



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA
DE MÉXICO

FACULTAD DE CIENCIAS

"ANÁLISIS DE LAS FRECUENCIAS DEL DNA MITOCONDRIAL, UN
ACERCAMIENTO A LA HISTORIA BIOLÓGICA DE LOS LACANDONES"

T E S I S

QUE PARA OBTENER EL TÍTULO DE:

BIÓLOGA

P R E S E N T A :

MIRSA ERÉNDIRA AGUIRRE LARA



TUTOR
DR. ALFONSO TORRE BLANCO

2007



Universidad Nacional
Autónoma de México

Dirección General de Bibliotecas de la UNAM

Biblioteca Central



UNAM – Dirección General de Bibliotecas
Tesis Digitales
Restricciones de uso

DERECHOS RESERVADOS ©
PROHIBIDA SU REPRODUCCIÓN TOTAL O PARCIAL

Todo el material contenido en esta tesis esta protegido por la Ley Federal del Derecho de Autor (LFDA) de los Estados Unidos Mexicanos (México).

El uso de imágenes, fragmentos de videos, y demás material que sea objeto de protección de los derechos de autor, será exclusivamente para fines educativos e informativos y deberá citar la fuente donde la obtuvo mencionando el autor o autores. Cualquier uso distinto como el lucro, reproducción, edición o modificación, será perseguido y sancionado por el respectivo titular de los Derechos de Autor.

FACULTAD DE CIENCIAS

División de Estudios Profesionales



UNIVERSIDAD NACIONAL
AUTÓNOMA DE
MÉXICO

ACT. MAURICIO AGUILAR GONZÁLEZ
Jefe de la División de Estudios Profesionales
Facultad de Ciencias
P r e s e n t e .

Por este medio hacemos de su conocimiento que hemos revisado el trabajo escrito titulado:

"Análisis de las frecuencias de los linajes mitocondriales, un acercamiento a la historia biológica de los lacandones"

realizado por **Aguirre Lara Mirsa Eréndira**, con número de cuenta **095118963** quien opta por titularse en la opción de **Tesis** en la licenciatura en **Biología**. Dicho trabajo cuenta con nuestro voto aprobatorio.

Propietario	Dr.	Arturo Carlos II Becerra Bracho	
Propietario	M. en Antrop.	Esteban Ordiano Hernández	
Tutor(a) Propietario	Dr.	Alfonso Miguel Torre Blanco	
Suplente	Dra.	Angélica González Oliver	
Suplente	M. en C.	María Isabel de la Cruz Laina	

Atentamente
"POR MI RAZA HABLARÁ EL ESPÍRITU"
Ciudad Universitaria, D. F., a 6 de septiembre del 2007
EL COORDINADOR DE LA UNIDAD DE ENSEÑANZA DE BIOLOGÍA

DR. ZENÓN CANO SANTANA

FACULTAD DE CIENCIAS



UNIDAD DE ENSEÑANZA
DE BIOLOGÍA

Señor sinodal: antes de firmar este documento, solicite al estudiante que le muestre la versión digital de su trabajo y verifique que la misma incluya todas las observaciones y correcciones que usted hizo sobre el mismo.

*Esta investigación está dedicada
Al orgulloso pueblo de los Hach Winik...*

*“Los universitarios de hoy decimos:
la verdad se va definiendo buscadla”*

Justo Sierra

AGRADECIMIENTOS

A la Universidad Nacional Autónoma de México y a la Escuela Nacional de Antropología e Historia, a mis profesores y compañeros de la UNAM y de la ENAH quienes me brindaron la posibilidad de mirar a la biología con sensibilidad antropológica.

Al Dr. Alfonso Torre Blanco, quien apoyó esta inquietud desde el boceto de la investigación.

Al Antropólogo Físico Cesar Rivera, quien me acompañó a la selva y me ayudó en la toma de muestras.

Un agradecimiento muy especial merece la Secretaría de Pueblos Indios y sobre todo los miembros de las comunidades de Nahá y Metzabok, por su amabilidad, calidez para con mi persona y su entusiasmo para con este proyecto.

Debo también mencionar que esta tesis en principio buscó analizar la estructura genética de la etnia completa, por lo que también muestreé y obtuve el DNA de 74 individuos de las comunidades lacandonas del Sur, Lacanjá Chansayab y Bethel. Estos datos no fueron incluidos en esta tesis, sin embargo, quiero aprovechar este trabajo para agradecer a estas comunidades y a los individuos donantes su apoyo, hospitalidad, afecto e interés en el proyecto. En esta colecta mi madre Ma. Isabel Lara Montoya tuvo un papel primordial, ya que ella, con su compañía y apoyo fue mi “puerta de entrada” a la comunidad, una comunidad cerrada generalmente a los constantes estudiosos de la etnia.

Por supuesto, a mi padre, Eduardo Aguirre Gómez agradezco las clases de lógica y español para la elaboración de esta tesis.

Pero no solo les agradezco a mis padres su apoyo en la realización de este proyecto, también su amor incondicional y generosidad.

Por sus observaciones, comentarios y sugerencias para enriquecer esta investigación agradezco muy especialmente:

Al Dr. Arturo Becerra Bracho

Al M. en Antropol. Esteban Ordino Hernández

Al Dr. Otto Schumann.

A la Dra. Angélica González Oliver, y a la M. en C. Isabel de La Cruz Laina, quiero agradecer además su inestimable ayuda y apoyo brindado en el laboratorio.

A mis hermanos María Fernanda y Adrián Aguirre Lara
por sus consejos profesionales, amor y cariño.

A Reme, a Jorge y a mis compañeros de laboratorio.

A Fabiola Corella Vázquez, hermanóloga en esto de aprender

A Yuriria Rodríguez Castro, nuestra muy selecta sociedad.

A la beca PAPIIT- IN228306-3 el apoyo para la conclusión de esta tesis.

A todos y cada uno de mis amigos.

ÍNDICE

Prólogo

1.-Resumen.....	1
2.-Introducción.....	2
3.-Antecedentes	6
3.1.-Antecedentes históricos de la población	
3.1.1.-Los lacandones.....	6
3.1.2.-Los actuales lacandones de Nahá y Metzabok.....	10
3.1.2.1.-Aislamiento.....	11
3.1.2.2.- Sistemas de unión.....	12
3.1.2.3.- Organización social y parentesco.....	13
3.2.- Biología humana	
3.2.1.-Estudio de poblaciones pequeñas y aisladas.....	15
3.2.2.-DNA mitocondrial (mtDNA).....	16
3.2.3.-Regiones hipervariables del mtDNA.....	17
3.2.4.-Haplogrupos mitocondriales amerindios.....	18
3.2.4.1.-Sitios específicos del mtDNA que identifican haplogrupos nativos de América.....	20
3.2.4.2.-Distribución de haplogrupos.....	20
3.2.4.3.-Correlación entre la frecuencia de los haplogrupos, proximidad geográfica y la distribución lingüística.....	23
4.-Objetivos.....	25

5.-Justificación.....	26
6.-Material y Métodos.	
6.1.-Material biológico.....	27
6.2.-Prevención de contaminación.....	28
6.3.-Extracción del DNA.....	28
6.4.-Cuantificación del DNA.....	30
6.5.-Amplificación del DNA.....	30
6.6.-Análisis electroforético.....	32
6.7.-Análisis de restricción.....	32
7.-Resultados	
7.1.-Datos obtenidos en campo sobre las relaciones de parentesco, registros de salud y sistemas de unión.....	35
7.1.2.-Albinismo.....	36
7.2.-Colecta.....	36
7.3.-Extracción, cuantificación y amplificación de DNA.....	37
7.4.-Análisis de los productos de PCR y análisis de restricción.....	37
8.-Discusión.....	43
9.-Conclusiones.....	53
Lista de abreviaturas y siglas usadas.....	70
Índice de mapas.....	71
Índice de tablas.....	72
Índice de figuras.....	73
10.-Bibliografía.....	74

PRÓLOGO

La historia de este “extraño tema de tesis para biólogos” es larga y surge de una búsqueda personal, como bióloga y antropóloga pensé en estudiar biológicamente a “un pueblo aislado” aquel que tuviera una incógnita de origen y llegó a mí mente el pueblo Lacandón, del cuál, yo conocía solo los mitos en torno a su aislamiento y no conocía a ningún contacto que facilitara la obtención de muestras o el acercamiento al grupo. Esta investigación comprendía el análisis genético del mtDNA de individuos de todas las comunidades que conforman la etnia, así como de individuos de etnias que hipotéticamente tienen relaciones de parentesco con los lacandones. Con este objetivo realicé colectas en las comunidades lacandonas de México y comunidades Itzaes de Guatemala, conforme a lo establecido por la UNESCO en la Declaración Internacional sobre los Datos Genéticos Humanos y en el marco del respeto a las etnias y su soberanía genética se obtuvo el consentimiento previo, libre e informado de las mismas comunidades para participar en el proyecto de análisis del mtDNA. De estas muestras se obtuvo DNA de 121 individuos y se conservan al resguardo de la UNAM en el laboratorio de Bioquímica de la Facultad de Ciencias.

Se decidió analizar el DNA de los individuos de las poblaciones lacandonas del Norte de Chiapas, Nahá y Metzabok porque son las poblaciones que se conservan más aisladas y las que en un alto porcentaje han conformado mediante migraciones recientes, las demás comunidades lacandonas. Los resultados de este estudio garantizan la identidad y la privacidad de los individuos y conforme a las normas internacionales sobre datos genéticos humanos, UNESCO, ONU, PNUMA~CBD y FAO fueron dados a conocer en forma clara y expresa a las comunidades e individuos participantes.

1. RESUMEN

Se colectaron muestras biológicas de individuos pertenecientes a la etnia lacandona de las comunidades de Naha y Metzabok en el estado de Chiapas, México. Se realizó un listado de sexo y edad de los individuos de cada comunidad y se analizaron las relaciones genéticas entre los miembros de la etnia.

Se describieron las interacciones biológicas entre los individuos de la etnia lacandona y se calculó el coeficiente de consanguinidad promedio de la población con los datos tomados en campo. Se extrajo DNA de cuarenta y siete muestras de saliva, se determinó la pureza de los extractos de DNA y se amplificaron diferentes regiones de mtDNA mediante la técnica de la reacción en cadena de la polimerasa. Los productos amplificados se sometieron a análisis de restricción.

Los análisis de restricción del mtDNA, muestran que 97.8 % de la población conocida como lacandones del Norte pertenece al linaje A y sólo un individuo pertenece al linaje C. Las frecuencias de los linajes mitocondriales de los lacandones se compararon con las de otras poblaciones. Estos resultados apoyados en antecedentes históricos muestran que los lacandones están relacionados con las poblaciones mayas de tierras bajas y no tienen relación directa con poblaciones caribe.

El coeficiente de consanguinidad promedio se estimó en 0.057, este es uno de los más altos índices de endogamia en una población contemporánea.

2. INTRODUCCIÓN

Hasta hace poco, la reconstrucción de la historia biológica, las migraciones y la caracterización de las poblaciones humanas, se basaba en estudios de metodología comparativa donde, características físicas como estatura, compleción, color de piel, ojos, cabello, etc., eran los caracteres principales de comparación para los estudios de evolución humana. Desde 1965 con el trabajo de Zuckerkandl y Pauling se ha demostrado que el estudio de las secuencias de aminoácidos y nucleótidos dan información de eventos de evolución que no son detectables por caracteres fenotípicos. Esta información ha ampliado la comprensión de los procesos evolutivos a los que los seres vivos estamos sujetos. El origen, diversidad, fenómenos demográficos y relaciones filogenéticas de una gran cantidad de organismos procariontes, protistas, hongos, plantas y animales se complementan con base a los datos que arrojan las técnicas moleculares.

En el estudio de los seres humanos la tendencia es la misma, y son cada vez más las secuencias de nucleótidos, que se publican en el GenBank.

Los primeros estudios de genética de poblaciones humanas se basaban en los datos arrojados por polimorfismos de genes nucleares que codifican proteínas. En la década de los ochentas, la aparición de la técnica de amplificación in vitro del DNA, Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR), así como el descubrimiento de marcadores genéticos variables, facilitaron los análisis de la variación genética de poblaciones antiguas y contemporáneas del mundo. Posteriormente aparecieron los microsátélites, los minisátélites, los polimorfismos de la longitud de los fragmentos de restricción (RFLPs), y secuenciación del DNA mitocondrial (mtDNA) y cromosoma Y.

En el estudio de las migraciones humanas y la investigación de la evolución humana, los análisis del mtDNA y del cromosoma Y, son empleados como la principal herramienta para discernir las relaciones de ancestría y descendencia.

El DNA mitocondrial ha sido utilizado en la identificación de relaciones genéticas entre poblaciones nativoamericanas (Bolnick y Smith 2003; Malhi 2001).

En los estudios del poblamiento de América se analizan las poblaciones antiguas y contemporáneas de nativos americanos midiendo la variación del mtDNA con endonucleasas de restricción y secuenciación de las regiones hipervariables I y II (Brandon et al. 2005). Estos estudios revelan que existen variantes específicas del mtDNA para el continente; las variantes son clasificadas como grupos de haplotipos denominados haplogrupos A, B, C, D y X. Casi todos los nativos americanos y descendientes de estos presentan uno de los cinco haplogrupos del mtDNA (Brown et al. 1998, Smith et al. 1999, Malhi et al. 2002).

Los haplogrupos representan linajes maternos y cada linaje se compone de varios haplotipos. Un haplotipo del mtDNA es una combinación única de sitios polimórficos que se heredan conjuntamente; después de un análisis filogenético los haplotipos, se pueden agrupar en haplogrupos (Torroni et al. 1992).

Se ha demostrado por medio del análisis de la distribución de haplotipos del mtDNA y del cromosoma Y, que los haplotipos presentes en los nativoamericanos provienen de linajes asiáticos (Torroni et al. 1994a, Bolnick y Smith 2003 y Hey 2005)

Los fundadores entraron a poblar una gran área deshabitada en un intervalo de tiempo relativamente corto; existen diversas opiniones sobre el tiempo en que entraron las primeras migraciones a América. Por consenso, el poblamiento americano se data entre dos períodos, el temprano, aproximadamente hacia el año 30,000 y el tardío hacia el año 13,000 antes del presente (Torroni et al. 1994a).

Existen pocos estudios sobre la variación genética de las poblaciones mayas antiguas y contemporáneas; los datos genéticos contrastan con la gran cantidad de datos históricos, geográficos y antropológicos existentes. De la cultura maya, la de las grandes ciudades y

fabulosos estilos arquitectónicos, las estelas y dinteles esculpidos, el concepto del cero y notables avances científicos, sólo se ha analizado la diversidad del mtDNA de tres poblaciones: dos de las tierras bajas y una de las tierras altas.¹

Los análisis realizados muestran que las frecuencias de las poblaciones de las tierras bajas son altamente contrastantes con las de la población de las tierras altas (Tabla 1). Sin embargo, son muy pocos los trabajos realizados para establecer un patrón de migración e interacción de los grupos mayas con estos resultados.

Los lacandones actuales son una etnia maya que habla lacandón, lengua clasificada por Kaufman en 1973 en el grupo yucateco de la familia lingüística maya; habitan la Selva Lacandona (Mapa 3) en el estado de Chiapas, clasificada geográficamente como parte de las tierras bajas.

Las frecuencias de las dos poblaciones lacandonas que se analizan en este trabajo, contribuyen a hacer más claro el entendimiento de las poblaciones de tierras bajas. Sin embargo el origen geográfico del grupo no es claro, se ha propuesto que los lacandones actuales son resultado de alguna migración procedente de Yucatán, Campeche o el Petén, otros autores consideran que son descendientes de los antiguos pobladores de la selva lacandona de habla Choltí –lengua del grupo Chol– cuyos miembros, hoy extintos, también eran llamados lacandones (se distingue a los lacandones antiguos de contemporáneos por las denominaciones: lacandones actuales ó etnográficos² y lacandones históricos ó lacandones antiguos u originales). Además existe la idea generalizada de que los lacandones actuales son una pequeña población caribe que migró a la selva lacandona en el S. XVII.

¹ La división del área maya en tierras altas y bajas, se debe a la diferenciación orográfica en la península de Yucatán (Mapa 1 y 2).

² Porque las etnografías que describen a la etnia lacandona se realizaron al grupo que actualmente habita la selva.

Los lacandones actuales se nombran a sí mismos, Hach Winik (hombres verdaderos). El nombre de lacandones les fue asignado por una equivocación histórica, cuando en 1778 el cura de Esquitengo, Fray Ignacio Martínez, los confunde con los legendarios hablantes de Chol, del pueblo Lacam-Tun, víctimas del exterminio un siglo antes; por esta razón nos referiremos a los lacandones etnográficos como Hach Winik para evitar confusiones.

Los Hach Winik, son un grupo indígena que vivió hasta mediados del siglo XX prácticamente sin contacto con la civilización occidental, por lo cual conservó hasta tiempos muy recientes, sus costumbres y creencias mayas antiguas; son una minoría étnica que conserva sus tradiciones, costumbres y patrones culturales con poca aculturación. Actualmente la etnia está casi extinta por el pequeño número de individuos que la conforman, por esto, es primordial el estudio de la variación genética de esta población maya contemporánea.

3. ANTECEDENTES

3.1. ANTECEDENTES HISTÓRICOS DE LA POBLACIÓN

3.1.1. Los lacandones

La Selva Lacandona se encuentra asentada en la parte noreste del estado de Chiapas, y está delimitada al sur y al oriente por la frontera de Guatemala, al norte por el paralelo 17 y al oeste por el río Jataté. (De Vos, 2004). La conquista de la selva lacandona por los españoles fue un proceso largo, se dio en varias épocas y de varias formas.

A su llegada, los españoles identificaron cuatro cabeceras fortificadas en el oriente de Chiapas:

Pochutla: de habla Chol, cerca de la laguna de Ocotol el grande.

Totiltepeque, de habla Chol, a orillas del río Jataté.

Acalá, al sureste de Lacan Tun, de habla Choltí.

Lacan Tún, una ciudad lacustre en la laguna del Lacandón, hoy Miramar. Los habitantes de esa ciudad de lengua Choltí, eran llamados Lacandones.

En 1530 Alfonso Dávila inició una exploración que tenía como fin la dominación de los pueblos en la selva, a partir de este momento los Lacandones de habla chol fueron los protagonistas de una sangrienta historia de insurrección que diezmó paulatinamente su población. Cinco años después, los lacandones eran el único pueblo insumiso ante la expedición en 1535 de Francisco Gil Zapata, cuyo objetivo era la captura de esclavos para su posterior venta en las ciudades de México y Guatemala. Pedro Solórzano en 1542, logró subyugar a los pueblos de Tila, Petlalcingo, Entena y Pochutla.

Más tarde el Fraile Dominicó, Fray Bartolomé de las Casas, que sugería una evangelización sin violencia, cambiando el nombre dado a la selva en 1535 de “Tierra de guerra” por el de “Tierra de la Vera Paz” en 1545, no logró la dominación de los pueblos lacandones. Ello dio inicio a la “Guerra del Lacandón” en 1556, expedición a cargo de Pedro Ramírez de

Quiñones cuya violencia casi acabó con la población de Acalá, además de la reubicación de los Totiltepeques a Ocosingo, y la captura y deportación de 150 presos lacandones a Guatemala, cuyo destino se desconoce.

En 1586 el gobierno colonial destruyó los pueblos que formaban la cabecera lacustre de Lacam-Tun. Los lacandones se habían retirado antes del enfrentamiento al sureste del río Lacantún para establecer un nuevo asentamiento que llamaron Sac-Bahlán. Allí protegieron su libertad y autonomía hasta 1694, año en que el fraile franciscano Antonio Margil de Jesús pidió al presidente de la Audiencia de Guatemala que utilizara la fuerza del brazo secular para someterlos.

Para el año de 1695 Nicolás de Valenzuela relata la organización de tres entradas militares simultáneas a Sac Bahlán que convirtieron el asentamiento en misión religiosa “el Viernes de Dolores de 1695 por las tropas venidas de Huehuetenango”.

Los resultados de las entradas militares de 1556, 1696 y 1697 al territorio lacandón arrojaron datos etnográficos recopilados por Fray Alonso Ponce sobre la comunidad de Lacam-Tun. Los frailes Antonio Margil, Diego de Rivas y el capitán Nicolás de Valenzuela describieron y recopilaron datos etnográficos sobre la comunidad de Sac Bahlán.

En resumen Lacam-Tun, parece haber sido el centro religioso y político de la tribu, era una ciudad compuesta de casas bien construidas, pintadas de blanco y en el centro una plaza dominada probablemente por un templo. En Lacam-Tun y Sac Bahlán parece ser que los sacrificios eran acompañados de quemaduras en el pie izquierdo y mutilación del brazo izquierdo. *“Sus habitantes, como forma de adorno, taladraban sus narices y los labios para colgar pinjacates de chalchihuites³ En las orejas usaban estacas largas y gruesas. En cuanto a su vestimenta los cronistas refieren que los lacandones untaban todo su cuerpo con un tinte negro compuesto de polvo y saliva, después cubrían sus partes con una toalla de corteza o de algodón, que entraba por la horcajadura⁴ y daba vuelta al muslo. Los*

³ Adorno de piedra verde.

⁴ Entre pierna.

cabos quedaban colgando uno adelante y otro atrás. Las mujeres llevaban toallas del mismo material que les cubría el pecho y faldas cortas y angostas con hilos de colores” (Fuentes y Guzmán 1969).

Debido a la información proporcionada por Antonio Margil y Nicolás de Valenzuela sabemos que los lacandones eran monógamos, no les estaba permitido tener más de una mujer.

Otros datos nos dicen que después de las batallas de 1695, 1696 y 1697, los lacandones sobrevivientes murieron a causa de enfermedades traídas por las tropas de ocupación.

Para 1714 el territorio de los antiguos indios de Lacam Tún y Sac-Bahlán estaba abandonado. Fray Francisco Ximénez 1715-1729, relata: *“Y para que se sepa en qué pararon estos indios lacandones después de tanto trabajo, fatigas y gastos, fue que habiéndose mantenido en aquella población de Los Dolores, a donde se juntaron todos los que se hallaron [...] se dispuso por el gobierno superior que los sacasen afuera entre los indios cristianos, y se ejecutó y los poblaron en unas buenas tierras. Pero el demonio, que todo lo enreda, dispuso que los quitasen de allí y los trasladasen [...] al rancho San Román, y no paró en esto sino que de allí los llevaron a Santa Catarina Retalhueu [...] en cuyas traslaciones y trasmigraciones unos se murieron, otros se desparramaron en otros pueblos y otros se volvieron a sus montañas [...] quedando muy pocos de todos ellos que hoy perseveran allí hasta que les dé gana de pasarlos a otra parte, para que acaben de perecer todos”*.

Posteriormente, en un informe escrito en 1778, Fray Ignacio Martínez, Cura de Esquitenango, relata que los lacandones no murieron, sino huyeron de nuevo a la selva. Así explicaba la presencia de los “indios gentiles que vivían hacia el Norte de Esquitenango y que a veces llegaban a Solomá o Comitán para comprar y vender productos”. En este periodo comenzó la confusión sobre el origen de los actuales habitantes de la selva lacandona (De Vos, 1996).

El informe del cura de Esquitenango es el primer documento que llama “lacandones” a los indios que ocuparon el lugar de los desaparecidos habitantes de Sac-Bahlán. Se refiere a un grupo que vivía en la parte sur de la selva lacandona, relativamente cerca de los últimos pueblos cristianos de los llanos de Comitán y de los Ixtatanes en Guatemala. “En 1786 fue detectado otro grupo de esos “indios gentiles”, también llamados “lacandones” vivían en un paraje a ocho leguas de Palenque [...] en un pueblo colonial llamado San José de García Real.”

El obispo de Chiapa, Ambrosio de Llanos, menciona en 1807 “la reducción no resultó; los lacandones retomaron poco a poco sus antiguas costumbres [...]. Después se hizo un silencio sobre ellos” (De Vos 1996).

Las cartas e informes del cura, Manuel José Calderón, documentan la descripción en 1794 de particularidades etnográficas de los habitantes de San José de García Real, la manera de hablar, de vestir y de vivir. Estas singularidades corresponden a las observadas y documentadas etnográficamente para los actuales habitantes de Nahá, Lacanjá y Metzabok y contrastan con las etnografías de Fray Alonso Ponce en 1556 sobre la comunidad de Lacam-Tun y de las realizadas por los frailes Antonio Margil, Diego de Rivas y el capitán Nicolás de Valenzuela, en 1696 y 1697, de los antiguos habitantes de Sac Bahlán. *“Los lacandones (Hach Winik) son una nación o tribu salvaje que se halla situada en una gran porción de terreno desconocido, entre los estados de Yucatán, Chiapas y Republica de Centroamérica. Nada puede decirse con respecto a la mayor parte de ellos, así que me contraeré puramente a los que ví y traté [...] situados al Este y Sureste de dichos partidos⁵ en valles y cañadas de tierra feraz, llana y montañosa, circunvalados de ásperas serranías, unos a orillas del Río grande de Osumasinta y otros a las de Chocolijá, Grande y Chico [...] su vestide consiste en un saco de algodón grueso, con sus filetes azul o encarnado que ellos tiñen, con una abertura en medio que ajustan al cuello y dos agujeros en los costados para meter las manos [...] todos indistintamente llevan este traje diferenciándose del de las mujeres en una manta envuelta y corta que tienen debajo del saco, y un collar de más de*

⁵ Las divisiones políticas del territorio eran llamadas partidos en esta época

cuarenta sartas de abalorio de todos los colores, adornado con conchas, caracoles, toda clase de moneda, cruces y medallas. El pelo natural suelto y desgreñado....”

3.1.2. Los lacandones actuales o Hach Winik de Nahá y Metzabok

Los Hach Winik, pertenecen a la familia lingüística maya y hablan el lenguaje Lacandón, el cual está casi extinto por la pequeña cantidad de hablantes; alrededor de 600 (INEGI, 2005). Sin embargo es difícil precisar el número exacto de individuos que conforman la etnia; distintos investigadores y censos han propuesto desde 300 hasta 700 individuos agrupados en tres comunidades del estado de Chiapas: Metzabok y Nahá al Norte y Lacanjá Chansayab al Sur.

Durante mucho tiempo los lacandones vivieron en grandes grupos en el Norte y el Sur de Chiapas, la separación geográfica entre ambos originó la diferenciación cultural de la etnia en dos subgrupos. Uno de ellos estaba distribuido en el sur, cerca del río Lacanjá, alrededor de San Quintín y Laguna Miramar. El otro en agrupamientos familiares hacia el Norte en Pethá en la laguna de Nahá, Uitz Uetch en Metzabok, Santo Domingo, Jatate, Puna, Sám, Capulín, Capulco, El Censo y Monte Líbano (Garay y Cobo, 1975). Estas poblaciones no constituían una comunidad integrada, los Hach Winik vivían cerca de su grupo clánico alejados lo más posible de otros clanes.

Hoy en día los Hach Winik forman grupos más compactos, integrados por mandato gubernamental desde 1971 en tres comunidades, Nahá, Metzabok y Lacanjá Chansayab este último incluye los asentamientos de Bethel y San Javier (Mapa 3). Las tres comunidades actuales se ubican dentro de las 614,000 hectáreas de la selva lacandona que se decretaron en su favor⁶ (Mapa 4).

⁶ Diario Oficial de la Federación, 6-III-1972:10-13

3.1.2.1. Aislamiento

Las poblaciones del Norte, Nahá y Metzabok, presentan rasgos culturales que parecen corresponder a las formas de vida de su estructura ancestral (Garay y Cobos 1974). A este respecto, el historiador Jan de Vos define dos mitos entorno a los lacandones. “El primero es la creencia de que los lacandones sean los descendientes directos de la tribu del mismo nombre que durante la colonia escapó del control del gobierno colonial (Blom F.y Duby G. 1955). El segundo mito es una prolongación del primero. En efecto, se cree que este grupo indígena haya vivido prácticamente sin contacto con la civilización occidental, por lo cual conservó hasta tiempos muy recientes sus costumbres y creencias mayas antiguas” (De Vos, 1996).

Los Hach Winik habitan la zona lacandona de la Reserva de la Biosfera Montes Azules (Mapa 3). Área señalada desde la conquista como inhóspita y alejada de los primeros asentamientos españoles y de las ciudades chiapanecas.

Hasta mediados del siglo XX los Hach Winik acostumbraban moverse a todo lo largo de la selva buscando alimento y refugio, formaban grupos cazadores recolectores con asentamientos semi-nómadas. Esto evitó contactos permanentes con otros grupos indígenas y mestizos.

En 1902 el antropólogo Alfred Tozzer comenzó un estudio sobre los habitantes de Nahá, Metzabok y Lacanjá. Este fue el primer estudio realizado sobre un pueblo maya, Tozzer vivió entre los Hach Winik cuatro temporadas entre 1902 y 1905.

En 1943 Gertrude Duby y Franz Blom constituyeron la primera expedición del gobierno del estado de Chiapas para establecer contacto con los pueblos lacandones “con la finalidad de investigar las necesidades de estos indios remotos, construir algunas casas modelo y establecer relaciones entre ellos y el gobierno.” A partir de las publicaciones de Duby y Blom, los Hach Winik “recibieron la visita de innumerables personas, desde simples

curiosos hasta investigadores serios; todos venían a conocer de cerca la nación maya [...] menos contaminada por el mundo occidental” (De Vos 2004).

En 1944 Phillip y Mary Baer, misioneros presbiterianos de Iowa, se instalaron en las diferentes comunidades de Nahá, Metzabok y Lacanjá para convertirlos al cristianismo protestante. De esta “convivencia”, Phillip Baer, publicó en co-autoría con William Merrifiel, “Los lacandones de México. Dos estudios”, esta evangelización acabó con la idea generalizada de que los lacandones conservaban su cultura intacta. Sin embargo, dicha evangelización no resultó. Las comunidades de Nahá y Metzabok han conservado sus creencias religiosas debido a que Chan K’in viejo, último t’ó’ohil, (autoridad elegida por su sabiduría mágico-religiosa) conserva y difunde los antiguos rituales consagrados a los dioses; Hachakyum, dios verdadero, Metzabok, dios del agua, Kanan káx, guardián de la montaña y Yum Kaas, un ser de la oscuridad que sabe todos los secretos del mundo, en el templo abierto de Nahá (Dato de campo).

Los constantes contactos con otros grupos humanos probablemente no dejaron descendencia entre los Hach Winik, puesto que existe una compleja estructura de normas y preceptos que reglamenta los tipos de unión marital a la comunidad.

3.1.2.2. Sistemas de unión

Los Hach Winik se caracterizan como grupos familiares con un tótem definido socialmente, organizado en clanes endogámicos patrilineales, con residencia delimitada. El matrimonio entre los Hach Winik debe ser efectuado solo con miembros de la etnia por lo que es común entre parientes: primos, sobrino-tía y tío-sobrino. Generalmente buscan no estar emparentados con su pareja, pero las comunidades son pequeñas. Garay y Cobo (1975) reportan un matrimonio entre hermanos carnales en San Quintín; antiguamente los matrimonios eran poligámicos y existían reglas que no permitían el matrimonio con la madre, hija, nieta, tía materna, alguna de las esposas del padre, del tío paterno, del padrastro, o del hijo, hermana menor, hermana mayor, mujer del primo paralelo.⁷

⁷ De el mismo linaje.

La prohibición del incesto es clara entre los Hach Winik, pero se limita a la disponibilidad de mujeres casaderas; idealmente la alianza matrimonial debe ser con la prima cruzada bilateral, sin embargo en estas comunidades es posible encontrar matrimonios entre hermanos, primos-hermanos y tíos con sus sobrinos (Fig. 1).

El tener varias esposas en estas sociedades, daba prestigio económico y social a los hombres que podían tener a las esposas que pudieran mantener, ellas podían ser de distintas edades y generalmente las segundas, terceras y demás esposas que tuviera un individuo eran mas jóvenes (Fig. 2); esto genera en las sociedades poligámicas una situación de acaparamiento de las casaderas por los hombres maduros y ancianos, disminuyendo para los jóvenes las probabilidades de matrimonio. La diferencia de edades en las alianzas matrimoniales reduce la posibilidad de tener hijos. Sin embargo los lacandones refieren separaciones y préstamo de esposas, uniones poligámicas maritales y extramaritales como una costumbre aceptada y extendida pero penada en el discurso social. Estas uniones inciden en el número de nacimientos dentro de la comunidad.

En comunidades con costumbres de cazadores-recolectores también se observa el robo de esposas a otros grupos de la misma etnia. Blom y Duby (1955) relatan que entre los Hach Winik “el grupo de Chum Uitz (de San Quintín) huía de otro grupo lacandón comandado por Kayum, quien tomaba a todas las mujeres, por la fuerza si era necesario...”

3.1.2.3. Organización social y parentesco

Las formas de organización social y parentesco Hach Winik han sufrido grandes y significativos cambios en las últimas décadas. Antiguamente los Hach Winik poseían una organización social basada en clanes geográficamente localizados, que a su vez se subdividían en linajes que se transmitían vía paterna de generación en generación. Estos linajes son asimilados dentro del sistema onen, que es, la asociación física y mental de un individuo con un animal que lo protege y cuyo nombre funciona como un apellido que transmitirá patrilinealmente a sucesivas generaciones.

En la comunidad de Metzabok aún recuerdan y saben a qué clan y linaje pertenecen. Por ejemplo, en el Noreste se localiza el clan Kasiha con su linaje mono araña-maax y el clan Cohvo con su linaje Jabalí-kekén.

En el sistema social del parentesco Hach Winik los habitantes del Norte se encuentran consanguíneamente relacionados y reproducen sus lazos de parentesco lineal extendiéndolos a sus parientes colaterales, variando sus términos según el género y la posición genealógica.

Desde hace veinte años, la llegada de la religión adventista con los protestantes presbiterianos ha transformado la dinámica de los patrones tradicionales de la sociedad Hach Winik que ve trastocadas la mayoría de sus costumbres cambiando, los sistemas tradicionales de organización social y los sistemas de matrimonio así como los sistemas de asentamiento disperso por el de casas concentradas.

Hoy los lacandones atraviesan un proceso de pérdida de identidad étnica y desintegración religiosa. Nuevas restricciones cambian las anteriores y los lacandones están supeditados a dogmas y normas ajenos al gran acervo cultural maya que regía todos los ámbitos de su vida social, material y espiritual.

3.2 BIOLOGIA HUMANA

3.2.1. Estudio de poblaciones pequeñas y aisladas

Las poblaciones aisladas se han originado a partir de migraciones de grupos formados por un pequeño número de individuos fundadores. Las características de las poblaciones aisladas son las siguientes:

- Las poblaciones pequeñas y aisladas son muy homogéneas en cuanto a condición económica y socio cultural por lo que no muestran los efectos de la estratificación social de otras poblaciones, donde las desigualdades económicas y sociales en los matrimonios reflejan la sectorización de la sociedad en sus descendientes.
- Una religión y cultura comunes, y pocas mujeres casaderas disminuyen las probabilidades de que los matrimonios se produzcan al azar.
- Los registros genealógicos permiten establecer con mayor claridad las relaciones familiares o de descendencia entre los individuos que las conforman.
- La deriva génica exagera los efectos iniciales del pequeño grupo fundador.
- Permiten registrar los genes alterados en enfermedades que siguen patrones mendelianos.

3.2.2. DNA mitocondrial (mtDNA)

El DNA mitocondrial es utilizado como una de las principales herramientas para discernir patrones de ancestro-descendiente en poblaciones humanas por varias razones:

- Su análisis refleja la historia de los linajes maternos sin ambigüedades provocadas por el entrecruzamiento meiótico, debido a que se hereda estrictamente por vía materna.
- El mtDNA acumula cambios puntuales en la secuencia a mayor velocidad que el DNA nuclear, especialmente en la región control.
- El alto número de moléculas de mtDNA, alrededor de 1000 a 10,000, en cada célula permite el análisis del DNA antiguo facilitando la comparación genética de muestras antiguas con contemporáneas.
- Es posible obtener mtDNA de cualquier tipo de tejido de células somáticas o germinales (sangre, saliva, mucosa bucal, esperma. etc.).
- Ha sido ampliamente estudiado y fue totalmente secuenciado por primera vez en 1981 (Anderson et al. 1981); esta secuencia es utilizada como estándar.

El mtDNA humano (Fig. 1) es una molécula circular de aproximadamente 5µm de diámetro; la secuencia completa consta de alrededor de 16,560 pares de bases, se replica, transcribe y traduce de manera autónoma al genoma nuclear; alrededor del 90% del genoma es codificante:

El mtDNA codifica 37 genes, incluyendo los rRNAs 12S y 16S.

22 tRNA para los aminoácidos

13 genes para proteínas (de la fosforilación oxidativa y el transporte de electrones)

El 10% restante es una región no codificante, altamente polimórfica denominada región control (Anderson et al. 1981). La región control consta de aproximadamente 1,100 pares de bases y está ubicada entre los genes tRNA_{Pro} y tRNA_{Phe}, entre las posiciones 16,036 y 570. La velocidad de sustitución nucleotídica en esta región es muy alta, implica mutaciones puntuales entre purinas y pirimidinas, deleciones e inserciones. La región control contiene el asa de desplazamiento (D-loop) que mide aproximadamente 680 bp, contiene el origen de la transcripción y uno de los orígenes de la replicación del mtDNA.

3.2.3. Regiones hipervariables del mtDNA

En la región control se encuentran dos segmentos denominados región hipervariable I (HVI) y región hipervariable II (HVII) en los que se acumula la mayor parte de la variación. Ambos segmentos contienen aproximadamente 400 bp y están separados por una pequeña región menos variable de aproximadamente 160 bp. La secuencia de la HVI y HVII ha sido utilizada para caracterizar haplogrupos humanos. Existen otros sitios polimórficos que no se encuentran en la región control. Cann, Stoneking y Wilson (1987) determinaron con 12 endonucleasas de restricción la variación de los sitios de restricción del mtDNA de 147 humanos de origen geográfico distinto. En total localizaron 195 sitios de restricción que les permitieron definir 133 haplotipos. Con los resultados elaboraron un árbol filogenético que agrupó los haplotipos analizados en varios haplogrupos. Los haplogrupos mostraron corresponder a regiones geográficas específicas y estar correlacionados fuertemente con las familias lingüísticas. Cada haplogrupo se caracteriza por una o más mutaciones específicas que comparten todos los haplotipos en él agrupados. Se ha propuesto que cada uno de estos haplogrupos corresponde a un linaje materno.

3.2.5. Haplogrupos mitocondriales amerindios

Wallace et al. (1985) demostraron por medio de análisis de restricción que los nativoamericanos y los asiáticos están cercanamente relacionados. En su estudio proponen que los nativoamericanos descienden de un pequeño grupo de cazadores-recolectores siberianos.

Greenberg et al. (1987) clasifican todos los lenguajes nativos americanos, en tres grandes grupos lingüísticos Amerindios, Nadene y Eskimales-aleutianos.

En 1990 Schurr et al. proponen que la variabilidad de los haplotipos maternos Amerindios provienen de cuatro linajes fundadores asiáticos, que arribaron entre los años 30,000 y 13,000 antes del presente en diferentes migraciones a América.

Torrioni et al. (1992) retomaron la clasificación lingüística de Greenberg y realizaron un análisis de restricción del mtDNA de 167 individuos, 80 hablantes de lenguas que pertenecen a la macrofamilia lingüística Nadene y 87 que pertenecen a los Amerindios, este análisis dió como resultado 50 haplotipos agrupados en cuatro haplogrupos o linajes fundadores A, B, C y D (Figura 3).

Torrioni et al. (1993) Sugieren que existe una marcada reducción en la diversidad del mtDNA asociada con la colonización inicial del Nuevo Mundo. Otra hipótesis sugiere que la aparente reducción de la diversidad de mtDNA de los americanos contemporáneos refleja un cuello de botella no durante la colonización inicial, sino como consecuencia del colapso demográfico de las poblaciones amerindias después del contacto europeo (Stone y Stoneking 1993).

Torrioni et al. (1994a) sugieren que cada uno de los haplogrupos amerindios aparentemente fue fundado por una pequeña cantidad de haplotipos asiáticos. La separación de estas poblaciones, el aislamiento geográfico y reproductivo originaron líneas evolutivas distintas

e independientes que incrementaron el tamaño de las poblaciones en el nuevo mundo y provocaron la variación y diversidad de haplotipos del mtDNA.

Los nativoamericanos que no exhibían uno de los cuatro haplogrupos A, B, C, D fueron clasificados con el termino “otros” o miembros del haplogrupo E. Bailliet et al. (1994) sugiere la posibilidad de que existe un quinto haplogrupo fundador de origen asiático. Para distintos autores los nativoamericanos que no pertenecieran a alguno de los cuatro haplogrupos podían representar una mezcla reciente ó ser el resultado de una mutación en el sitio de restricción diagnóstico de uno de los cuatro haplogrupos (Brown et al. 1998., Torroni et al. 1996).

Posteriormente se determinó el linaje X como linaje fundador, debido a que se encontraba distribuido en diferentes poblaciones asiáticas y siberianas, y se encontraba entre los linajes de poblaciones de nativoamericanos antiguos y contemporáneos.

Los cinco linajes mitocondriales amerindios se definen como haplogrupos caracterizados por mutaciones específicas detectadas por enzimas de restricción, denominados haplogrupos A, B, C, D y X.

3.2.5.1. Sitios específicos del mtDNA que identifican haplogrupos nativos de América.

Enzima	Secuencia que reconoce	Variante	Haplogrupo	Referencia
Hae III	GGCC	+663	A	Torrioni et al. 1992
	Delección intergénica de 9 bp CCCCCTCTA	del 8,272 al 8,280	B	Torrioni et al. 1992
Hinc II Alu I	GTQPAC AGCT	-13,259 +13,262	C	Torrioni et al. 1992
Alu I	AGCT	-5,176	D	Torrioni et al. 1992
Ddel AccI	CTNAG GTVWAC	-1,715 -10,394 +14,465	X	Brown et al 1998

Nota, + es presencia y – ausencia con respecto a la secuencia de referencia; N=A/G/C/T; P=A/G; Q=C/T, W=G/T; V=A/C.

3.2.5.2. Distribución de haplogrupos

Merriwether et al. (1995) analizaron la distribución geográfica de los haplogrupos del mtDNA de 1,300 individuos de distintas poblaciones de América del norte, centro y sur (Figura 4). Su trabajo muestra que el haplogrupo más frecuente en el norte de América es el A y que de norte a sur la frecuencia del haplogrupo A disminuye. Mientras que el haplogrupo B representa la imagen inversa del mismo fenómeno, de norte a sur la frecuencia del haplogrupo B aumenta; al sur de América, el haplogrupo B es el más frecuente. En cuanto a los haplogrupos C y D son menos frecuentes y su patrón de distribución es irregular. Kemp et al. (2005) modifican esta distribución, entre sus observaciones destacan que las poblaciones de América del sur y el caribe exhiben frecuencias significativas de los haplogrupos C y D.

Haplogrupo A

Los haplotipos que conforman el haplogrupo A se caracterizan principalmente por una transición de A por G en el sitio nucleotídico 663 de la secuencia de referencia, esta transición origina un sitio de reconocimiento para la enzima Hae III.

Este haplogrupo se encuentra distribuido mayoritariamente en poblaciones de América del norte y centro. También se localiza en el noreste de Asia y en menor frecuencia al sur de América.

Haplogrupo B

El haplogrupo B es definido por la delección intergénica de 9 pares de bases, 5'CCCCCTCTA3' del nucleótido 8,272 al 8,280 en la región V del mtDNA. (La región V es un espacio intergénico que se ubica entre la COII y el tRNA para lisina). Debido a que tiene una gran actividad de recambio nucleotídico y puede haber tanto delecciones como inserciones en este pequeño segmento la región V es un sitio considerado "hot spot" (Torroni et al. 1992).

Los haplotipos del haplogrupo B se encuentran distribuidos entre las poblaciones de América, sudeste de Asia, las islas del pacífico, Australia, Nueva Guinea y también ha sido reportada en poblaciones africanas. La delección de 9 bp junto con un sitio de reconocimiento para la enzima Hae III en la posición 16,517 es considerada específica de poblaciones Americanas. La secuencia estándar tiene la duplicación de 9pb (5'CCCCCTCTA3') en tandem (Anderson 1981).

Haplogrupo C

El haplogrupo C es caracterizado por la transición de A por G en el nucleótido 13,263 lo que elimina el sitio de reconocimiento para la enzima Hinc II 13,259 y crea un sitio para Alu I en la posición 13,262 del mtDNA. Este haplogrupo se encuentra en altas frecuencias

en poblaciones del caribe y el sur de América; los grupos norte y centro-americanos no presentan este linaje o lo presentan en baja frecuencia.

Haplogrupo D

El haplogrupo D se caracteriza por una transversión de C-A en el nucleótido 5,178, esto ocasiona la pérdida del sitio de reconocimiento para Alu I en el sitio 5,176. Este haplogrupo, se encuentra distribuido en altas frecuencias en poblaciones del centro y sur de América y el caribe.

Los linajes C y D son específicos de asiáticos cuando están acompañados por la presencia del sitio para la enzima DdeI 10,394 y Alu 10,397.

Haplogrupo X

Es el menos frecuente de los haplogrupos, se identifica por la transición de C-T en los sitios 1,715 y 10,394 ocasionando la ausencia del sitio de reconocimiento para la enzima Ddel y la presencia del sitio 14,465 reconocido por la enzima AccI.

En la HVI el haplogrupo X se distingue por la presencia del sitio de reconocimiento para Hae III 16,517 asociada con la sustitución de C por T en los sitios 16,223 y 16,278.

2.5.3. Correlación entre la frecuencia de los haplogrupos, proximidad geográfica y la distribución lingüística.

Existe una correlación entre la frecuencia de los haplogrupos, distribución geográfica y proximidad lingüística. Comúnmente se observa un patrón de predominancia entre grupos relacionados. En general las frecuencias de los linajes A, B, C, D, y X se presentan en proporciones similares entre las poblaciones geográfica y lingüísticamente relacionadas (Lorenz y Smith 1996, Kemp et al. 2005). Los Dogbrib, Haida, Navajo y Apache pertenecen a la familia lingüística Na-Dene y habitan la zona noreste de Canadá, el linaje predominante entre los grupos todos los Na-Dene es el A y el linaje B es el menos frecuente. Los grupos Aymara de Sudamérica, son predominantemente linaje B (del 50% al 100%). Entre grupos mixtecos contemporáneos de la mixteca alta y baja observamos que pertenecen a la misma región geográfica y cultural y, que la distribución de las frecuencias de los linajes fundadores A y B son similares para ambas poblaciones (Fig. 4). Sin embargo la frecuencia de los haplogrupos de las poblaciones mayas contemporáneas de Yucatán y antiguas de Xcaret contrastan con las frecuencias de los mayas antiguos, de Copán (Tabla 1).

Tabla 1. Frecuencias reportadas de los haplogrupos del mtDNA en poblaciones mayas antiguas y contemporáneas

Población	n	A %	B %	C %	D %	X %	Otro %	Localización	Referencia
Mayas contemporáneos.	27	51.9	22.2	14.8	7.4	0	3.7	Yucatán, México.	Torrioni et al. (1994)
Mayas antiguos de Xcaret.	25	84	4	8	0	0	4	Quintana Roo, México.	Gonzalez-Oliver et al. (2001)
Mayas antiguos de Copán.	9	0	0	89.0	11	0	0	Honduras.	Merriwether et al. (1997)

4. OBJETIVOS

Objetivo general

Analizar la frecuencia con que se presentan los linajes fundadores del mtDNA (A, B, C, D y X) en los actuales habitantes de las poblaciones lacandonas del norte de Chiapas, México.

Objetivos particulares

- Colecta de muestras biológicas de individuos pertenecientes a las comunidades lacandonas.
- Obtener DNA a partir de muestras de saliva y optimizar la técnica de extracción.
- Amplificar el DNA mediante la técnica de PCR y optimizar la técnica de amplificación
- Análisis de restricción en los productos de la PCR para la identificación de los linajes A, C, D y X.
- Identificación del linaje B por análisis electroforético.
- Análisis comparativo con los datos existentes de otras poblaciones americanas antiguas y contemporáneas.

5. JUSTIFICACIÓN

Es necesario analizar la mayor cantidad de poblaciones mayas para poder crear bases de datos de referencia más completos sobre la genética de estos pueblos. Los resultados de este y otros estudios nos permitirán comprender mejor los procesos de desarrollo biológico, patrones de migración y evolución humana.

Este estudio es la parte inicial de un proyecto más amplio donde las frecuencias de haplogrupos del mtDNA de estas poblaciones se sumarán a análisis de la secuenciación de la región hipervariable I del mtDNA y marcadores del mtDNA. El conjunto de estos resultados permitirá determinar el grado de relación genética con otros nativoamericanos, además de ayudar a dilucidar la problemática del origen y migración Hach Winik.

El presente estudio es pionero en el análisis y comparación de las frecuencias de los linajes mitocondriales de los Hach Winik con otros grupos mayas y nativoamericanos.

6. MATERIAL Y MÉTODOS

6.1. Material biológico

Para este estudio se colectaron muestras de saliva de 47 Hach Winik habitantes de las comunidades de Nahá y Metzabok. Informamos del proyecto a los habitantes de las comunidades de Nahá y Metzabok. Solicitamos la donación de muestras biológicas (sangre, saliva, mucosa bucal y cabello) a los Hach Winik con la finalidad de tener varios tipos de muestra de cada individuo.

Los individuos que participaron en este estudio fueron voluntarios seleccionados mediante los siguientes criterios de inclusión:

- Hablar el idioma lacandón
- Presentar patrones culturales propios de la etnia Hach Winik.
- No estar relacionados vía materna.

La colecta se realizó en Nahá y Metzabok usando técnicas etnográficas y de campo con el apoyo de la Secretaria de Pueblos Indios del estado de Chiapas, la autorización del comisariado comunal y de cada individuo participante, durante el periodo del 12 de Mayo al 12 de Junio de 2004.

La colecta de saliva implicó visitar a cada familia. En cada vivienda, presentamos el proyecto a sus habitantes y solicitamos su colaboración para obtener muestras de saliva.

Registramos la información completa de cada individuo donante, como nombre completo, edad, datos acerca del parentesco, filiación, estado civil, estado de salud, y costumbres matrimoniales. Solicitamos que dentro de cada familia solo podían ser donadores dos personas que no tuvieran el mismo linaje materno, padre y madre o padre e hijo o padre e hija con el fin de que pudiésemos obtener muestras de los linajes más representativos de la comunidad.

Durante este proceso un miembro de la comunidad Hach Winik asistió como guía y traductor ante la comunidad.

6.2. Prevención de contaminación

Todo el material utilizado, fue esterilizado previamente. Utilizamos tubos de micro centrífuga de 2ml esterilizados y cerrados en una campana de flujo laminar. Los tubos fueron transportados hasta las comunidades en empaques cerrados. Se utilizó un par de guantes estéril y desechable para la toma de muestras de cada individuo. Las muestras se mantuvieron en frío durante el traslado al laboratorio de bioquímica en la ciudad de México.

6.3. Extracción del DNA

La obtención del DNA se realizó a partir de probar y optimizar la técnica de extracción con Chelex 100, una resina quelante de alta afinidad por iones metálicos polivalentes. Singer-Sam et al. (1989). postularon que la presencia de Chelex durante el calentamiento, previene la degradación del DNA ya que atrapa los iones metálicos que pudieran actuar en la catálisis de la ruptura del DNA.

Protocolo de extracción:

Optimizamos la técnica descrita en 1989 por Singer-Sam et al. para la extracción de DNA a partir de saliva. La cantidad de saliva colectada fue variable por individuo, así que se estandarizó la técnica para una cantidad mucho menor de saliva (de 200 a 50 μ l) y se experimento con distintos tiempos de incubación y temperatura con el fin de obtener la mayor cantidad de DNA por μ l. De este trabajo se obtuvo el siguiente protocolo de extracción:

- Se adicionó 50 μ l de saliva a 200 μ l de Chelex al 5%
- La mezcla se agitó a temperatura ambiente durante 1 minuto.
- Se agregó 5 μ l de proteinasa K (10 mg/ml).
- Se incubó a 56°C durante 60 minutos
- Se agitó fuertemente durante 1 minuto a temperatura ambiente.
- Se incubó a 95°C 10 minutos.
- Se agitó fuertemente durante 1 minuto a temperatura ambiente
- Se centrifugó a velocidad máxima durante 3 minutos.
- Se recuperó el sobrenadante en tubos estériles de 1.5ml.
- La solución fue conservada a -20°C.

6.4. Cuantificación del DNA

Se determinó la concentración del DNA obtenido mediante un análisis espectrofotométrico a 260 nm.

Medimos 5 y 10 µl del DNA extraído en dilución 1:100 y 1:50 a 260 nm en un espectrofotómetro Beckman modelo DU- 64.

Para determinar la concentración del DNA, que recuperamos durante la extracción utilizamos la siguiente formula:

$$[\text{DNA}] \mu\text{g/ml} = (\text{A}_{260}) (\text{dilución}) (\text{Coeficiente de extinción de DNA})$$

El Coeficiente de extinción de DNA es 50.0 nm.

6.5. Amplificación del DNA

Se amplificaron segmentos específicos del mtDNA, con los primers enlistados en la tabla 2.

Sitio del mtDNA	Primers	Secuencia 5' a 3'	Referencias
HaeIII-663	L 590-611 H 743-765	ACCTCCTCAAAGCAATACACTG GTGCTTGATGCTTGTTTCCTTTG	Stone y Stoneking (1993)
Delección de 9 bp.	L 8196-8215 H 8295 y 8316	ACAGTTTCATGCCCATCGTC ATGCTAAGTTAGCTTTACAGTG	Stone y Stoneking (1993)
HincII 13259	L 13179-13199 H 13305-13325	CGCTATCACCCTCTGTTCGC CAGATGTGCAGGAATGCTAGG	González-Oliver al. (2001)

Tabla 2. Posición y secuencia de los oligonucleotidos utilizados para las reacciones de amplificación por PCR.

La reacción de PCR se realizó en un volumen final de 25 µl utilizando:

Buffer 1X PE Biosystems, 100mM de dNTPs, 0.1 µM del primer 5'-3' y 3'-5' específico para cada haplogrupo. 3.5 mM de MgCl₂, 0.1 mg/ml de BSA, 0.5 U/µl Enzima Amplitaq gold polimerasa y extracto de DNA.

Para cada linaje se optimizó la cantidad de ciclos así como condiciones de tiempo y temperatura, nuestros estudios ajustaron a 30 ciclos con las siguientes condiciones de tiempo y temperatura los termocicladores:

FASES		LINAJES		
		A	B	C
Desnaturalización inicial		95°C /10'	95°C /10'	95°C /10'
Ciclos	Desnaturalización	94°C /30''	94°C /30''	94°C /30''
	Alineación	63°C /30''	52°C /30''	60°C /30''
	Elongación	72°C /30''	72°C /30''	72°C /30''
Elongación final		72°C /7'	72°C /7'	72°C /7'

El número de ciclos y tiempo fue determinado experimentalmente a partir de modificaciones de las condiciones descritas por Stone y Stoneking (1994). La amplificación de PCR fue realizada en un termociclador Perkin-Elmer 2400.

En la amplificación de PCR se incluyó un control negativo de extracción, el cual contenía todos los reactivos de la extracción excepto una muestra de saliva y un control negativo de la amplificación, que contiene todos los reactivos excepto extracto de DNA.

Los controles positivos se hicieron usando DNA extraído de sangre y saliva de donadores voluntarios.

6.6. Análisis electroforético

Los productos de PCR de los haplogrupos A y C se analizaron en geles de poliacrilamida al 12 % con buffer (TBE 1X) Tris-Borato-EDTA (Sambrook et al 1989) a 174 volts durante una hora. La identificación del linaje B requirió mayor resolución (gel al 14%) y más tiempo para que se separen las bandas (dos horas cuarenta minutos a 120 volts). En cada gel se colocó un volumen de 8 µl del DNA amplificado de cada muestra. Como referencia del tamaño molecular en un pozo de cada gel se adicionó un volumen de 3 µl del marcador molecular ϕ -X174 cortado con la enzima Hae III.

Al terminar la electroforesis cada gel fue suspendido durante cinco minutos en agitación constante en una solución de 0.5 µg/µl de Bromuro de etidio. Posteriormente los productos de PCR se visualizaron con radiación UV.

6.7. Análisis de restricción

5 unidades de la enzima de restricción específica para los haplogrupos A y C, el Buffer de cada enzima fueron agregados a los 17 µl restantes de cada uno de los productos de PCR. La mezcla se incubó con la endonucleasa de restricción respectiva a 37°C durante aproximadamente 18 horas.

Posteriormente se analizó el producto de la restricción por electroforesis en geles de poliacrilamida al 12%.

El tamaño de los productos de PCR y de los fragmentos de restricción identificaron cada uno de los haplogrupos (tabla 3).

TABLA 3.-Tamaño de los productos de PCR y de los fragmentos de restricción.

Marcador genético	Haplogrupo	Tamaño del producto de PCR (bp)	Tamaño de los fragmentos de restricción (bp)
Hae III 663	A	176	101 -75
Delección 9bp	B	121-112	
Hinc II	C	149	83 -64

El sitio de corte y la secuencia específica que reconoce cada enzima para los linajes A y C son los siguientes:

LINAJE A

Enzima: Hae III, ganancia del sitio 663



Secuencia de referencia 5' TAGCCT 3'

Secuencia mutada 5' TGGCCT 3'

LINAJE C

Enzima: Hinc II, pérdida del sitio 13259



Secuencia de referencia 5' GTCAAC 3'

Secuencia mutada 5' GTCGAC 3'

Enzima: Hinc II, pérdida del sitio 13259



Secuencia de referencia 5' AAGCTA 3'

Secuencia mutada 5' AAGATA 3'

7. RESULTADOS

7.1. Datos obtenidos en campo sobre sexo, edad, relaciones de parentesco, registros de salud y sistemas de unión.

En la comunidad de Nahá este trabajo registro 194 personas y en Metzabok 70.

	Nahá	Metzabok	Total
Mujeres	86	33	119
Hombres	108	37	145
Total	194	70	264

Edad de las mujeres habitantes de las comunidades.

Edad	Nahá	Metzabok	Total
0 a 12	30	10	40
12 a 30	25	11	36
30 a 50	18	8	26
50 en adelante	13	4	17
Total	86	33	119

Edad de los hombres habitantes de las comunidades.

Edad	Nahá	Metzabok	Total
0 a 12	36	13	49
12 a 30	33	11	44
30 a 50	22	7	29
50 en adelante	17	6	23
Total	108	37	145

Los Hach Winik poseen una organización social basada en clanes geográficamente localizados, los mismos que a su vez se subdividen en linajes paternos. Reconocen el parentesco con los familiares de ambos progenitores, pero consideran más representativa la línea paterna. Las mujeres al casarse adquieren parentesco total con los familiares del esposo; este sistema de parentesco no necesariamente implica consanguinidad, sin embargo al ser una comunidad tan pequeña pudimos constatar que los habitantes de estas comunidades se encuentran consanguíneamente relacionados.

Las uniones son mayoritariamente endogámicas; existen uniones poligámicas maritales y extramaritales como una costumbre extendida y no penada: tío-sobrino, primos, cuñados, concuños etc. Los Hach Winik refieren que la prohibición se limita a la relación con el padre, la madre, los hermanos y hermanas.

7.1.2. Albinismo

18 individuos de la comunidad de Nahá son albinos, aproximadamente el 10 % de la población. En la comunidad de Metzabok no hay individuos que expresen albinismo.

7.2. Colecta

En ambas comunidades se colectaron muestras de alrededor del 20 % de la población total. En la comunidad de Nahá colectamos muestras de 35 individuos, 17 mujeres y 18 hombres; en la comunidad de Metzabok colectamos muestras de 12 individuos 6 hombres y 6 mujeres.

En total se colectaron muestras de 47 individuos 24 mujeres y 23 hombres. La muestra incluyó donantes de todas las edades; niños, jóvenes y ancianos.⁸

⁸ No existen registros fehacientes de la edad de los individuos mayores de 30 años. Durante el reparto agrario en 1972, el gobierno federal se ocupó de censar y empadronar al pueblo de los Hach Winik como lacandones. Cada uno de ellos reportó la edad que entonces creía tener; hoy algunos se basan en la credencial de elector para decir su edad, otros nunca se empadronaron y hacen cálculos de su edad a partir de la de sus sucesores.

7.3. Extracción, cuantificación y amplificación de DNA

Se optimizó la técnica de extracción de DNA con Chelex-100 usando como controles muestras de saliva de 8 individuos no pertenecientes a la etnia Hach Winik. Estas muestras fueron sometidas en laboratorio a las condiciones que durante el transporte sufrieron las muestras de la colecta.

Se extrajo DNA de saliva de los 8 individuos y de 47 Hach Winik; en promedio se obtuvo de 150 a 200 μl de DNA.

Se determinó la concentración de DNA en muestras de individuos Hach Winik por análisis espectrofotométrico a 260 nm.

La concentración del DNA obtenido de las muestras de los Hach Winik varió entre 0.0175 y 0.0250 $\mu\text{g}/\mu\text{l}$ y fue similar a la obtenida de los controles.

Se amplificaron las 47 muestras para los marcadores genéticos: Hae III 663, Hinc II 13,259 y la delección de 9pb 8,272 al 8,280.

7.4. Análisis de los productos de PCR y análisis de restricción

Mediante análisis electroforético y de restricción fueron analizados los haplogrupos fundadores en los 47 individuos Hach Winik (Figuras 5, 6 y 7).

Se identificaron los linajes mitocondriales de 35 individuos de la comunidad de Nahá y 12 individuos de la comunidad de Metzabok. 46 de los 47 individuos muestreados presentan el haplogrupo A y solo un individuo que habita en la comunidad de Nahá presenta un linaje distinto al A (Tabla 4).

Tabla 4. Frecuencia de los linajes mitocondriales en las comunidades de Nahá y Metzabok.

COMUNIDAD	LINAJES						TOTAL %
	A%	B%	C%	D%	X%	Otros%	
NAHÁ	72.3	0	2.2	0	0	0	74.5
METZABOK	25.5	0	0	0	0	0	25.5
TOTAL	97.8	0	2.2	0	0	0	100

Las frecuencias resultantes de este estudio fueron contrastadas con frecuencias de poblaciones del norte, centro y sur América (Tabla 5). La tabla 5, es la compilación de las frecuencias publicadas hasta la fecha de nativoamericanos.

Tabla 5. Frecuencias de los linajes mitocondriales en nativoamericanos.

POBLACIÓN	n	LINAJES						Referencia
		A%	B%	C%	D%	X%	Otros%	
Aleut (antiguos)	17	35,3	0	0	64.7	0	0	Hayes (1998); O'Rourke et al. (2000)
St Paul Aleut	72	25	0	1.4	66.7	-	6.9	Merriwether et al. (1995)
Gambell Eskimo	50	58	0	14	26	-	2	Merriwether et al, (1995)
Old Harbor Eskimo	115	61.7	3.5	0	34.8	0	0	Merriwether et al. (1995)
Ouzinkie Eskimo	41	73.2	0	4.9	14.6	-	7.3	Merriwether et al. (1995)
Savoonga Eskimo	49	93.9	0	0	2	-	4.1	Merriwether et al. (1995)
Inuit	30	96.7	0	0	3.3	0	0	Lorenz and Smith. (1996)
Dogbrib	154	90.9	0	2	0	0	7.1	Merriwether et al. (1995)
Haida	63	93.6	0	0	6.3	0	0	Torrioni et al. (1993a); Ward et al. (1993)
Bella Coola	32	78.1	6.25	9.4	6.25	0	0	Ward et al. (1993)
Bella Coola	25	60	8	8	20	-	4	Torrioni et al.(1993a)
Nuu-Chah-Nulth	15	40	6.7	13.3	26.7	13.3	0	Torrioni et al. (1993a); Brown et al. (1998)

~ No determinado. El reconocimiento del haplogrupo X como linaje fundador fue posterior al de los linajes A, B, C y D. Los individuos que no fueron clasificados en uno de estos linajes fueron clasificados como "otros". Es probable que un porcentaje de estos individuos pertenezcan al haplogrupo X.

POBLACIÓN	n	LINAJES						Referencia
		A%	B%	C%	D%	X%	Otros %	
Navajo	48	58.3	37.5	0	0	▲	4.2	Torrioni et al. (1993a); Brown et al (1998)
Mohawk	18	46.4	10.5	13.8	0.6	-	28.7	Merriwether et al. (1995)
Ojiwa	28	64.3	3.6	7.1	0	25	0	Torrioni et al. (1993a); Brown et al (1998)
Oneota	108	31.5	12	42.6	8.3	-	5.6	Stone and Stoneking (1994b)
Siouan	34	52.9	17.6	14.7	5.9	-	8.8	Lorenz and Smith (1996)
Apache	25	64	16	12	8	0	0	Torrioni et al. (1993a)
Muskoke	71	36.6	15.5	9.9	38	0	0	Merriwether et al. (1995)
Cherokee	16	0	31.3	31.3	0	-	37.5	Lorenz and Smith. (1996)
Washo	28	0	53.6	35.7	10.7	0	0	Lorenz and Smith. (1996)
Pima	30	6.7	50	43.3	0	0	0	Schurr et al. (1990)
Akimel	43	4.7	53.5	39.5	0	2.3	0	Lorenz and Smith. (1996)
Cochimi	13	7.7	46.2	46.2	0	0	0	Lorenz and Smith. (1996); Malhi et al. (2003) Smith et al. (2000)
Yuman	72	2.77	62.5	34.7	0	0	0	Lorenz and Smith. (1996); Malhi et al. (2003) Smith et al. (2000)
Jemez	36	0	88.9	2.8	0	8.3	0	Lorenz and Smith. (1996); Smith et al. (2000)
Zuni	26	15.4	76.9	7.7	0	0	0	Lorenz y Smith. (1996); Malhi et al. (2003)
Aztecas (antiguos) Tlatelolco	23	65.2	13	4.3	17.4	0	0	Kemp et al. (2005)
Nahua/Cuetzalan	31	61.3	32.3	6.5	0	0	0	Lorenz and Smith (1996); Malhi et al. 2003.
Mixe	16	62.5	31.3	6.2	0	0	0	Torrioni et al. (1994b)
Mixtecos (alta)	15	73.4	13.3	13.3	0	0	0	Torrioni et al. (1994b)
Mixtecos (baja)	14	92.9	7.1	0	0	0	0	Torrioni et al. (1994b)
Nahua/Cora	32	53.1	34.4	6.3	0	-	6.3	Lorenz and Smith. (1996)
Zapoteco	15	33.3	33.3	33.3	0	0	0	Torrioni et al. (1994b)

▲ Brown et al. 1998 analizaron la frecuencia del haplogrupo X en 92 individuos Navajo. El 6.5% de la población pertenece al linaje X pero no especifican el porcentaje de los otros linajes.

- No determinado. El reconocimiento del haplogrupo X como linaje fundador fue posterior al de los linajes A, B, C y D. Los individuos que no fueron clasificados en uno de estos linajes fueron clasificados como "otros". Es probable que un porcentaje de estos individuos pertenezcan al haplogrupo X.

POBLACIÓN	n	LINAJES						Referencia
		A%	B%	C%	D%	X%	Otros %	
Mayas (antiguos) Xcaret	25	84	4	8	0	-	4	González-Oliver et al. (2001)
Mayas Yucatán	27	51.9	22.2	14.8	7.4	-	3.7	Torrioni et al. (1994b)
Hach Winik	47	97.8	0	2.2	0	0	0	Este estudio
Mayas (antiguos) Copàn	9	0	0	89	11	0	0	Merriwether et al. (1997)
Ticuna	28	17.9	0	32.1	50	0	0	Schurr et al. (1990)
Boruca	14	21.4	71.4	0	7.1	0	0	Torrioni et al. (1993a)
Guatuso	20	85	15	0	0	0	0	Torrioni et al. (1994b)
Teribe	20	80	20	0	0	0	0	Torrioni et al. (1994b)
Tainos	24	0	16.7	54.2	29.2	0	0	Laluzza-Fox et al. (2001)
Guyami	16	68.8	31.2	0	0	0	0	Torrioni et al. (1993a)
Kuna	16	100	0	0	0	0	0	Torrioni et al. (1993a)
Wounan	31	80.6	19.4	0	0	0	0	Kolman y Berminham (1997)
Columbia	20	50	20	25	5	0	0	Horai et al. (1993)
Piroa	10	50	0	10	40	0	0	Torrioni et al. (1993a)
Makiritari	10	20	0	70	10	0	0	Torrioni et al. (1993a)
Yanomama	207	1.4	10.2	56	32.4	0	0	Torrioni et al. (1993a); Easton et al. (1996); Merriwether et al (2000)
Macushi	10	10	20	30	40	0	0	Torrioni et al. (1993a)
Marubo	10	10	0	60	30	0	0	Torrioni et al. (1993a)
Wapishana	12	0	25	8.3	66.7	0	0	Torrioni et al. (1993a)
Mataco	28	10.7	35.7	0	53.6	0	0	Torrioni et al. (1993a)
Kraho	14	28.6	57.1	14.3	0	0	0	Torrioni et al. (1993a)
Quechua	19	26.3	36.8	5.3	31.6	0	0	Merriwether et al. (1995)
Aymara	172	6.4	67.4	12.2	14	0	0	Merriwether et al. (1995)
Atacemeno	50	12	72	10	6	0	0	Merriwether et al. (1995)
Mapuche	84	9.5	29.7	31	29.8	0	0	Ginther et al. (1993); Horai et al. (1993)
Peheunche	100	2	9	37	52	0	0	Merriwether et al. (1995)

- No determinado. El reconocimiento del haplogrupo X como linaje fundador fue posterior al de los linajes A, B, C y D. Los individuos que no fueron clasificados en uno de estos linajes fueron clasificados como "otros". Es probable que un porcentaje de estos individuos pertenezcan al haplogrupo X.

POBLACIÓN	n	LINAJES						Referencia
		A%	B%	C%	D%	X%	Otros %	
Huillich	80	3.75	28.75	18.75	48.75	0	0	Merriwether et al. (1995)

Las tablas 6, 7, 8 y 9 muestran las diferentes agrupaciones comprendidas en la tabla 5.

Tabla 6.- Mayas.

POBLACIÓN	n	LINAJES						Localización	Referencia
		A%	B%	C%	D%	X%	Otros %		
Mayas contemporáneos.	27	51.9	22.2	14.8	7.4	0	3.7	Yucatán, México.	Torrioni et al. (1994b)
Mayas antiguos de Xcaret.	25	84	4	8	0	0	4	Quintana Roo, México.	González-Oliver et al. (2001)
Mayas antiguos de Copán.	9	0	0	89	11	0	0	Honduras.	Merriwether et al. (1997)
Mayas Hach Winik.	47	97.8	0	2.2	0	0	0	Chiapas, México.	Este estudio

Tabla 7.- Haidas.

POBLACIÓN	n	LINAJES						Localización	Referencia
		A%	B%	C%	D%	X%	Otros %		
Haida	25	96	0	0	4	0	0	Canadá	Torrioni et al. (1993a)
Haida	38	92.1	0	7.9	0	0	0	Canadá	Ward et al. (1993)

Tabla 8.- Aymaras.

POBLACIÓN	n	LINAJES						Localización	Referencia
		A%	B%	C%	D%	X%	Otros %		
Aymara	76	6.6	64.5	10.5	18.4	0	0	Visviri	Merriwether et al. (1995)
Aymara	23	17.4	60.9	13	8.7	0	0	Caquena	Merriwether et al. (1995)
Aymara	12	8.3	50	41.7	0	0	0	Parinacota	Merriwether et al. (1995)
Aymara	9	0	55.6	33.3	11.1	0	0	Guallatiri	Merriwether et al. (1995)
Aymara	9	11.1	66.7	11.1	11.1	0	0	CODPA	Merriwether et al. (1995)
Aymara	17	0	100	0	0	0	0	Guanachua	Merriwether et al. (1995)
Aymara	14	0	64.3	0	35.7	0	0	Esquina	Merriwether et al. (1995)
Aymara	12	0	100	0	0	0	0	Ilipata	Merriwether et al. (1995)

Tabla 9.- Mapuches.

POBLACIÓN	n	LINAJES						localización	Referencia
		A%	B%	C%	D%	X%	Otros %		
Mapuche	39	15.4	38.5	20.5	25.6	0	0	Argentina.	Merriwether, et al. (1995)
Mapuche	45	4.4	22.2	40	33.3	0	0	Chile	Merriwether, et al. (1995)

8. DISCUSIÓN

Los análisis de restricción del mtDNA en individuos de las comunidades de Nahá y Metzabok, muestran que 97.8 % de la población conocida como lacandones del Norte pertenece al linaje A. Excepto por un individuo de la comunidad de Nahá que pertenece al linaje C, podemos decir que los lacandones del Norte están representados en su totalidad por el haplogrupo A. Este haplogrupo es el más frecuente en otras poblaciones de origen mesoamericano y de norteamérica (Tabla 5). Por esta razón, era de esperarse que este haplogrupo se haya encontrado de manera predominante entre los Hach Winik. Sin embargo, las poblaciones nativoamericanas raramente se componen de un solo linaje. La mayoría de las poblaciones antiguas y contemporáneas se caracterizan por estar integradas de combinaciones de tres, cuatro e incluso tienen los cinco haplogrupos mitocondriales representados en una misma población.

Las frecuencias en que se distribuyen los haplogrupos A y C en los Hach Winik de Nahá y Metzabok muestran escasa variabilidad de los linajes mitocondriales. Esto puede deberse a los siguientes factores:

- A) Aislamiento.- El grupo étnico habita en el interior de la selva lacandona. El acceso a las comunidades es por avioneta o por vía terrestre y esta vía requiere de transitar largas distancias de terracería. Antiguamente la entrada a la selva era más difícil, esta circunstancia ha posicionado a los Hach Winik entre las poblaciones geográficamente aisladas. Probablemente la selva ha funcionado como una barrera que permite un mínimo contacto con otros grupos de distinto origen étnico, lo que ha ocasionado aislamiento reproductivo, endogamia y deriva génica.
- B) Endogamia.- Las poblaciones Hach Winik son endógamas por aislamiento. Culturalmente las relaciones de matrimonio entre parientes (tíos, primos, medios hermanos e incluso hermanos) están permitidas en el grupo lacandón, por lo tanto se promueve una alta tasa de endogamia entre los individuos que conforman las comunidades del norte.

C) Un efecto intenso de deriva génica en las frecuencias de los linajes fundadores que ha eliminado la presencia de los linajes (B, C, D, y X) en las dos pequeñas poblaciones de Nahá y Metzabok o la disminución de la frecuencia del linaje C en Nahá.

Para analizar mas a fondo estos factores en los Hach Winik comparamos nuestra población con poblaciones que muestran frecuencias similares a las reportadas en este estudio (Tabla 10).

Tabla 10.- Poblaciones aisladas con (n) mayor al 15% de la población total

Población	n	LINAJES						Localización	Referencia
		A%	B%	C%	D%	X%	Otros %		
Inuit	30	96.7	0	0	3.3	0	0	Alaska	Lorenz and Smith. (1996)
Savoonga Eskimo	49	93.9	0	0	2	-	4.1	Alaska	Merriwether et al. (1995)
Dogbrib	154	90.9	0	2	0	-	7.1	Alaska	Merriwether et al. (1995)
Haida	63	93.6	0	0	6.3	0	0	Canadá	Torrioni et al. (1993a), Ward et al. (1993)
Kuna	16	100	0	0	0	0	0	Panamá	Torrioni et al. (1993a)
Mayas Hach Winik.	47	97.8	0	2.2	0	0		Chiapas, México	Este estudio

- No determinado.

Podemos observar que en estas poblaciones la proporción del linaje A es superior al 90%. Además del aislamiento, la endogamia y la deriva génica un porcentaje tan alto de un solo linaje, puede ser adjudicado a un muestreo insuficiente o poco representativo. En la tabla 10 el número de individuos muestreados (n) significan del 15 al 30 por ciento de la población total; los Hach Winik muestreados constituyen el 20% de las poblaciones lacandonas del norte. Estos datos nos demuestran que las poblaciones de la tabla 10 están bien representadas y no es debido al muestreo que se observa tan poca diversidad de las frecuencias de los linajes mitocondriales en estas comunidades.

Las poblaciones que se muestran en la tabla 10 se localizan en distintas regiones geográficas y entre ellas no existe continuidad biológica o cultural; la convergencia o paralelismo está dada por datos etnográficos que revelan que los Haida, los Inuit, los Savoonga Eskimo, los Dogbrib, los Kuna y los Hach Winik forman comunidades con pocos individuos, son poblaciones geográficamente aisladas y se reportan uniones endogámicas en alta frecuencia; es al parecer una reducción de la diversidad de los linajes el producto de la deriva génica por aislamiento.

Tabla 11.- Poblaciones no aisladas con (n) menor al 2% de la población total.

Población	n	LINAJES						Referencia
		A%	B%	C%	D%	X%	Otros %	
Aleut(antiguo)	17	35.3	0	0	64.7	-	0	Hayes (1998); O'Rourke et al. (2000)
Nuu-Chah-Nulth	15	40	6.7	13.3	26.7	13.3	0	Torrioni et al.(1993a); Brown et al. (1998)
Cherokee	16	0	31.3	31.3	0	-	37.5	Lorenz and Smith (1996)
Chipewa	15	26.7	13.3	33.3	0	-	26.7	Torrioni et al. (1993a)
Cochimi	13	7.7	46.2	46.2	0	0	0	Lorenz and Smith (1996);Malhi et al. (2003) Smith et al (2000)
Mixe	16	62.5	31.3	6.2	0	0	0	Torrioni et al. (1994b)
Zapoteco	15	33.3	33.3	33.3	0	0	0	Torrioni et al. (1994b)
Macushi	10	10	20	30	40	0	0	Torrioni et al. (1993 ^a)
Marubo	10	10	0	60	30	0	0	Torrioni et al. (1993 ^a)
Wapishana	12	0	25	8.3	66.7	0	0	Torrioni et al. (1993 ^a)
Kraho	14	28.6	57.1	14.3	0	0	0	Torrioni et al. (1993 ^a)
Makiritari	10	20	0	70	10	0	0	Torrioni et al. (1993 ^a)
Piroa	10	50	0	10	40	0	0	Torrioni et al. (1993 ^a)
Makiritari	10	20	0	70	10	0	0	Torrioni et al. (1993 ^a)
Boruca	14	21.4	71.4	0	7.1	0	0	Torrioni et al. (1993 ^a)

- No determinado.

En las poblaciones de la tabla 11, se observan características opuestas a las de la tabla 10. En estas poblaciones aunque el muestreo es de pocos individuos, (n) menor al 2%, las frecuencias de los linajes muestran mayor variabilidad. Son poblaciones que no son aisladas geográfica o culturalmente y por tanto no hay aislamiento reproductivo.

Generalmente en las poblaciones nativoamericanas (tabla 5), las frecuencias de los linajes mitocondriales, muestran al menos dos de los cinco haplogrupos representados en proporciones similares en una misma población, excepto las poblaciones identificadas como aisladas (tabla 10).

En las poblaciones mayas (tabla 6) los antiguos de Copán y los Hach Winik presentan una baja variabilidad de los linajes del mtDNA. Los mayas antiguos de Xcaret y los contemporáneos de Yucatán muestran mayor diversidad de las frecuencias de los linajes presentes en sus poblaciones. Los Mayas de Xcaret, Yucatán y Chiapas (Hach Winik), se diferencian por sus altas frecuencias del linaje A de la población de Copán, cuyo linaje preponderante es C y está acompañado en baja frecuencia del linaje D. Los linajes menos frecuentes en las poblaciones mesoamericanas.

Es evidente la relación entre los Hach Winik, los mayas antiguos de Xcaret y los contemporáneos de Yucatán debido, a que, en todas estas poblaciones el linaje predominante es el linaje A.

En general los habitantes de diferentes localidades que pertenecen a una misma comunidad cultural muestran frecuencias similares de los linajes mitocondriales. En el caso de los Haida, (Tabla 7) podemos observar que las frecuencias son uniformes para ambas poblaciones, los Aymara, (Tabla 8) muestran mayor variabilidad pero el linaje B es predominante en todas las poblaciones. En el caso de los Mapuche los linajes A, B, C y D se encuentran distribuidos en proporciones homogéneas tanto en las poblaciones de Argentina como en las de Chile.

Los grupos mayas en los que se han reportado las frecuencias de los linajes mitocondriales son los Hach Winik (este estudio), los contemporáneos de Yucatán, los antiguos de Copán y los antiguos de Xcaret. Las poblaciones mayas contemporáneas de Yucatán y antiguas de Xcaret están tipificadas principalmente por el linaje A; ambas poblaciones presentan frecuencias similares de los linajes B, C y otros. Esto hace suponer que los mayas contemporáneos de Yucatán y los antiguos de Xcaret son de entre los grupos mayas los más

relacionados genéticamente (González-Oliver 2001), después le seguirían los Hach Winik y por último los antiguos mayas de Copán.

Los mayas Hach Winik, los contemporáneos de Yucatán y los antiguos de Xcaret son agrupados como grupos mayas de tierras bajas y Copán pertenece a las tierras altas. Es probable que la diferenciación que se dió entre los grupos de tierras altas y los de tierras bajas también sea la que se está confirmando a nivel genético.

Las muestras de antiguos de Xcaret se extrajeron de restos óseos de individuos procedentes de entierros del Clásico Tardío y el Posclásico del sitio arqueológico de Xcaret en Quintana Roo (González-Oliver 2001). Las muestras de los contemporáneos de Yucatán pertenecen a una población de habla yucateco que habita actualmente la zona central del estado de Yucatán. (Schurr et. al. 1990, Torroni et. al. 1992). Se considera históricamente, que Yucatán y Quintana Roo constituían un territorio integrado y que entre sus habitantes los contactos eran por guerra, migración, intercambios comerciales y alianzas. Es probable que la semejanza entre las frecuencias de los haplogrupos del mtDNA de los antiguos de Xcaret y los contemporáneos de Yucatán se deba al flujo genético que existió entre los pobladores de Yucatán y Quintana Roo.

Se ha propuesto que la proximidad geográfica tiene predominio sobre la frecuencia de los linajes que la filiación lingüística (Lorenz y Smith 1996), sin embargo, aquí van de la mano, ya que las lenguas de la familia maya se clasifican por la división “altos” los de tierras altas y “bajos” los de tierras bajas. De los grupos de las tierras bajas, los antiguos de Xcaret y los contemporáneos de Yucatán son los que muestran mayor similitud en las frecuencias de sus linajes. Lingüísticamente los Hach Winik están relacionados con ambos grupos. Se ha propuesto que el yucateco, el itzá y el lacandón pudieran ser una sola lengua con dialectos muy diferenciados (Del Moral 1996). Y es la separación de estos grupos lo que pudo dar origen a la diferenciación de las frecuencias de los linajes mitocondriales entre los grupos de habla yucateco y lacandón.

Si los Hach Winik como pensamos son una migración (que posteriormente se aisló) de poblaciones de tierras bajas, Xcaret y Yucatán típicamente se comportarían como poblaciones continentales, es decir Xcaret y Yucatán son semejantes entre sí y mantienen contactos intermitentes, mientras que la población aislada al no tener nuevos aportes genéticos reduce su variabilidad y se diferencia de la población de la que proviene.

En la actualidad es difícil designar a una comunidad humana “aislada”; geográfica, cultural o económicamente de las demás, no obstante propongo, que, el factor principal de la reducción de la variabilidad de los haplogrupos del mtDNA en los Hach Winik es el aislamiento pues el haplogrupo A está representado casi al 100% en las dos poblaciones que representan más de la mitad de los individuos que conforman la etnia. Es también este aislamiento lo que hizo suponer a los primeros investigadores que los integrantes de esta etnia eran “los primeros y únicos pobladores de la selva”. Diferentes trabajos ubican a los Hach Winik como descendientes, ya sea de Caribes, lacandones de habla Chol, migraciones del Petén, Campeche o Yucatán; debido a las costumbres nómadas y de cazadores-recolectores, españoles, mestizos y otros grupos indígenas comenzaron a llamar a los Hach Winik “caribes” (derivado de la palabra caruba, Caribi o Caribata de los Tainos de Haití) palabra extendida por los españoles para denominar a todo indio salvaje, creando otra confusión histórica que supone que los Hach Winik son una migración Caribe.

Los tainos, ciboneyes y caribes eran grupos étnicos que poblaban el Caribe cuando Colón llegó a América. Los tres grupos se extinguieron años después de la conquista: los tainos y los caribes hablaban lenguas arawak, clasificadas dentro de la familia Equatorial-Tucanoan; los ciboneyes hablaban una lengua no identificada, sin embargo se les relaciona con los grupos Caribe. En el 2001 y 2003 Lalueza-Fox et al. realizaron análisis genéticos en restos óseos de las poblaciones taino y ciboney.

Población	n	LINAJES						Referencia
		A %	B %	C %	D %	X %	Otros %	
Tainos	24	0	16.7	54.2	29.2	0	0	Lalueza-Fox et al. (2001)
Ciboneyes	15	6.7	0	60	33.3	0	0	Lalueza-Fox et al. (2003)

De sus resultados, observamos que entre los Tainos y los Caribes el porcentaje de los linajes C, y D es predominante y que la afinidad genética entre estos grupos es evidente. Entre los Hach Winik la frecuencia del linaje D es ausente, mientras que la frecuencia del linaje C esta representada por un solo individuo. Por tanto, la teoría que supone la ascendencia caribe de los Hach Winik es insostenible, ya que aunque el aislamiento, la deriva génica y los cuellos de botella hubiesen reducido la diversidad de los linajes en la población, los linajes eliminados por estos procesos serían los que se encuentran en menor frecuencia en la población ancestral. Así, la población de la cual descienden los Hach Winik, debe tener de manera predominante el linaje A.

Lalueza-Fox et al. (2003) señala que “con base a los análisis realizados, las afinidades filogenéticas de los Tainos deben buscarse entre las poblaciones sudamericanas, más que en poblaciones de Centroamérica o Norteamérica” (Lalueza-Fox 1996b).

Lingüística, histórica, culturalmente y basado en las frecuencias del mtDNA los Hach winik no son caribes, son un grupo maya. Las frecuencias de los Hach Wink que en este trabajo se presentan demuestran que no existe relación mitocondrial entre ambos grupos. Además las lenguas del grupo maya peninsular o yucatecano son: (yucateco, itzá, lacandón y mopán) y se encuentran diametralmente separados del grupo cholano o maya-chol al que pertenecen las lenguas que probablemente hablaban los lacandones históricos el choltí y chontal-chol. Las migraciones de los antecesores de los Hach Winik desde el Petén, Campeche o Yucatán son lo más probable, ya que las frecuencias de los linajes mitocondriales de los Hach Winik los relaciona claramente a los grupos mayas de tierras bajas.

Los estudios sanguíneos realizados por Matzon y Swanson (1961) a 33 individuos Hach Winik mostraron que el 97 % pertenecen al grupo sanguíneo “O”. Este dato es consistente con los resultados de Comas (1996), que detectó el grupo sanguíneo “O” en frecuencias del 86.5% al 100% en individuos mayas procedentes de las tierras bajas y altas.

Los mayas de tierras bajas son grupos homogéneos en cuanto a la frecuencia del grupo sanguíneo “O”, el alto porcentaje (arriba de 85%) del grupo sanguíneo “O” es común en las poblaciones amerindias.

Por otra parte, durante la toma de muestras, observé un alto grado de albinismo; probablemente el albinismo observado en los Hach Winik, sea el resultado homocigosis recesiva derivada del alto grado de uniones consanguíneas.

Para estimar el grado de consanguinidad en el caso de una unión tío sobrina o primos hermanos dobles (Los tipos de uniones consanguíneas mas comunes entre los Hach Winik). Sean α_p y α_m los dos alelos de un locus del individuo A; A puede enviar a la siguiente generación B y C, gametos con los siguientes alelos:

B	C	Probabilidad (de identidad por descendencia)
α_p	α_p	$\frac{1}{4} \times 1$
α_m	α_m	$\frac{1}{4} \times 1$
α_p	α_m	$\frac{1}{4} \times FA$ (*)
α_m	α_p	$\frac{1}{4} \times FA$ (*)
Total		$\frac{1}{4} + \frac{1}{4} + \frac{1}{4}FA + \frac{1}{4}FA = \frac{1}{2}(1+FA)$

(*) α_p y α_m podrían haber sido copias de un alelo único en un ancestro del individuo A; es decir, el individuo A tendría un coeficiente de endogamia de FA.

La probabilidad de que los descendientes de A transmitan a la siguiente generación el mismo alelo será $\frac{1}{2} \times \frac{1}{2} = \frac{1}{4}$.

El coeficiente de endogamia F entre consanguíneos va depender del tipo de unión (Fig. 2).

La consanguinidad media de una población es medida como el coeficiente de consanguinidad promedio de sus individuos. Definido mediante la cantidad α donde:

$$\alpha = \sum p_i F_i$$

Y p_i es la frecuencia de los individuos consanguíneos con un coeficiente de consanguinidad F_i (Cavalli-Sforza L.L. 1981).

El coeficiente de consanguinidad promedio entre los Hach Winik, se determinó calculando α a partir de la información que cada individuo proporcionó durante el muestreo del grado de parentesco con su pareja y el que establecieron sus progenitores.

Se calculó el coeficiente de consanguinidad de 55 individuos, equivalente al 21% de los Hach Winik.

El coeficiente de consanguinidad promedio de los 55 individuos fue:

$$\alpha = 0,0571.$$

Generalmente el coeficiente de consanguinidad promedio, α , en las poblaciones humanas es inferior al 1 por 1000 (Fig. 10). Las poblaciones con altos coeficientes de endogamia, son casos especiales y tienen valores de α superiores al 1 por 100 (Fig. 11). En el caso de los Hach Winik, el valor de α nos demuestra el alto índice de endogamia que esta población tiene, debido a un grado excepcional de consanguinidad.

La consanguinidad y la endogamia que el aislamiento ocasiono en los Hach Winik, provocaron la diferenciación de los Hach Winik con respecto a los mayas de Yucatán y de Xcaret, así como la disminución de la variabilidad genética en esta etnia.

Los Hach Winik son considerados el último pueblo silvícola del país.

9. CONCLUSIONES

- 46 de los 47 Hach Winik de las comunidades de Nahá y Metzabok tienen la secuencia GGCC entre el sitio 663 y el 666 del mtDNA. Esta característica incluye al 97.8% de la muestra en el haplogrupo A.
- Las frecuencias del linaje “A” observadas en los individuos de las comunidades de Nahá y Metzabok, son similares a las observadas en poblaciones consideradas geográficamente aisladas de América del Norte y Panamá.
- La alta frecuencia del linaje A en las comunidades de Nahá y Metzabok, sugiere un escaso flujo genético de mujeres de otros grupos étnicos a las poblaciones de Nahá y Metzabok.
- El coeficiente de consanguinidad de 0.057 muestra un grado excepcional de endogamia, lo que representa nulidad de intercambio genético con otras poblaciones.
- Este trabajo sugiere que a nivel genético, los mayas de las tierras altas y los de las tierras bajas representan dos grupos distintos unidos por tradición cultural.
- La frecuencia de los linajes mitocondriales muestra que el origen de los Hach Winik o lacandones es genéticamente más cercano a las poblaciones mayas de las tierras bajas que a la población maya de Copán.
- La frecuencia de los linajes mitocondriales muestra que los grupos Hach Winik o lacandones no tienen relación genética con poblaciones caribe.

ÍNDICE DE MAPAS.

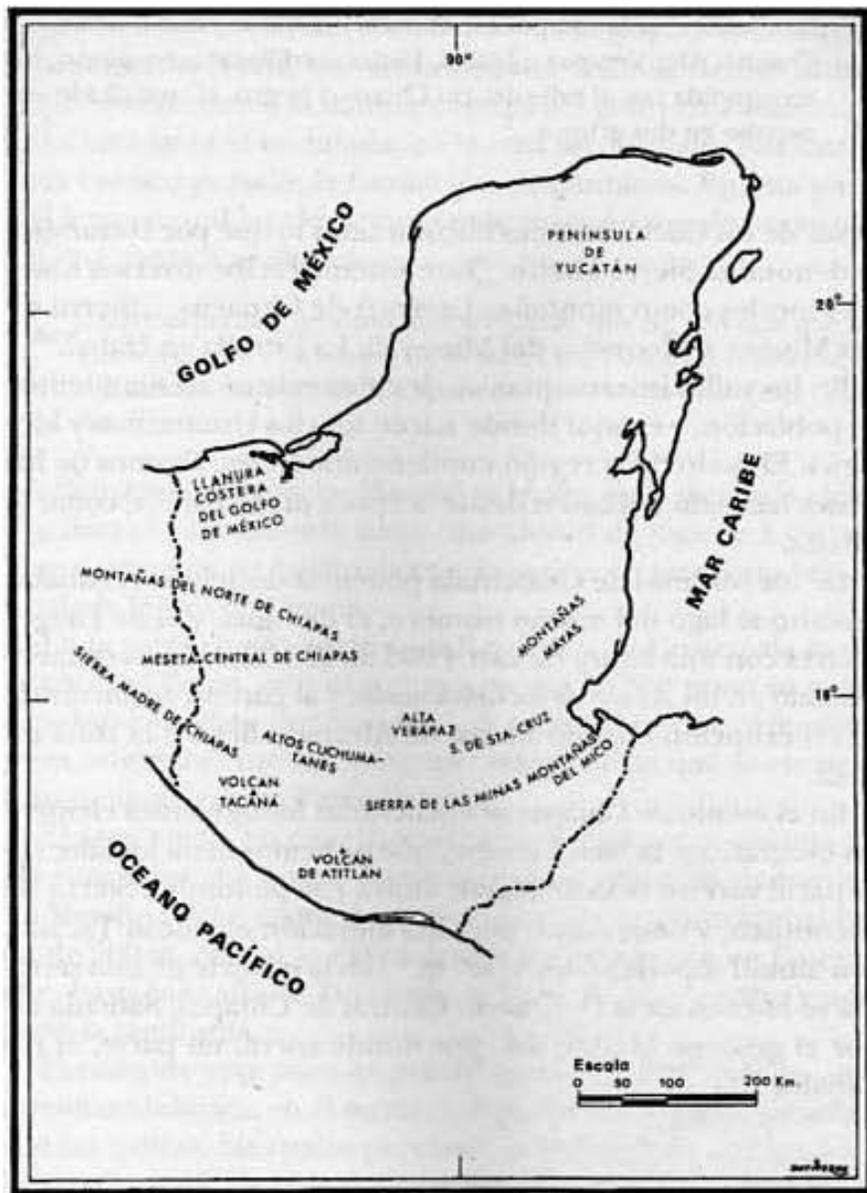
1. Principales rasgos del relieve en el área maya.....	54
2. Tierras altas y bajas del área maya en la república mexicana.....	55
3. Asentamientos lacandones.....	56
4. La “Zona Lacandona” tal como la decretó y autorizó el gobierno federal en 1972.....	57
5. - La “Zona Lacandona” y la Reserva de la Biosfera Montes Azules sobrepuesta en ella, 1978.....	58

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1.....	24
Frecuencias reportadas de los haplogrupos del mtDNA en poblaciones mayas antiguas y contemporáneas.	
Tabla 2.....	30
Posición y secuencia de los oligonucleotidos utilizados para las reacciones de amplificación por PCR.	
Tabla 3.....	33
Tabla 4.....	38
Frecuencia de los linajes mitocondriales en las comunidades de Nahá y Metzabok	
Tabla 5.....	38
Frecuencias de los linajes mitocondriales en nativoamericanos	
Tabla 6.....	41
Mayas	
Tabla 7.....	41
Haida	
Tabla 8.....	42
Aymara	
Tabla 9.....	42
Mapuche	
Tabla 10.....	44
Poblaciones aisladas con (n) mayor al 15% de la población total	
Tabla 11.....	45
Poblaciones no aisladas con (n) menor al 1% de la población total.	

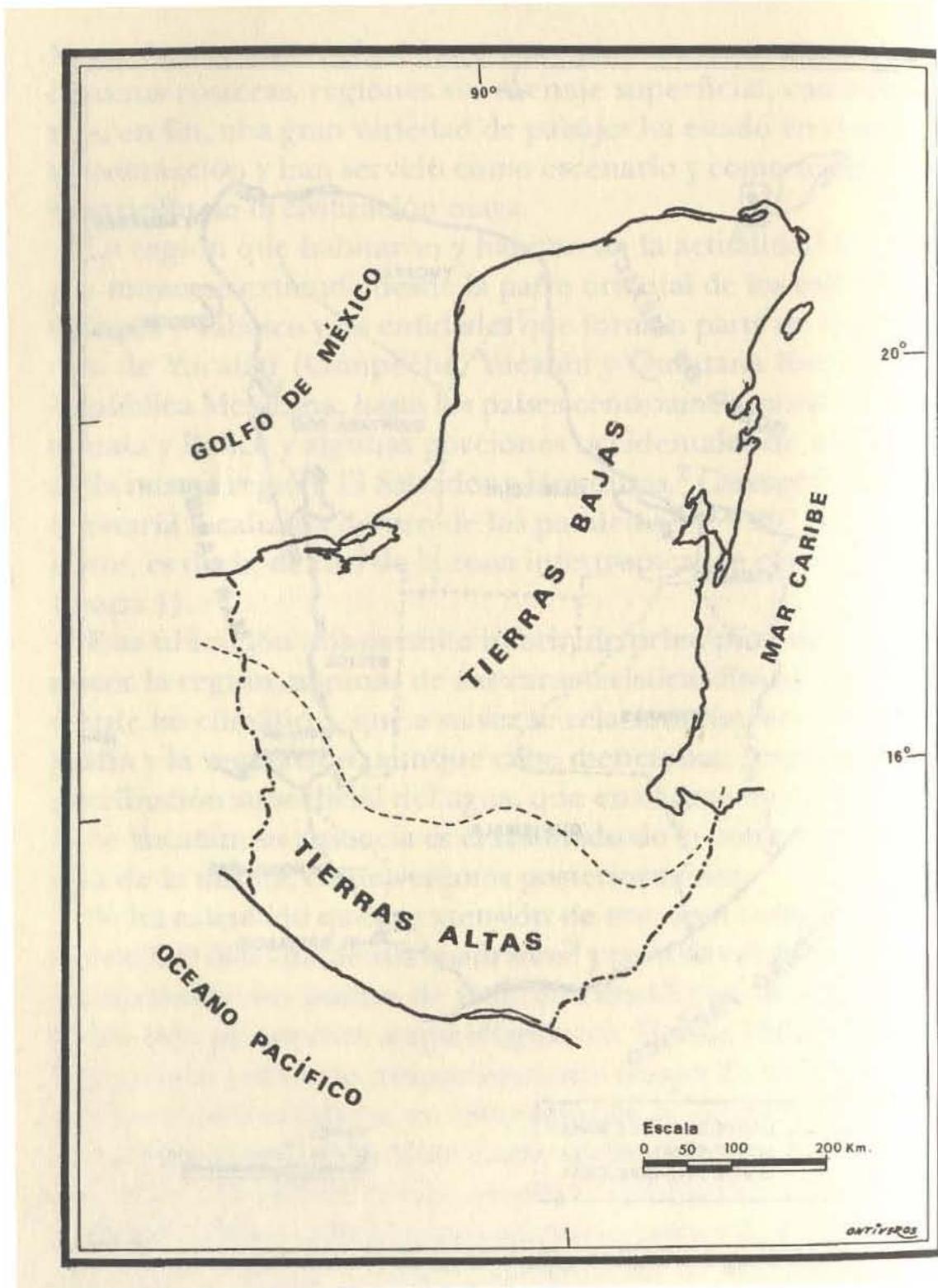
ÍNDICE DE FIGURAS

1. DNA mitocondrial humano.....	59
2. Tipos de unión entre los Hach Winik.....	60
3. Fotografía de dos hermanas esposas de un mismo individuo.	61
4. Molécula de DNA mitocondrial.....	62
5. Distribución de los haplogrupos A, B, C y D del mtDNA.....	63
6. Productos de amplificación del marcador genético Hae III 663.....	64
7. Restricción de los productos de amplificación con la enzima Hae III 663.....	65
8. Restricción de los productos de amplificación con la enzima Hinc II.....	66
9. Tipos comunes de entrecruzamientos consanguíneos.....	67
10. Matrimonios consanguíneos en las poblaciones humanas.....	68
11. Casos especiales de altos coeficientes de endogamia en poblaciones aisladas.....	69



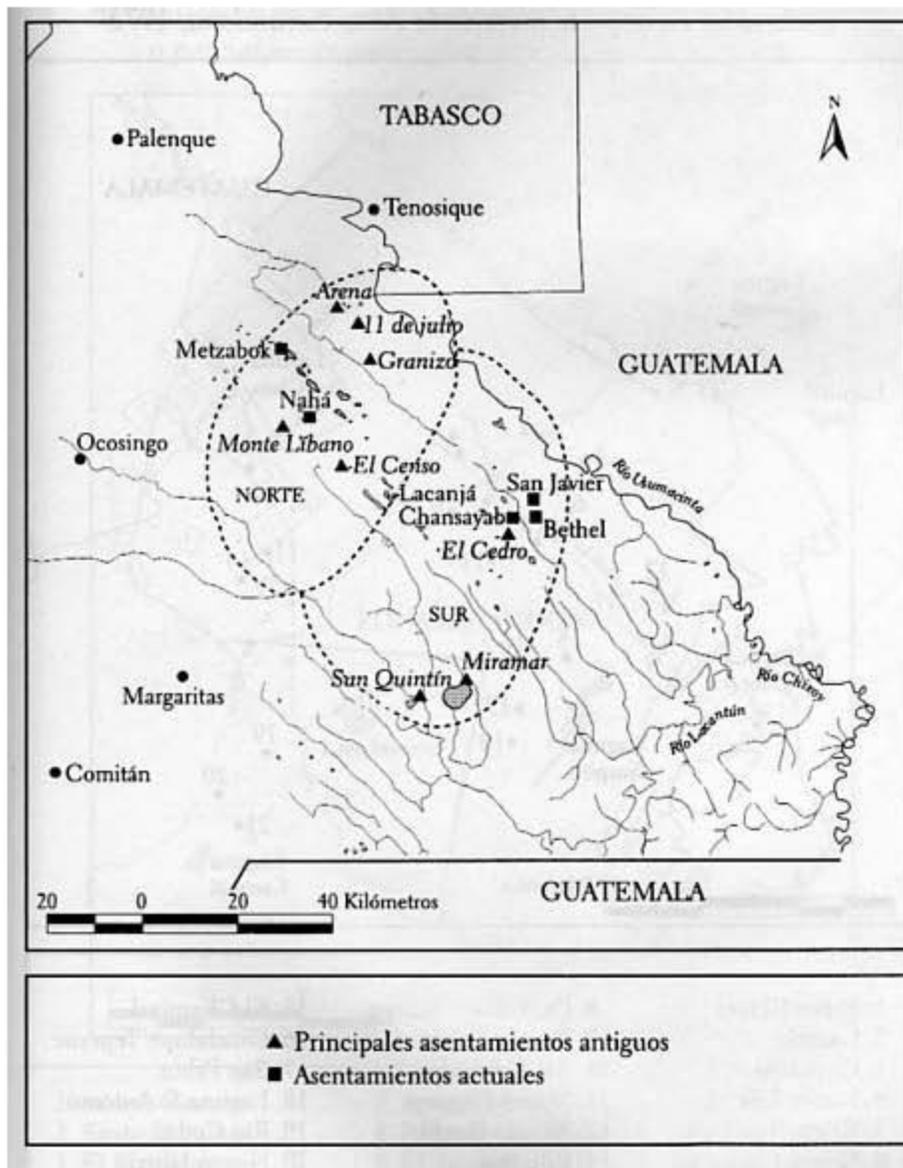
(Tomado de Bustos 1996).

Mapa 1.-Principales rasgos del relieve en el área maya.



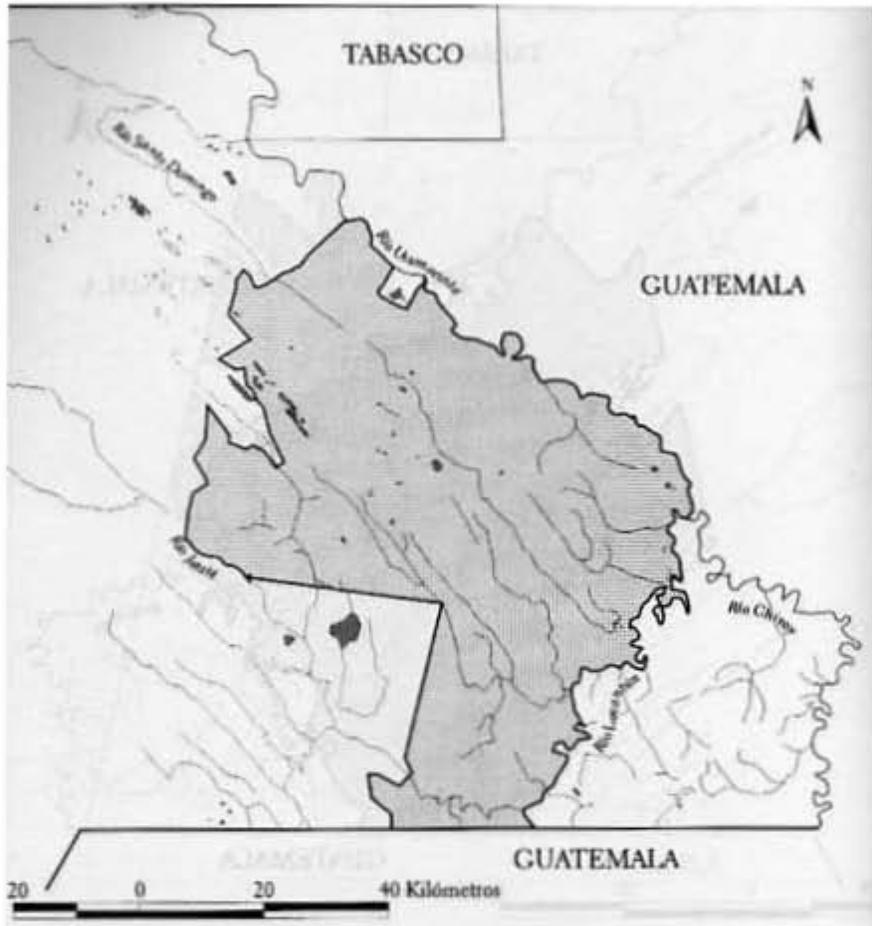
(Tomado de Bustos 1996)

Mapa 2.- Tierras altas y bajas del área maya en la república mexicana.



(Tomado de De Vos 1996)

Mapa 3.- Asentamientos lacandones.



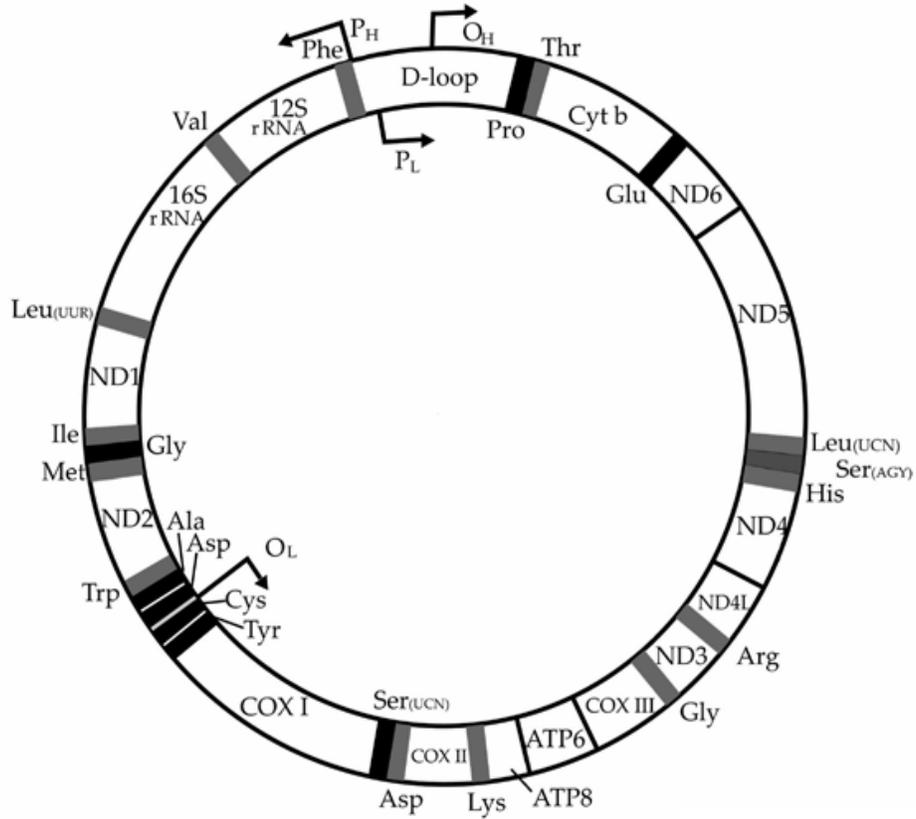
(Tomado de De Vos 2004)

Mapa 4. La “Zona Lacandona” tal como la decretó y autorizó el gobierno federal en 1972.



(Tomado de De Vos 2004)

Mapa 5.- La “Zona Lacandona” y la Reserva de la Biosfera Montes Azules sobrepuesta en ella, 1978.

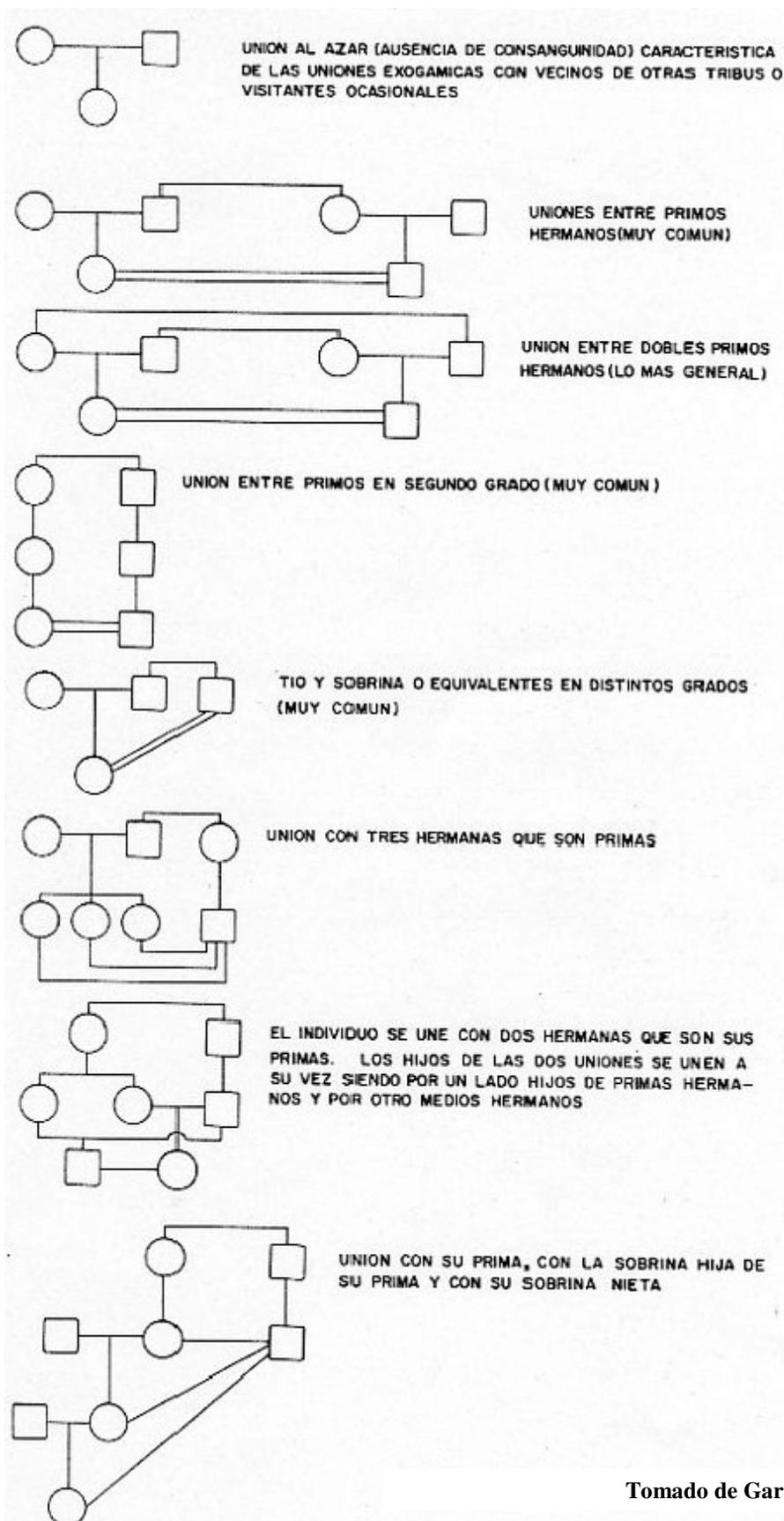


Tomado de Brandon et al. 2005

Fig. 1 DNA mitocondrial humano

Las bandas negro y gris representan tRNAs que transcriben para la hebra L y la hebra H respectivamente. El mtDNA es replicado desde dos orígenes, OH es el origen de la hebra H y OL el origen de la hebra L. PH y PL indican los promotores de la transcripción

Figura 2.- Tipos de unión entre los Hach Winik

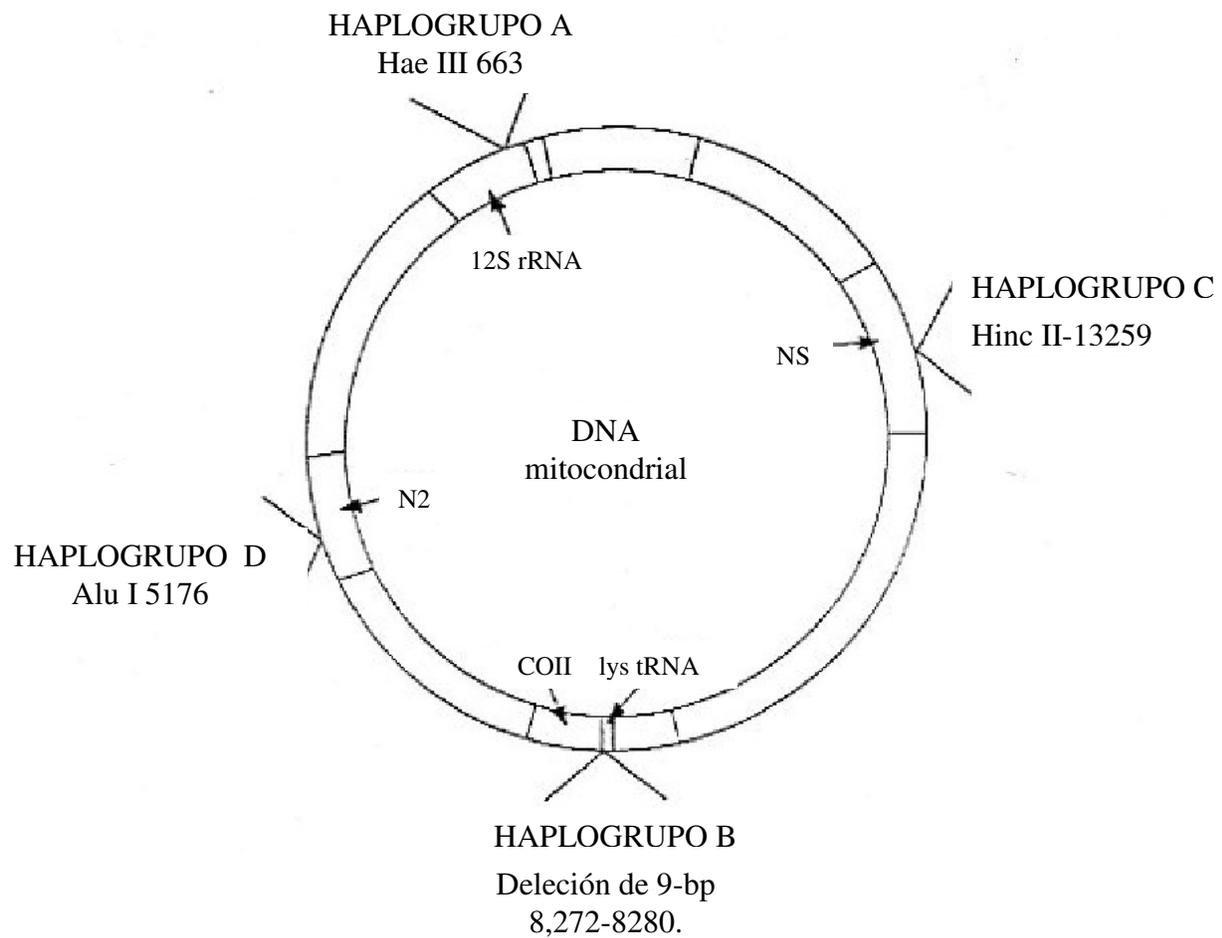


Tomado de Garay 1974 p. 12



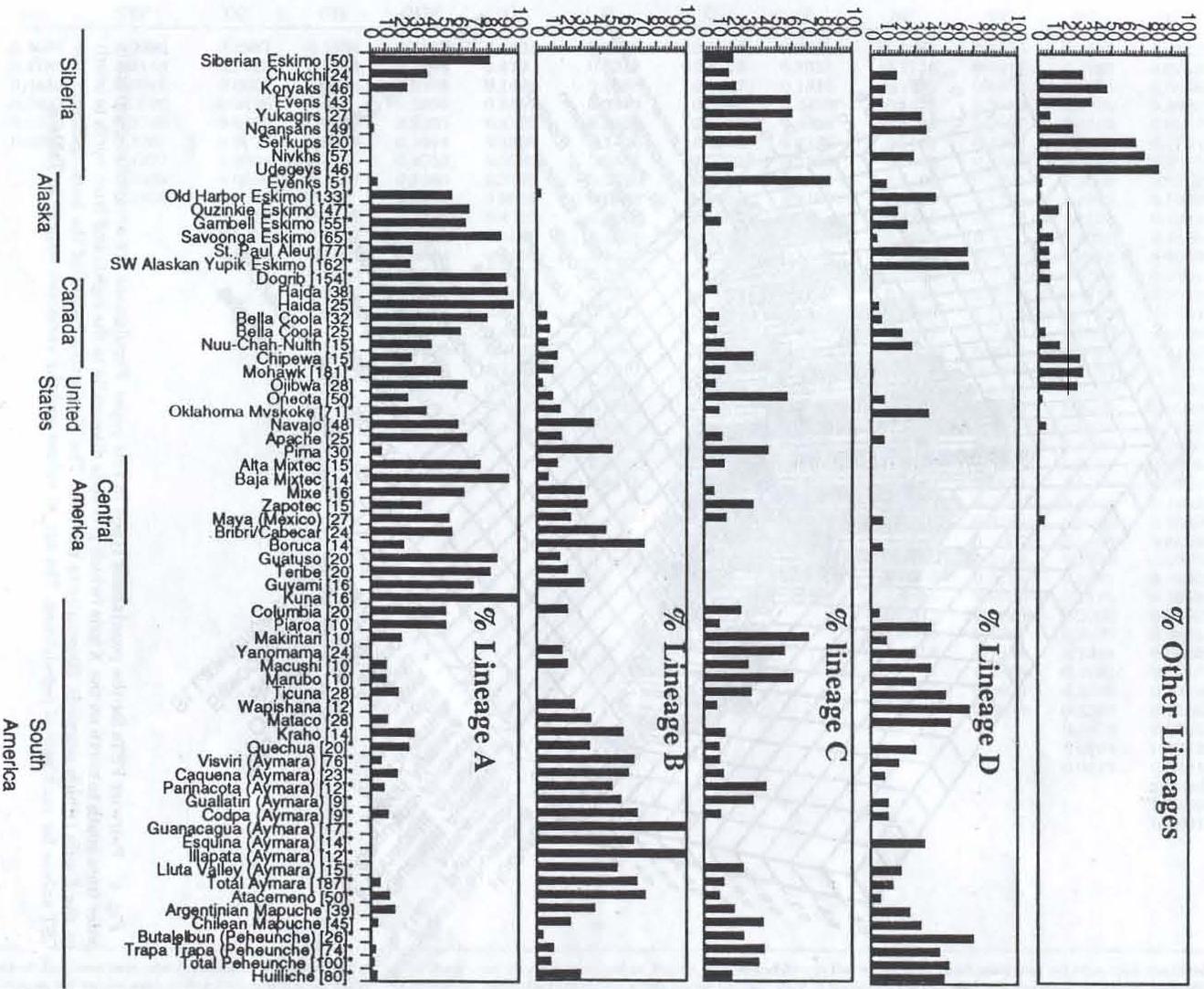
Foto: Mirsa Aguirre

**Figura 3.- Dos hermanas esposas de un mismo individuo.
Fotografía tomada en el 2004 durante la primer colecta.**



Tomado de Torrioni et al 1994

Figura 4.- Molécula de DNA mitocondrial. Haplogrupos A, B, C, y D; enzimas que los reconocen y posiciones en donde se da el sitio de corte o la delección de 9 bp. (Torrioni et al. 1992).



Tomado de Merritwether et al. 1995

Figura 5.- Distribución de los haplogrupos A, B, C y D del mtDNA.

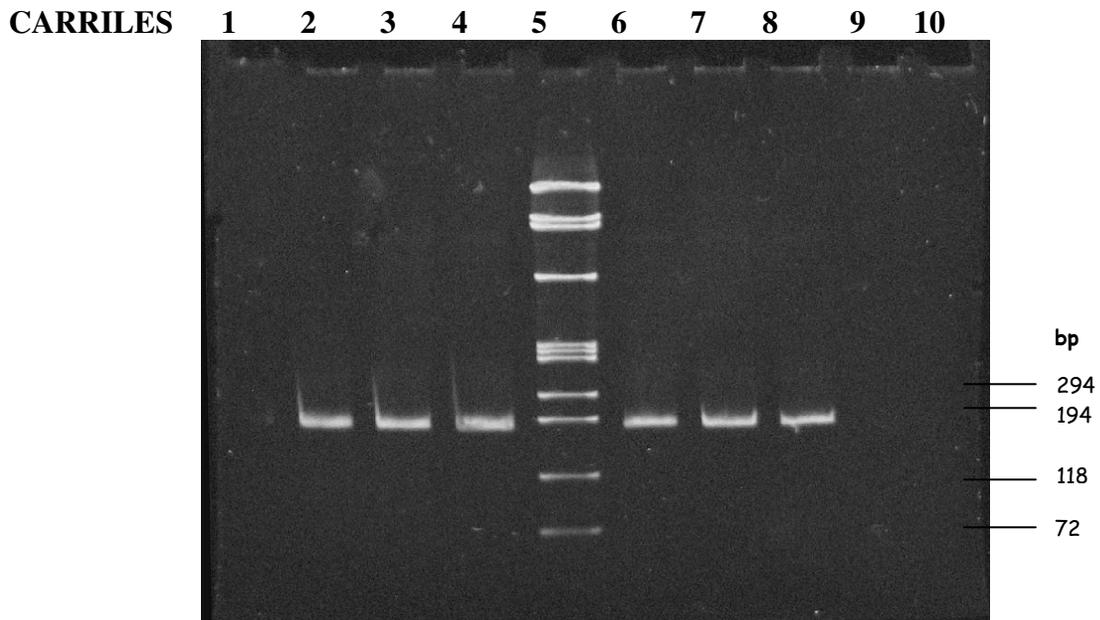


Figura 6.- Productos de amplificación del marcador genético Hae III 663, en un gel de poliacrilamida al 12% teñido con bromuro de etidio. Carriles 2, 3, 4, 6, 7 y 8 productos de distintos extractos de DNA de las muestras de los Hach Winik. El fragmento amplificado es de 176 bp. Carriles 9 y 10 controles negativos de la extracción y la amplificación. Carril 5.- Marcador de tamaño molecular Φ X174 /Hae III.

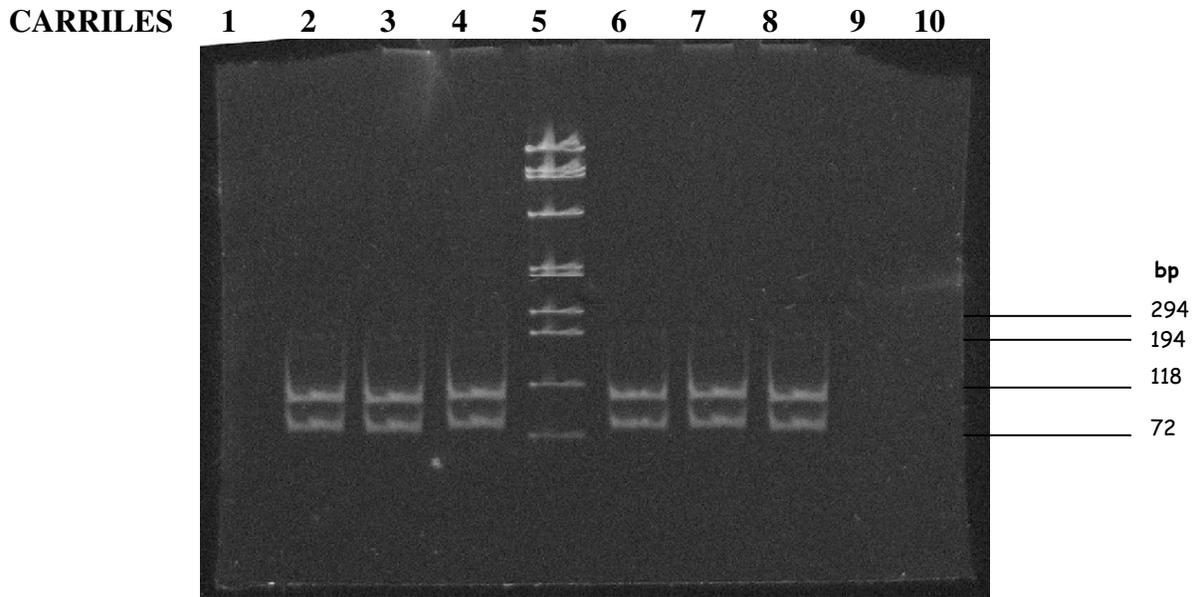


Figura 7.-Restricción de los productos de amplificación con 5 unidades de la enzima Hae III 663 a 37°C toda la noche en un gel de poliacrilamida al 14% teñido con bromuro de etidio. Carriles 2, 3, 4, 6, 7 y 8 muestran los fragmentos de restricción de 101 y 75 pb que definen al linaje A. El Carril 5 muestra el marcador de tamaño molecular Φ X174 /Hae III.

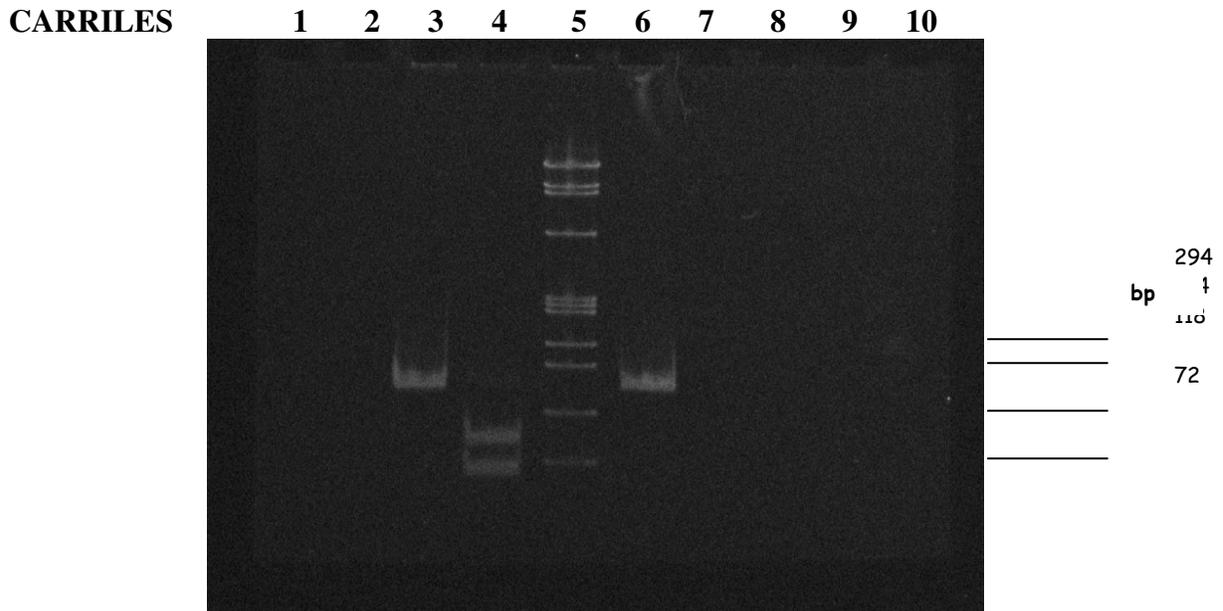


Figura 8. Restricción de los productos de amplificación con 5 unidades de la enzima Hinc II a 37°C toda la noche, en un gel de poliacrilamida al 12% teñido con bromuro de etidio. El tercer y sexto carril muestran un fragmento sin restricción de 149 pb (linaje C). El carril 4 muestra la restricción de 64 y 83 bp (no son linaje C). Carril 5.- Marcador del tamaño molecular Φ X174 /Hae III.

Figura 9.

Los tipos más comunes de cruzamientos consanguíneos, sus símbolos y coeficientes de endogamia: □ = hombre, ○ = mujer, ◇ = un individuo de cada sexo.

Tipo	Símbolo	Grado de relación		Coeficientes de endogamia (F)*	
		Costumbre católica romana	Código napoleónico	Completo	Medios
Tío(a)-Sobrino(a)		I en II	III	1/8	1/16
Primos hermanos		II	IV	1/16	1/32
Tío(a) segundo(a) sobrino(a) (1½)		II en III	V	1/32	1/64
Primos segundos		III	VI	1/64	1/128
Tío(a) tercero(a) sobrino(a) (2½)		III en IV	VII	1/128	1/256
Primos terceros		IV	VIII	1/256	1/512

* Los términos «completo» y «medio» se refieren a los dos individuos que empiezan la cadena de descendencia, que son los superiores del pedigree. Los designados con la palabra «completo» tienen ambos progenitores en común, y los designados con «medio», sólo uno.

Tomado de Cavalli-Sforza 1981.

Figura 10

Matrimonios consanguíneos en las poblaciones humanas. c.r. = católicos romanos; disp. = dispensas; los valores de α señalados con un asterisco incluyen matrimonios consanguíneos de pedigrées complejos no especificados en esta tabla.

Localización	Período cubierto	N.º total de matrimonios	Porcentaje				α	Procedencia de los datos	Autor
			Matrimonios Tío(a) sobrino(a)	Primos hermanos	Tío(a) segundo(a) sobrino(a)	Primos segundos			
Argentina (c. r.)	1956-1957	51,391	0,03	0,75	0,10	0,24	0,00058	Disp. c. r.	Freire-Maia (1968)
Bélgica	1918-1959	2,404,027	0,02	0,49	0,16	0,76	0,0005	Disp. c. r.	Twisselmann (1961)
Brasil (c. r.)	1956-1957	212,090	0,06	2,63	0,81	1,32	0,00225	Disp. c. r.	Freire-Maia (1968)
Canadá población francesa	1885-1895	23,410	0,05	2,03	1,10	3,60	0,0029*	Disp. c. r.	Laberge (1967)
	1915-1925	29,178	0,12	2,16	1,27	3,84	0,0032*		
	1945-1955	47,276	0,02	0,55	0,55	1,97	0,0013*		
	1955-1965	50,128	0,01	0,37	0,36	1,36	0,0009*		
Total	1959	51,729		0,37	0,24	0,91	0,00045	Disp. c. r.	Freire-Maia (1968)
Chile (c. r.)	1956-1957	28,596	0,07	0,80	0,29	0,15	0,00074	Disp. c. r.	
Colombia (c. r.)	1956-1957	34,470	0,02	1,25	0,58	1,10	0,00119	Disp. c. r.	
Cuba (c. r.)	1956-1957	2,277		0,53	0,26	0,04	0,00054	Disp. c. r.	
Francia									
Loir-et-Cher	1812-1954	212,837		1,35	0,33	1,24	0,0011	Disp. c. r. (archivos del obispado)	Sutter y Tabah (1955)
Finistère	1911-1953	243,859		1,02	0,39	2,01	0,0011		
Guinea Fouta-Djallon	1955	739		19,08	0,54	6,22	0,026	Registro	Cantrelle y Dupire (1964)
India Andra-Pradesh	1963	2,177	7,26	16,62			0,019	Registro	Dronamraju (1964)
Andra-Pradesh	1957-1958	6,945	9,23	33,30			0,032	Registro	Sanghvi (1966)
Italia								Disp. c. r. (Archivos del Vaticano)	Moroni <i>et al.</i> (en prensa)
	1911-1915	1,065,873	0,05	1,62	0,48	1,52	0,0015		
	1916-1920	999,383	0,06	2,17	0,48	1,75	0,0019		
	1921-1925	1,544,184	0,05	1,85	0,40	1,60	0,0018		
	1926-1930	1,305,323	0,04	1,51	0,35	1,54	0,0013		
	1931-1935	1,270,328	0,03	1,33	0,32	1,41	0,0019		
	1936-1940	1,463,042	0,02	1,19	0,27	1,25	0,0011		
	1941-1945	1,137,322	0,02	1,14	0,26	1,00	0,0010		
	1946-1950	1,733,270	0,03	1,18	0,36	1,25	0,0011		
	1951-1955	1,522,560	0,02	0,93	0,28	1,02	0,0009		
	1956-1960	1,646,612	0,01	0,77	0,23	0,89	0,0007		
Italia septentrional	1640-1699	22,229		0,01	0,03	0,26	0,00007*	Disp. c. r. (archivos del obispado)	Moroni (1967b)
	1700-1799	59,509		0,04	0,07	0,30	0,00012*		
	1800-1899	127,133	0,01	0,32	0,23	1,03	0,00053*		
	1900-1965	141,508	0,02	0,67	0,25	1,21	0,00077*		
Cerdeña	1800-1849	57,745		0,26	0,28	1,66	0,00058*	Disp. c. r. (archivos del obispado)	Moroni (1966)
	1850-1899	176,666	0,03	1,09	0,75	2,59	0,00165*		
	1900-1965	466,189	0,03	1,66	0,56	1,95	0,00167*		
Japón (promedio de varios lugares)	Varios en el siglo XX	152,790		6,15	1,33	2,28	0,0046		Schuli y Neel (1965)
México (c. r.)	1956-1957	28,292		0,17	0,15	0,95	0,00031	Disp. c. r.	Freire-Maia (1966)
Países Bajos	1906-1918	572,932	0,04	0,66			0,00005	Archivos estatales	Polman (1955)
	1937-1948	843,005	0,02	0,15			0,00001		
España	1911	~ 138,600	0,07	1,74	0,60	2,43	0,00185*	Disp. c. r. (Archivos del Vaticano)	Cisternas y Moroni (1967)
	1925	~ 157,000	0,09	1,87	0,58	2,48	0,00197*		
	1930	~ 170,000	0,07	2,00	0,57	2,70	0,00203*		
EE.UU. (c. r.) mormones	1959-1960	133,228		0,08	0,02	0,11	0,00009	Disp. c. r. Archivos	Freire-Maia (1968) Woolf <i>et al.</i> (1956)
	1920-1940	132,524		0,61			0,00038		

Tomado de Cavalli-Sforza 1981.

Figura 11.

Casos especiales de altos coeficientes de endogamia en poblaciones aisladas.

<i>Población aislada y región</i>		<i>Período</i>	<i>Valores de α</i>	<i>N.º de indiv.</i>	<i>Autor</i>
S-Leuts (huteritas)	Dakota del sur y Minnesota	1874-1960	0.0216	5450	Mange (1964)
Dunkers	Pensilvania	1950	0.0254	350	Glass <i>et. al.</i> (1952)
Samaritanos	Israel y Jordania	1933	0.0434	350	Bonné (1963)
Tristan de Cunha		1938	0.0365	~ 300	Bailit, Damon y Amon (1966)
Islas Eolias		1825-44	0.0033	11,800	Moroni (1967b)
		1885-99	0.0092		
		1900-1917	0.0101		
		1918-1949	0.0059		
		1950-1966	0.0031		
Rama Navajo	Nuevo México	las 4 últimas generaciones	0.0080	614	Spuhler y Kluckhohn (1953)

Tomado de Cavalli-Sforza 1981

Lista de abreviaturas y siglas usadas

DNA.	Acido desoxiribonucleico.
DNAmt	DNA mitocondrial.
ONU	Organización de las Naciones Unidas
UNESCO	Organización de las Naciones Unidas para la Educación la Ciencia y la Cultura
PNUMA~CBD	Programa de las Naciones Unidas para el Medio Ambiente~Convención de la diversidad Biológica
FAO	La Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación
nm.	Nanómetros.
PCR.	Reacción en cadena de la polimerasa.
RFLPs.	Polimorfismos de la longitud de los fragmentos de la restricción.
DNTPs.	Desoxirribonucleótidos trifosfatados.
RNA.	Ácido ribonucleico.
tRNA	RNA de transferencia.
rRNA.	RNA ribosomal.
L.	Cadena ligera.
H.	Cadena pesada.
tRNApro.	RNA de transferencia para prolina.
tRNAphe.	RNA de transferencia para fenilalanina.
D-loop.	Asa de desplazamiento.
bp.	Pares de bases.
HVI.	Región hipervariable I.
HVII.	Región hipervariable II.
INEGI.	Instituto Nacional de Estadística, Geografía e Informática.
µg.	Microgramos.
ml.	Mililitro.
mM.	Milimol.
µM.	Micromol.
U.	Unidades.
EDTA.	Etilen-Diamino-Tetra Ácético.
TBE.	Tris Borato EDTA.
UV.	Ultravioleta.
µl.	Microlitro.
BSA.	Suero albúmina bovino.
mg.	Miligramos.

10. BIBLIOGRAFÍA

1972-III-6. "Resolución sobre reconocimiento y titulación a favor del núcleo de población zona Lacandona, municipio de Ocosingo, Chiapas, de una superficie de seiscientos catorce mil trescientas veintiuna hectáreas de terrenos comunales". 1971-XI-26. México. Diario Oficial de la Federación. 10-13.

Anderson S., Bankier A. T., Barrell B. G., Bruijn M. H. L., Coulson A. R., Drouin J., Eperon I. C., Nierlich D. P., Roe B. A., Sanger F., Schreirer P. H., Smith A. J. H., Staden R. y Yung I. G. 1981. Sequence and organization of the human mitochondrial genome. *Nature* 290: 457-465.

Aréchiga J. 1996. La antropología Física en el estudio de los grupos mayas. En: *Los Mayas. Su tiempo antiguo*. México. UNAM. IIF. 43-64.

Baer P. y Merrifield W. R. 1972. *Los lacandones de México*. México. INI.

Bailliet G., Rothhammer, F., Carnese, F.R., Bravi, C.M. y Bianchi, N.O. 1994. Founder mitochondrial haplotypes in Amerindian populations *Am. J. Hum. Genet.* 55: 27-33.

Bazua S. 1981. *Los lacandones*. México. Instituto Nacional Indigenista.

Blom F. y Duby G. 1955. *La selva Lacandona*. México. Cultura.

Bolnick D. A. y Smith D. G., 2003. Unexpected Patterns of Mitochondrial DNA Variation among Native Americans from the Southeastern United States. *Am. J. Phys. Anthropol.* 122:336-354.

Brandon M. C., Lott M. T., Cuong N. K., Spolim S., Navathe S. B., Baldi P. y Wallace D. C. 2005. MITOMAP: a human mitochondrial genome database-2004 update. *Nucleic Acids Research* 33:D611-D613.

Brown M. D., Hossein S. H., Torroni A., Bandelt H. J., Allen J. C., Schurr T. G., Scozzari R., Cruciani F., y Wallace D. C. 1998 mtDNA Haplogroup X: An Ancient Link between Europe/Western Asia and North America?. *Am. J. Hum. Genet.* 63:1852-1861.

Bustos G. El paisaje Natural. En: *Los Mayas. Su tiempo antiguo.* México. UNAM. IIF. 21-42.

Cann. R. L., Stoneking M. y Wilson A. C. 1987. Mitochondrial DNA and human evolution. *Nature* 325:31-36.

Caso B. L. 2004. *Vidas fugitivas: los pueblos mayas de huidos en Yucatán. Historia de la vida cotidiana en México.* México. Fondo de Cultura Económica. 473-494.

Cavalli-Sforza L.L. 1981. *Genética de poblaciones humanas.* Barcelona. Omega.

Clark E. J. 2000. *Los pueblos de Chiapas en el Formativo: Las culturas de Chiapas en el periodo prehispánico.* México. CONACULTA-CONECULTA.

Coe M. D. 1996. *The Maya: Ancient peoples and places.* London. Thames and Hudson.

Comas J. 1996. Características físicas de la familia lingüística maya. México. UNAM/IIH. *Serie Antropología* 20:5-95.

De la Maza R. 1997. *El Paisaje: La visión primigenia.* En: *Selva Lacandona: Un paraíso en extinción.* México. Pulsar.

Del Moral R. 1996. *La familia lingüística.* En: *Los mayas. Su tiempo antiguo.* México. UNAM/IIF. 65-84.

De Vos J. 1988. Oro verde, la conquista de la selva Lacandona por los madereros tabasqueños, 1822-1949. México. Gobierno del Estado de Tabasco/Fondo de Cultura Económica.

De Vos J. 1996. La paz de Dios y del Rey. La Conquista de la Selva Lacandona (1525-1821). México. Fondo de Cultura Económica. Secretaría de Educación y Cultura de Chiapas.

De Vos J. 2004. Una tierra para sembrar sueños. Historia reciente de la Selva Lacandona. 1950- 2000. México. Fondo de Cultura Económica/ CIESAS.

De Vos J. 2004. El lacandón: Una introducción Histórica. En: Chiapas. Los rumbos de otra historia. México. UNAM/CIESAS. 331-361.

Dirzo R.; De la Maza J. y Soberón J. 1989. Elementos para una propuesta de manejo de la Estación Chajul (SEDUE), en la Selva Lacandona. México. Centro de Ecología. UNAM.

Easton R. D., Merriwether A., Crews D. E. y Ferrell R. E. 1996. mtDNA Variation in the Yanomami: Evidence for Additional New World Founding Lineages. *Am. J. Hum. Genet.* 59:213-225.

Farrel R. E. 1998. RNA Methodologies A laboratory guide for isolation and characterization. USA. Academic Press.

Freeman S. y Herron J. C. 2002. Análisis Evolutivo. Pearson Educación. S. A. Madrid.

Fuentes F. y Guzmán. 1969. Recordación Florida. lib. III. Cap. 5. vol. 230. Madrid. Biblioteca de Autores Españoles. 268-272.

Garay A. L., Cobo D. L. y Bowman. J. 1975. Relaciones familiares en el pedigree de los lacandones de México. México. Anales del INAH. 1-45.

Garrigan D. y Hammer M. F. 2006. Reconstructing human origins in the genomic era. *Nature Reviews Genetics* 7:669-673.

Ginther C., Corach D., Penacino G. A., Rey J. A., Carnese F. R., Hutz M. H., Anderson A., Just J., Salzano F. M. y King M. C. 1993. Genetic variation among the Mapuche Indians from the Patagonian region of Argentina: Mitochondrial DNA sequence variation and allele frequencies of several nuclear genes. En *DNA fingerprinting: State of the Science*. Basel: Birkhauser. 211-219.

Gómez-Pompa, A. 1992. Una visión sobre el manejo del trópico húmedo de México. en: Vásquez-Sánchez, M. A. y Ramos M. Reserva de la Biosfera Montes Azules. Selva Lacandona. México. Investigación para su conservación. Publicaciones Especiales. Ecosfera. No. 17-18 pp.

González-Oliver A., Márquez-Morfin L., Jiménez J. C. y Torre-Blanco A. 2001. Founding Amerindian Mitochondrial DNA Linajes in Ancient Maya from Xcaret, Quintana Roo. *Am. J. Phys. Antropol.* 116:230-235.

González-Oliver A. 2001. Análisis de los linajes fundadores del DNA mitocondrial en los restos óseos de pobladores prehispánicos del sitio maya de Xcaret, Quintana Roo. Tesis doctoral. Biología. México. Facultad de ciencias. UNAM.

Greenberg J. H. 1987. *Language in the Americas*. Stanford. Stanford University.

Hayes M. G. 1998. Mitochondrial DNA Variation of ancient Aleuts. *Am. J. Phys. Anthropol.* 26:95.

Hey J. 2005. On the Number of New World founders: A population Genetic Portrait of the peopling of the Americas. *Plos Biology*. 3 e193:0001-0011.

Horai S., Kodo R., Nakagawa-Hattori Y., Hayashi S., Sonoda S. y Tajima K. 1993. Peopling of the Americas, founded by four major lineajes of mitochondrial DNA. *Mol. Biol. Evol.* 10:23-47.

Hurtado H. y Miranda CH. 1988. La cultura material y el medio selvático en la reproducción social de los lacandones de Metzabok. Tesis de licenciatura. Etnología. México. ENAH/INAH-SEP.

Instituto Nacional de Estadística, Geografía e Informática. 2005. Censo General de Población y Vivienda México. INEGI.

Kemp B. M., Reséndez A., Román B. J. A., Malhi R. S. y Glenn S. D. 2005. An Analysis of Ancient Aztec mtDNA from Tlatelolco: Pre-Columbian Relations and the Spread of Uto-Aztecan. *Biomolecular Archaeology: Genetic Approaches to the Past*. 32:22-45.

Kesley V. y De Jong O. L. 1955. Caribes y lacandones dos tribus Guatemaltecas. *Geografía Americana* Vol. XXX:231.

Kolman C. J. y Bermingham. 1997. Mitochondrial and Nuclear DNA Diversity in the Choco and Chibcha Amerinds of Panamá. *Genetics*. 147:1289-1302.

Kimura M. 1983. *The Neutral Theory of Molecular Evolution*. Cambridge University Press.

Lalueza-Fox C. (1996a). Ancient mtDNA analysis in extinct aborigines from Tierra del Fuego/Patagonia. *Ancient Biomolecules* 1:43-54.

Lalueza-Fox C. (1996b). Mitochondrial DNA haplogroups in four tribes from Tierra del Fuego-Patagonia: inferences about the peopling of the Americas. *Hum. Biol.* 68:855-871.

Lalueza-Fox, C., Luna-Calderon, F., Calafell, F. y Bertran-petit. 2001. MtDNA from extinct Tainos and the peopling of the Caribbean. *Ann. Hum. Genet.* 65:137-151.

Lalueza-Fox, C., Gilbert, M. T. P., Martínez-Fuentes, A. J., Calafell, F. y Bertran-petit. 2003. Mitochondrial DNA from Pre-Columbian Ciboneys from Cuba and the Prehistoric Colonization of the Caribbean. *Am. J. Phys. Anthrop.* 121: 97-108.

Lastra Y. 1986. Las lenguas indígenas de Guatemala. En: *Dinámica Maya Los refugiados guatemaltecos*. México. Fondo de Cultura Económica. 143-152.

Lisker R. 1986. Caracterización antropológica de residentes del sureste de México y norte de Guatemala En: *Dinámica Maya Los refugiados guatemaltecos*. México. Fondo de Cultura Económica. 117-128.

Lorenz J. G. y Smith D. G. 1996. Distribution of four Founding mtDNA haplogroups among Native North Americans. *Am. J. Phys. Anthropol.* 101:307-323.

Nei M. 1987. *Molecular Evolutionary Genetics*. New York, NY. Columbia University.

Malhi R. S., Eshleman J. A., Greenberg J. A., Weiss D. A., Schultz S. B. A., Kaestle F. A., Lorenz J. G., Kemp B. M., Johnson J. R. y Smith D. G. 2002. The Structure of Diversity within New World Mitochondrial DNA Haplogroups: Implications for the Prehistory of North America. *Am. J. Hum. Genet.* 70:905-919.

Malhi R. S., Mortensen H. M., Eshleman J. A., Kemp B. M., Lorenz J. G., Kaestle F. A., Johnson J. R., Gorodezky C. y Smith D. G. 2003. Native American mtDNA Prehistory in the American Southwest. *Am. J. Phys. Anthropol.* 120:108-124.

Malhi R. S., Schultz B. A. y Smith D. G. 2001. Distribution of mitochondrial DNA lineages among Native American tribes of northeastern North America. *Hum. Biol.* 73:17-55.

Malhi R. S. y Smith D. G. 2002. Brief Communication: Haplogroup X Confirmed in Prehistoric North America. *Am. J. Phys. Anthropol.* 119:84-86.

Matzon G. A. y Swanson C. 1961. "Distribution of hereditary blood antigens among American Indians in México and Guatemala" *Am. Anthropol.* 63: 1292-1322.

Mittermeier R. A. y Goettsch C. 1997. Megadiversidad: Los países biológicamente más ricos del mundo. México. CEMEX.

Marion M. O. 1991. El Poder de las hijas de la luna: Sistema simbólico y organización social de los lacandones. México. INAH-Plaza y Valdés.

Marion M. O. Los hombres de la selva. Un estudio de tecnología cultural en medio selvático. México. Colección regiones de México. INAH.

Merriwether D. A., Reed D. M. y Ferrell R. E. 1997. Ancient and contemporary mitochondrial DNA variation in the Maya: Studies of Ancient Skeletons. *Smithsonian Inst. Washinton.* 208-217.

Merriwether D. A., Rothhammer F. y Ferrell R. E. 1995. Distribution of the four founding lineage haplotypes in Native Americans suggest a single wave of migration for the New World. *Am. J. Phys. Anthropol.* 98:411-430.

Morrone J. J. 2005. Sistemática, Biogeografía y evolución: Los patrones de la biodiversidad en tiempo-espacio. México. UNAM.

Nations J. D. 1979. Population Ecology of the lacandon Maya. USA. Dallas Southern Methodist University.

Navia, C. S. 1988, Análisis Histórico del contacto de los grupos lacandones. Tesis de licenciatura. Etnología. México. ENAH. INAH-SEP.

O' Rourke D. H., Hayes M. G. y Carlyle S. W. 2000. Spatial and Temporal Stability of mtDNA Haplogroup Frequencies in Native North America. *Human Biology* 72:1:15-34.

Rivero T. S. Laguna Miramar, Chiapas, México. Una aproximación histórica-arqueológica de los lacandones desde el clásico temprano. México. Serie Antropología, Gobierno del Estado de Chiapas.

Rouse I. 1986. *Migrations in Prehistory*. New Haven. Yale University.

Ruiz-Pesini E. Mishmar D. Brandon M. Procaccio V. y Wallace D.C. 2004. Effects of Purifying and Adaptive Selection on Regional Variation in Human mtDNA. *SCIENCE* 303:223-226.

Sambrook J, Fritsch E. F. y Maniatis T. 1989. *Molecular cloning. A laboratory manual*. NY. Cold Spring Harbor.

Schurr T. G., Scott W., Ballinger S. W., Gan Y. Y., Hodge J. A. Merriwether D. A., Lawrence D. N., Knowler W. C., Weiss K. M. y Wallace D. C. 1990. Amerindian mitochondrial DNAs have rare Asian mutations at high frequencies suggesting they derived from four primary maternal lineages. *Am. J. Hum. Genet.* 46:613-623.

Smith, D. G., Malhi. R. S., Eshleman J., Lorenz J. G. y Kaestle F. A. 1999. Distribution of mtDNA Haplogroup X among Native North Americans. *Am. J. Phys. Anthropol.* 110:271-284.

Smith D. G., Lorenz J., Rolfs B.K., Bettinger R. L., Green B., Eshleman J., Schultz B. y Malhi R. 2000. Implications of the Distribution of Albumin Naskapi and Albumin México for New World Prehistory. *Am. J. Phys. Anthropol.* 111:557-572.

Starikovskaya Y. B., Sukernik T. G. y Schurr T. G. 1998. mtDNA diversity in Chukchi and Siberian Eskimos: Implications for the genetic history of ancient Beringia and the peopling of the New World. *Am. J. Hum. Genet.* 63:1473-1491.

Stone A. C. y Stoneking, M. 1994. Ancient DNA From Pre-Columbian Amerindian Population. *Am. J. of Phys. Anthropol* 92: 463-471

Torroni A., Schurr T. G., Yang C-C., Szathmary E. J. E., Williams R. C., Schanfield M. S., Troup G. A., Knowler W. C., Lawrence D. N., Weiss K. M. y Wallace D. C. 1992. Native American mitochondrial DNA analysis indicates that the Amerind and the NaDene populations were founded by two independent migrations. *Genetics* 130:153-162.

Torroni A., Schurr T. G., Cabell M. F., Brown M. D., Neel J. V. Larsen M., Smith D. G. Vullo C. M. y Wallace D. C. 1993a. Asian affinities and continental radiation of the four founding Native American mtDNAs *Am. J. Hum. Genet.* 53:563-590.

Torroni A., Sukernik R. I., Schurr T. G., Starikovskaya Y. B., Cabell M. F., Crawford M. H., Comuzzie A. G. Y Wallace D. C. 1993b. mtDNA Variation of Aboriginal Siberians Reveals Distinct Genetic Affinities with Native Americans. *Am. J. Hum. Genet.* 53:591-608.

Torroni A., Neel J. V., Barrantes R., Schurr T. G. y Wallace D. C. 1994a. Mitochondrial DNA "clock" for the Amerinds and its implications for timing their entry into North America. *Am. J. Hum. Genet.* 91:1158-1162.

Torroni A., Chen Y., Semino O., Santachiara-Beneceretti A. S., Scott C. R., Lott M. T., Winter M. y Wallace D. C. 1994b. mtDNA and Y-Chromosome Polymorphis in Four Native American Populations from Southern Mexico. *Am. J. Hum. Genet.* 54:303-318.

Villa R. A. 1995. Estudios etnológicos: Los mayas. México. UNAM/IIA. Serie Antropológica: 38.

Odena L. 1995. Obras escogidas de Guillermo Bonfil. Tomo 3. México. INI/INAH/CONACULTA/CIESAS.

Wallace D. C, Garrison K. y Knowler W. C. 1985. Dramatic founder effects in Amerindian mitochondrial DNAs. *Am. J. Phys. Anthropol.* 68:149-155.

Walsh S. P., Metzger D. A. y Higuchi R. 1991. Chelex 100 as a Medium for Simple Extraction of DNA for PCR-based typing from forensic material. *BioTechniques*: 104:506-513.

Ward R. H., Redd A., Valencia D., Frazier B. y Pääbo S. 1993. Genetic and linguistic differentiation in the Americas. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 90:10663-10667.