a) el mecanismo de inyección del ácido nucleico, que sería semejante al de lambda; b) el tipo de ácido nucleico correspondería a DNA; c) la configuración compacta del virión, la cual hemos demostrado por microscopía electrónica, que corresponde a dos tipos: uno icosaédrico complejo y otro esférico provisto de proyecciones; d) la necesidad de colaboración para disminuir los porcentajes de lisogenización, incrementando así la productividad de unidades formadoras de placas por célula.

Estas evidencias llevan a pensar en un sistema de virus asociados para lograr la máxima infectividad. (Proyecto RS-77-33. Dirección de Investigación UACH).

Escala de tiempo en la Biología de una Población Animal I, simulación con tiempos breves

RAUL L. BERRIOS (Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile).

Tres escalas de tiempo han suscitado mi interés en el estudio de la Biología de las poblaciones de Anchoqueta (*Engraulis*). Una, de 20 años con las fluctuaciones de abundancia de *E. ringens* (Jesyns), en Chile, otra de 2 mil años con las fluctuaciones de *E. mordax* (Girard) en California y una tercera, de

12 millones de años con la permanencia de *E. mordax* en California. Son las fluctuaciones de abundancia en diferentes escalas de tiempo, consecuencia de un mismo proceso en la dinámica de estas poblaciones.

Para dilucidar esta pregunta he realizado simulaciones de la dinámica de estas poblaciones para las dos primeras escalas de tiempo, con los componentes de un régimen demográfico estimado para las actuales poblaciones de *E. ringens*.

Los resultados muestran que no hay diferencias importantes entre las dos primeras escalas de tiempo.

Es muy probable que con la tercera escala de tiempo haya una situación diferente, este régimen demográfico, resultante de por lo menos 12 millones de años de evolución en un ambiente de grano grueso para la cronología interna de *Engraulis*.

Consanguinidad, natalidad y mortalidad infantil en una población de Valparaíso

LAZO, B., ZAMBRA, E., CAMPUSANO, C. y FIGUEROA, H. (Depto. de Biología, Universidad de Chile, Valparaíso).

En términos de carga génica, la probabilidad de homocigosis deletéreas es mayor en los hijos de matrimonios consanguíneos. Por lo tanto, puede esperarse una mayor mortalidad en la descendencia de tales uniones. En el presente trabajo se analizan la natalidad y la mortalidad infantil en matrimonios consanguíneos y no consanguíneos. El estudio se refiere a una población rural de la V Región durante el período de 1835-1844.

Los datos se obtuvieron en la parroquia de Puchuncaví. De los registros matrimoniales se confeccionaron fichas de todos los matrimonios consanguíneos y no consanguíneos. De los libros de bautismos se recopilaron todos los hijos inscriptos durante veinte años a contar de la fecha del matrimonio de los padres. De los libros de defunciones se obtuvo la mortalidad ocurrida durante el primer año de vida; también se pesquió la defunción de los padres.

El índice promedio de endocruzamiento obtenido de los padres es 0,00657 y el referido únicamente a los consanguíneos es 0,02614. La natalidad de los consanguíneos es más alta pero también lo es la mortalidad infantil. Además, el sex-ratio está desviado en favor del sexo femenino. La mayor natalidad en los consanguíneos podría atribuirse al menos a tres factores: Primero, menor promedio de edad al casarse. Segundo, reproducción compensatoria. Tercero, socioeconómicas.

Consanguinidad en una población rural de Valparaíso, 1909-1944

ZAMBRA, E., LAZO, B. y CAMPUSANO, C. (Depto. de Biología, Universidad de Chile, Valparaíso).

En el conocimiento de la estructura genética de la población, la consanguinidad es de gran importancia, pues es uno de los factores que modifica la frecuencia de los genes en ella; además de darnos un índice estimativo del grado de endogamia de la población.

Por el otro lado, el interés biológico por el estudio de la migración radica en que ésta significa, en último término, difusión de genes y puede ser utilizada para determinar el grado de exogamia de una población.

Por último, la distribución por edad al casarse es un indicador de una mayor o menor probabilidad de dejar descendencia.

En el presente estudio se analizó el comportamiento migratorio y de la edad al casarse con la consanguinidad.

Los datos fueron obtenidos de fuentes civiles y eclesiásticas. Como patrón comparativo se obtuvo al azar una muestra de matrimonios no consanguíneos considerando en ellos las mismas variables y tamaño que la de los consanguíneos.

Las distancias migracionales fueron calculadas en km. y se consideró inmigrante a aquel individuo nacido fuera del área parroquial.

En cuanto a la edad al casarse éstas se clasificaron en intervalos de cinco años: 15-19, el primero y 45 o más el último.

Se observó que bajo el período en estudio la frecuencia de matrimonios consanguíneos disminuye desde 20,38% hasta 7,7%. Los hombres consanguíneos se casan más precozmente que los no consanguíneos y las mujeres no consanguíneas se casan más precozmente que las consanguíneas. Además se observa que al aumentar la frecuencia de inmigrantes disminuye el coeficiente de inbreeding.

