



Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo

---

**INSTITUTO DE CIENCIAS BÁSICAS E INGENIERÍA**

**ÁREA ACADÉMICA DE BIOLOGÍA**

**LICENCIATURA EN BIOLOGÍA**

**“Evaluación del linaje genético materno de una  
población mestiza de México a partir de  
haplogrupos mitocondriales”**

**T E S I S**

**QUE PARA OBTENER EL TÍTULO DE  
LICENCIADO EN BIOLOGÍA**

**P R E S E N T A :  
MARÍA DE JESÚS VERGARA PÉREZ**

**DIRECTOR DE TESIS:  
DR. ANTONIO GONZÁLEZ MARTÍN**

**PACHUCA DE SOTO, HIDALGO.**

**2006.**

## DEDICATORIAS

A Dios por darme la oportunidad de seguir adelante.

A mis padres por su ánimo y el apoyo económico que siempre me han brindado, a pesar de todas las contrariedades a lo largo de nuestras vidas. Gracias también por su gran apoyo moral y el gran amor que me han dado sin condiciones.

A mis hermanos Erika, Antonio y Simón Jr.

A mi sobrina Lorena, a quien quiero mucho.

A toda mi familia por su apoyo moral. Ojalá que este esfuerzo sea una motivación en la lucha por sus ideales.

A David. Ojalá que estemos siempre juntos a lo largo del camino y que este lleno de momentos inolvidables.

A mis abuelos que ya no están conmigo.

## **AGRADECIMIENTOS**

Al Dr. Antonio González Martín de la Universidad Complutense de Madrid por su apoyo en la elaboración de la tesis.

A la Biol. Amaya Gorostiza Langa por haberme ayudado en la parte experimental y por sus comentarios para resolver problemas de interpretación de datos.

Al laboratorio de Sistemática Molecular de la Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo por prestarme los instrumentos necesarios para la realización de la tesis.

A la Dra. María del Carmen Sánchez por la revisión del presente trabajo y por sus comentarios en la estructuración de la tesis.

A la Dra. Consuelo Cuevas Cardona por formar parte del sínodo, por la revisión de la tesis, por el préstamo de bibliografía y sus comentarios tan valiosos.

A la Dra. Irene Goyenechea, jefa del departamento de Sistemática Molecular, por la disposición en todo momento y por la revisión de la tesis.

Al Dr. David Gernandt por haberme ayudado y enseñado la parte técnica de electroforesis y técnica de PCR para la realización de la tesis.

Al M. en C. Mario Segura Almaraz por haberme prestado sus instrumentos de fotografía desinteresadamente y sus valiosos comentarios hacia la tesis.

Al Biol. Ulises Iturbe Acosta por formar parte del sínodo y por la revisión del presente trabajo.

Al Departamento de Antropología e Historia en el Instituto de Ciencias Sociales y Humanísticas de la Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo por el apoyo técnico en todo momento.

A los alumnos de las licenciaturas de Biología e Historia por su apoyo en la donación de las muestras biológicas de sangre y cabello.

A la Dra. Ana Laura López Escamilla por haberme prestado parte del material que se necesitó para la obtención de los resultados de la presente tesis.

Al Dr. Ángel Moreno por formar parte del sínodo y la revisión de la tesis.

A mis amigos, Eréndira, Carmen, Yuri, Ingrid Luís, Paco y Jorge por la gran amistad que nos une, la ayuda prestada y el apoyo incondicional que me brindan en todo momento, por todo los ratos felices que hemos compartido.

Mil gracias a todos.

**DEDICATORIAS**

**AGRADECIMIENTOS**

**Resumen**..... 1

**1.- Introducción**.....2

    1.1.- Teorías sobre el origen del hombre

    1.2.- Modelo tri-híbrido de mestizaje en América

    1.3.- Poblamiento de América

    1.4.- Historia de la población del Estado de Hidalgo

**2.- Antecedentes**..... 12

    2.1.- Evolución humana

        2.1.1.- La mitocondria

**3.- Justificación**.....17

**4.- Objetivos**.....18

    4.1.- Objetivo general

    4.2.- Objetivos particulares

**5.- Material y Métodos**.....19

    5.1.- La población y el muestreo

    5.2.-Metodología en el laboratorio

        5.2.1.- Extracción: obtención de DNA

        5.2.2.- Amplificación de DNA mediante PCR

        5.2.3.- Obtención de haplogrupos y detección de frecuencias

    5.3.- Análisis estadísticos

        5.3.1.- Estructura genética intrapoblacional

        5.3.2.- Estructura genética interpoblacional

            5.3.2.1.- Árbol de distancias genéticas (Nei, 1987)

            5.3.2.2.- Diversidad genética

**6.- Resultados**.....25

    6.1.- Laboratorio

        6.1.1.- Reacción de amplificación de la polimerasa (PCR)

        6.1.2.- Digestión con enzimas de restricción y detección de haplogrupos

    6.2.- Análisis estadísticos

        6.2.1.- Estructura genética intrapoblacional

6.2.2.- Estructura genética interpoblacional	
6.2.2.1.- Árbol de distancias genéticas (Nei, 1987)	
6.2.2.2.- Diversidad genética	
<b>7.- Discusión</b> .....	31
7.1.- Estructura genética intrapoblacional	
7.2.- Estructura genética interpoblacional	
<b>8.- Conclusiones</b> .....	39
<b>9.- Bibliografía</b> .....	40
<b>10.- Anexo</b> .....	46
<b>11.- Glosario</b> .....	54

## Resumen

En el presente estudio se analizaron 97 muestras de sangre de una población mestiza de la Ciudad Universitaria, Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo en Pachuca, Hidalgo, México. Se realizó la extracción y amplificación del DNA mitocondrial mediante el método de Bailliet y colaboradores (1994). Las enzimas de restricción utilizadas para determinar las frecuencias de los haplogrupos amerindios (A, B, C, D) del DNA mitocondrial fueron: *HaeIII*, *HincII*, *AluI*, y *HpaI*. Además, se estudiaron los haplogrupos H y L como controles. Los resultados revelaron que la población mestiza de Pachuca presenta frecuencias que oscilan entre los cuatro haplogrupos amerindios. Estos resultados sugieren que la población mestiza analizada presenta un aporte genético mitocondrial nahua y mazahua, de tal manera que los análisis estadísticos revelaron que el modelo de mestizaje fue, principalmente, mediante el cruzamiento de mujeres indígenas locales y varones procedentes de otras regiones del mundo.

# 1.- Introducción

La presente tesis propone un estudio de la variabilidad genética de los mestizos de una muestra tomada en Pachuca con base en los haplogrupos del DNA mitocondrial. Esta metodología se basa, a su vez, en los procesos evolutivos que han dado como resultado la diversidad humana actual. Por este motivo, es interesante hacer un breve repaso de los aspectos más significativos y de las teorías más relevantes sobre la evolución de la especie motivo de estudio, el *Homo sapiens*. Los datos procedentes de la genética molecular aportan información valiosa que se puede interpretar de forma acertada y rigurosa.

## 1.1.-Teorías sobre el origen del hombre

Existen básicamente dos modelos teóricos que explican el origen y la dispersión de los humanos, el modelo multirregional y el de “Out of Africa”, también conocido como *Eva mitocondrial* (Boyd y Silk, 2001).

**Modelo multirregional.** Según esta hipótesis el *Homo sapiens* evolucionó a partir de distintas poblaciones de homínidos durante el Pleistoceno, cuando se hallaban aisladas unas de otras. Este modelo presume una continuidad regional de la anatomía: el *Homo erectus* da lugar al *Homo sapiens* en distintos puntos, así, sostiene un origen múltiple del *Homo sapiens*. También propone que hubo flujo genético entre grupos de *Homo erectus* durante su proceso evolutivo independiente. Es decir, los asiáticos, los australianos autóctonos, los europeos y los africanos, evolucionaron, más o menos, en el mismo lugar donde hoy se encuentran (Adcock *et al.*, 2001; Soler, 2003).

**Modelo “Out of Africa” (Saliendo de África).** Este modelo se sustenta en el principio de migración-sustitución; se produce la aparición del hombre moderno en África y reemplaza, al migrar, a las antiguas poblaciones de *Homo erectus* que estaban ya asentadas en diferentes lugares de Asia, igual que a los neandertales en Europa. Esta

teoría se sustenta en los estudios de DNA mitocondrial y en el registro fósil (Salas *et al.*, 2002). No tiene continuidad regional de la anatomía ya que el *Homo sapiens* reemplaza al *H. erectus* y a *H. neanderthalensis*. Así, se sostiene un origen único para los *Homo sapiens*: África. Se sabe hoy en día, mediante los estudios de DNA mitocondrial, que las poblaciones actuales de Europa, Asia y los aborígenes australianos son genéticamente muy próximas y que las primeras poblaciones modernas que habitaron estas regiones, hace unos 20,000 ó 30,000 años, se parecían también mucho unas a otras (Andrews, 1986; Cann *et al.*, 1987; Stringer y Andrews, 1988).

### **1.2.- Modelo tri-híbrido de mestizaje en América**

La población de Pachuca en el Estado de Hidalgo (México) es eminentemente mestiza. Por lo tanto, para comprender los resultados de la presente investigación, es importante analizar el modelo que ha dado lugar a la población mestiza de América, en general, y de México, en particular. Este modelo se conoce como *modelo tri-híbrido de mestizaje*, ya que presupone que los genes que conforman la población mestiza actual proceden de tres regiones geográficas bien diferenciadas: América, Europa y África. Este modelo es una extensión del modelo di-híbrido que suponía que la población mestiza sólo había tenido aporte de los grupos aborígenes americanos y europeos (González-Martín, 2005).

Hasta hace relativamente pocos siglos, y debido al aislamiento de las poblaciones humanas y otros fenómenos como la deriva genética, cuellos de botella y el efecto fundador, la tendencia entre grupos humanos había sido diferenciarse genéticamente. De ahí, la gran diversidad y existencia de marcadores genéticos que caracterizan a las poblaciones espacial y temporalmente. De esta manera, la historia evolutiva de nuestra especie presenta dos fases. Una *fase de divergencia* que permitió al hombre acumular diferencias genéticas y morfológicas entre grupos humanos. Esta fase duró aproximadamente ciento cincuenta mil años y aunque hubo flujo genético entre las

poblaciones, no fue lo suficientemente importante como para compensar las divergencias genéticas provocadas por el aislamiento de los grupos humanos y el efecto de la deriva genética que actuaba sobre poblaciones relativamente pequeñas. La segunda fase, conocida como de *convergencia*, se dio en particular en América en los últimos quinientos años. Es una fase en la que estuvieron implicados importantes eventos demográficos, que han producido los procesos de mestizaje más intensos en nuestra especie y en la que se centra el presente trabajo (Crawford, 1992; Lewin, 1994; Bonatto y Salzano, 1997; Acuña, 2005; González-Martín, 2005). Estos dos procesos constituyen la base del modelo tri-híbrido de mestizaje.

Un ejemplo de estos procesos se observa en la Figura 1. De acuerdo con la hipótesis “Out of Africa” las poblaciones de *Homo sapiens* procedentes de África ( $P_0$ ) se diversificaron en diferentes regiones del mundo. Estas poblaciones de *Homo sapiens* aisladas dieron como resultado la aparición de diferencias en su estructura genética. Diferencias que hoy pueden ser rastreadas con marcadores genéticos o, para los diferentes grupos humanos, haplogrupos. Un haplogrupo está determinado por los polimorfismos de las diferentes secuencias genéticas posibles que puede tener un locus determinado, son específicos continentalmente y se codifican con una letra (Richards *et al.*, 2000). A este proceso se le denomina de aislamiento y divergencia. En la gráfica estas diferentes poblaciones se expresan a nivel continental (González-Martín, 2005).

En el caso de México este modelo resume al mestizaje producto de la mezcla entre grupos autóctonos del continente con europeos llegados a partir del siglo XVI (Lisker, 1981). Además, a estos grupos hay que añadirle los genes aportados por grupos africanos que posteriormente llegaron al continente a través de la venta y trata de esclavos (González-Martín, 2005).

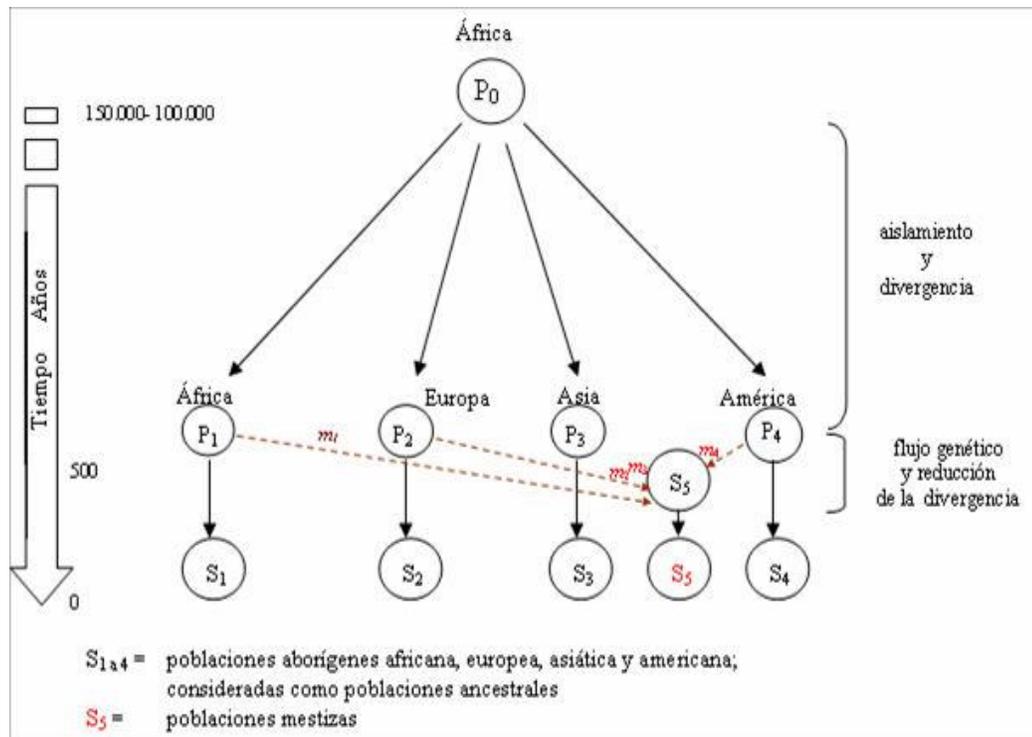


Figura 1. Modelo Tri-híbrido de Mestizaje, donde el flujo génico se expresa con los términos  $m_1$ ,  $m_2$  y  $m_4$  (González-Martín, 2005).

El flujo genético es uno de los fenómenos biológicos de gran importancia en la evolución y diversidad de las especies. Las particularidades del hombre, como su cultura y su relación con el medio, y los acontecimientos demográficos de los últimos siglos, confieren al estudio del mestizaje humano una dimensión científica de interés (Crawford, 1992).

### 1.3. - Poblamiento de América

Para interpretar los datos moleculares obtenidos en el presente trabajo es necesario conocer los eventos demográficos que se han producido en el continente americano a lo largo de su historia. El primer acontecimiento que se debe tener en cuenta es el poblamiento del continente americano por parte del hombre y, en segundo lugar, la llegada de los europeos (Crawford, 1992).

Con la llegada de los europeos, y su bagaje cultural, se empezaron a plantear conjeturas sobre el poblamiento del continente. Así, una de las primeras ideas,

alimentada por las creencias religiosas de la época, defendía que aquellos pobladores podrían ser una de las doce tribus perdidas de Israel, ya que atribuían cierto parecido entre los aborígenes del nuevo continente y los judíos (Crawford, 1992). Otra teoría, propuesta en el siglo XVIII, apoyaba la idea de que los primeros americanos provenían del noroeste de Asia, ya que los primeros amerindios poseían características similares a los tártaros, chinos y japoneses. Esta teoría implícitamente subdividía a la humanidad en cuatro grandes grupos humanos: caucasoides, mongoloides, indios americanos y africanos, y afirmaban que los amerindios evolucionaron en el noroeste asiático a partir de los mongoloides y en diferentes períodos de tiempos (Lewontin, 1991; Crawford, 1992; Novick *et al.*, 1998).

La hipótesis más apoyada actualmente sobre el poblamiento de América defiende el origen asiático de los primeros pobladores que llegaron a través del estrecho de Bering (Figura 2; Bonatto y Salzano, 1997; Cavalli-Sforza *et al.*, 1994). Aunque parece evidente y confirmado por diferentes disciplinas que el origen de los amerindios es asiático, no están claros otros aspectos como cuántas fueron las migraciones, ni el período en las que éstas se llevaron a cabo (Zsathmary, 1993).

Para Greenberg y colaboradores (1986), las poblaciones que migraron a América corresponden, de acuerdo a información sobre datos lingüísticos y dentales, a tres familias genéticas: Amerindios, Na-Dene y Eskimo-Aleutianos. Según los estudios actuales sí existiría cierta relación entre estos tres troncos y algunos marcadores genéticos del DNA mitocondrial (Torrioni *et al.*, 1993; Torrioni *et al.*, 1994; Arnaiz-Villena *et al.*, 2000; Rubicz *et al.*, 2003).

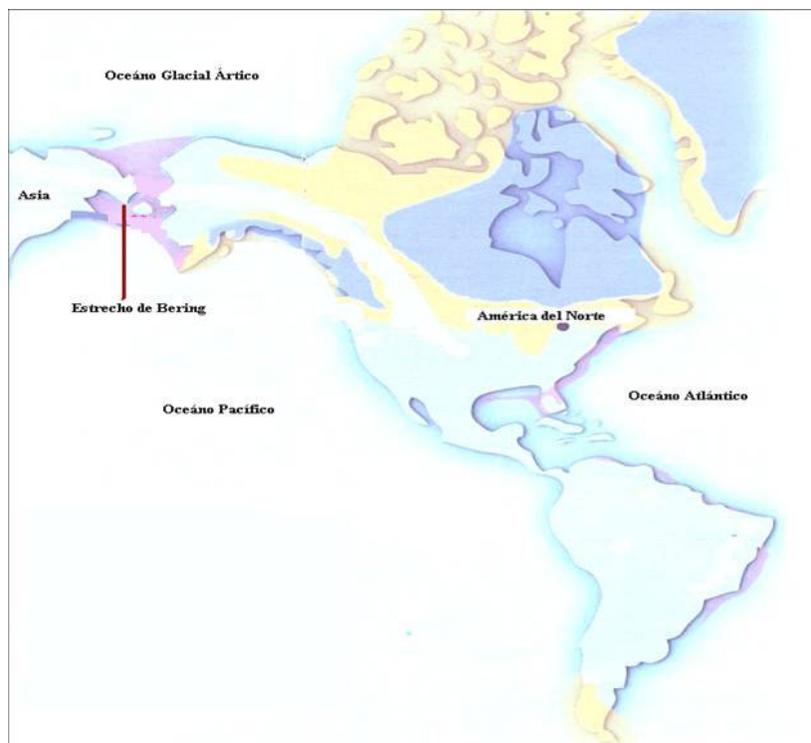


Figura 2. Entrada del hombre por el Estrecho de Bering (Modificado de: [http:// www.geocities.com](http://www.geocities.com)).

Esta hipótesis continúa en debate (Schurr *et al.*, 1990; Malhi *et al.*, 2002). Este modelo, basado en datos lingüísticos y genéticos, indica la entrada de las tres migraciones procedentes de Siberia al continente americano, que requirió de pocos miles de años después de la glaciación de Wisconsin ocurrida hace 18,000 años. Ésta sigue siendo una de las hipótesis más aceptadas (Crawford, 1992; Torroni, *et al.*, 1992; Zsathmary, 1993; Torroni *et al.*, 1994; Bonatto y Salzano, 1997; Arnaiz-Villena *et al.*, 2000; Doty, 2004).

La diversidad lingüística, las afinidades craneométricas o los parecidos morfológicos en las poblaciones americanas son las referencias clásicas que se han utilizado para plantear hipótesis sobre el poblamiento del continente. Sin embargo, diferentes estudios sobre la variedad biológica de las poblaciones de América han aportado otras perspectivas (Crawford, 1992; Torroni *et al.*, 1992; Bailliet *et al.*, 1994).

Los datos genéticos han tenido gran fuerza para dar a conocer cómo fue el poblamiento del continente americano y dan buenos resultados en cuanto a las afinidades biológicas y culturales entre las poblaciones humanas. Es decir, los amerindios presentan semejanzas con los siberianos, así como con otras poblaciones asiáticas, de acuerdo con ciertos marcadores genéticos, como el sistema sanguíneo, el sistema inmune (HLA), las proteínas séricas, los haplogrupos mitocondriales y el cromosoma Y, que apoyan esta hipótesis. Algunos de estos marcadores comparten alelos y frecuencias entre poblaciones amerindias y algunas poblaciones del noreste de Siberia (Lisker *et al.*, 1986; Lisker *et al.*, 1990; Crawford, 1992; Cerda-Flores *et al.*, 2002; Pérez-Meléndrez, 2002). También existen marcadores del DNA mitocondrial que son objeto de análisis en este estudio, compartidos por poblaciones americanas y asiáticas aunque varían sus frecuencias. Algunos de los haplogrupos mitocondriales que pueden compartir las poblaciones de Siberia con poblaciones de América son: A, B, C, D y X; este último proveniente de Europa (Figura 3; Horai *et al.*, 1993; Torroni *et al.*, 1994; González, 1997; Martínez, 1997). Sin embargo, estudios realizados por Torroni y colaboradores (1992) sugieren que los Na-Dene entraron al continente en una migración independiente. Por el contrario los amerindios podrían haber entrado en dos diferentes oleadas siendo una más antigua y llevando consigo los haplogrupos A, C o D. Por último, una migración reciente aportaría el haplogrupo B. De acuerdo, con esta diversidad de haplogrupos encontrada en América, Wallace (1995) dió una fecha que representa la principal migración amerindia de 26,000 a 34,000 años. Según este mismo autor, la migración relacionada con el haplogrupo B se realizó de 12,000 a 15,000 años y la migración de la población Na-Dene ocurrió hace 7,000 a 9,000 años. A pesar de esto, otros autores que analizaron secuencias de la región control del genoma mitocondrial, postularon que cada haplogrupo amerindio representaba migraciones

independientes que acontecieron hace 14,000 a 21,000 años (Crawford, 1992; Bonatto y Salzano, 1997).

Pero el acontecimiento realmente decisivo fue la colonización a partir del siglo XVI por los europeos (Cook y Borah, 1974; Crawford, 1992; Szathmary, 1993).

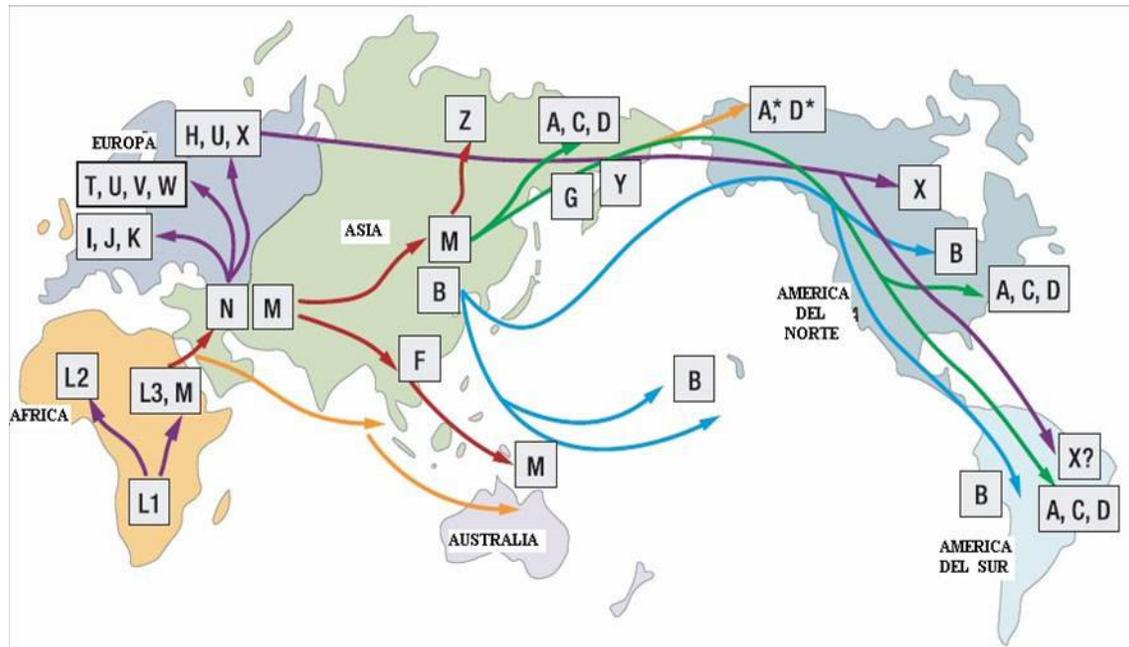


Figura. 3. Haplogrupos mitocondriales en todo el mundo (Modificado de: <http://www.inaClan-HaplogroupBY> )

A partir de este siglo, también llegaron al continente americano grupos humanos procedentes de África. Según algunos autores el número total de esclavos que llegaron al nuevo continente pudo variar entre 9.6 y 15.5 millones (Aguirre-Beltrán, 1946; Lovejoy, 1982). De todas formas el número total que llegó al actual México debió de oscilar entre 160,000 y 200,000 esclavos (Manning, 1993). El origen de estos grupos fue principalmente de la costa occidental de África, en lo que actualmente se conoce como Gambia y Senegal, Sierra Leona, Costa de Marfil, Ghana, Nigeria, Angola y Namibia. Los grupos étnicos procedentes de estas naciones pertenecían preferentemente a la familia lingüística Níger-Congo (Flores *et al.*, 2004; Acuña, 2005; Maliarchuk y Czarny, 2005).

#### **1.4. - Historia de la Población del Estado de Hidalgo**

El Estado de Hidalgo presenta una historia demográfica muy particular. Según algunos autores, la presencia humana comenzó con grupos humanos de cazadores-recolectores hace, aproximadamente 3,500 y 4,500 años (Monterrubio, 1996).

Así, con el transcurso del tiempo los primeros pobladores explotaron yacimientos de obsidiana, lo que estimuló las redes de intercambio comercial. También este lugar se aprovechó como corredor que unió al centro de México con la costa del golfo de México y la Huasteca. Durante el Posclásico temprano (de los años 900 a 1,250) la región fue invadida por grupos procedentes del norte que provocaron un cambio en la organización social de los pueblos, a estos pueblos norteños se les conoce como Chichimecas. Por este motivo se dieron una serie de migraciones y desplazamientos de poblaciones. Un ejemplo es el caso de los Otomíes que se desplazaron hacia Metztitlán y hacia Tenango de Doria, San Bartolo Tutotepec y Huehuetla. De este modo se dio una mezcla de poblaciones otomíes con grupos Tolteca-Chichimeca. Posteriormente, con la caída de los Toltecas, se volvió a dar una mezcla de estos primeros con grupos Mexicas (De la Barrera, 2000). Como puede apreciarse en esta breve descripción, el sustrato indígena prehispánico es muy complejo, conformado con aportaciones genéticas y culturales del centro y norte del país.

La llegada de los españoles al actual territorio hidalguense en el siglo XVI, implicó cambios en el desarrollo de los pueblos indígenas. Esto tuvo como resultado el mestizaje entre poblaciones indígenas y europeos, además de nuevas relaciones genéticas entre los diferentes pueblos indígenas que habitaban la región. Una de las primeras consecuencias de la conquista fue la reducción de la población y de la variabilidad genética indígena (Crawford, 1992; Vargas-González, *et al.*, 1997; De la Barrera, 2000; Salzano y Bortolini, 2002). Otro de los principales responsables de la

reducción de la diversidad genética fue la llegada de epidemias causadas por agentes infecciosos propios del continente europeo ante las cuales las poblaciones indígenas, desde el punto de vista inmunológico, estaban desprotegidas (Crawford, 1992).

Un caso de importancia fue la llegada de la población africana como esclavos para beneficio de las minas. Este evento tiene como consecuencia un aumento en el mestizaje y un incremento de la variabilidad genética (Azcue y Mancera, 1940).

Cook y Borah (1974) hicieron un análisis sobre la dinámica del mestizaje en México. Cook y Borah partieron de una población indígena en el centro de México en 1519, de entre 18 y 30 millones de indígenas (Acuña, 2005). Estas poblaciones se redujeron drásticamente y hacia 1568 estimaron la población indígena en 2.5 a 3 millones. En estas mismas fechas los españoles sumarían más de 60,000. Una de las fuentes de información de mayor calidad de la época es el censo de Revilla, realizado entre 1790 y 1791. Se cree que existía una importante desproporción entre géneros y grupos humanos de diferentes continentes. Por ejemplo, existía una importante desproporción con respecto al género entre la población europea y africana, lo que favoreció al mestizaje en el territorio mexicano, es decir, que en ese tiempo había mayor número de varones europeos (españoles) y menor cantidad de varones provenientes de África. Posteriormente se incrementó el número de mujeres europeas, al momento de que los varones europeos llegaron con sus familias a explotar las minas y que se quedaron de por vida, lo que facilitó que la población fuera endógama. Un fenómeno semejante, aunque por distintas razones, se dio en la población de africanos. Al principio la demanda de esclavos era principalmente de varones para desarrollar trabajos duros. En determinadas épocas se llegaron a introducir el doble de varones que de mujeres (Crawford, 1992). Esto implicó, obviamente, un modelo de mestizaje basado

en la disponibilidad de individuos de sexo contrario, al margen de importantes condicionamientos sociales y económicos.

Al crearse el Estado de Hidalgo, el 16 de enero de 1869, y desde la independencia hasta esta época, existen muy pocos datos sobre el tamaño y la evolución de la población. Para 1825 se calculaban en Pachuca 6,637 habitantes (Vargas-González *et al.*, 1997). Por estos motivos una de las tendencias del Estado de Hidalgo ha sido la de aumentar su población (Anexo I).

## **2.- Antecedentes**

### ***2.1.- Evolución humana***

A lo largo del tiempo el hombre ha adquirido una gran capacidad para resolver ciertos problemas biológicos, aunque normalmente estos conocimientos los ha utilizado en su beneficio, bienestar y comodidad, olvidando el estudio básico de la naturaleza. Afortunadamente, a partir del siglo XIX cambió su enfoque y empezó a tener dudas sobre su existencia, el origen del mundo y su relación con otras especies. El conocimiento sobre el origen del hombre, desde una alternativa científica, ha avanzado a grandes pasos en los últimos años (Lewin, 1994; Boyd y Silk, 2001).

Durante ese siglo, conforme avanzaban la ciencia y la tecnología, se generaron diversos debates en relación al origen del hombre y a los primeros cambios anatómicos que lo fueron conformando. Uno de los puntos importantes de este estudio era la expansión cerebral, que es una de las principales características de nuestra especie. De hecho, los cráneos fósiles son la herramienta que más se ha utilizado para reconstruir nuestro pasado, lo que ha permitido hacer postulados sobre el origen del *Homo sapiens* y situar su origen en el continente africano (Ayala y Escalante, 1996; Boyd y Silk, 2001).

Uno de los hallazgos más significativos en la historia de la evolución humana lo realizaron Donald Johanson y Maurice Taieb en la región de Hadar, África. Encontraron un conjunto de restos fósiles, que constituían el 40 % del esqueleto de un único individuo, al que hoy conocemos con el nombre de “Lucy”, y al que dataron en 3.2 millones de años de antigüedad. Este espécimen se clasificó como *Australopithecus afarensis*. Ésta es la primera prueba fehaciente de la existencia de organismos bípedos en África (Lewin, 1994; Leakey y Walker, 1997; Tattersall, 1997; Arsuaga y Martínez, 1998).

Posteriormente, se analizó con detalle a “Lucy”, lo que permitió obtener una valiosa información sobre los *Australopithecus* y considerarlos, inicialmente, como nuestros remotos antecesores. Otras especies dentro del mismo grupo de australopitecinos fueron: *Australopithecus africanus* y *Australopithecus robustus* (Lewin, 1994; Boyd y Silk, 2001).

Un descubrimiento de particular interés fue realizado en la garganta de Olduvai, Tanzania, por Richard Leakey. Él halló fragmentos de una mandíbula, del cráneo y de la mano de un homínido al que llamó “Homínido Olduvai”. Este homínido fue clasificado como del género *Homo*. Tenía un cerebro mucho mayor que el de los australopitecinos y dientes pequeños parecidos a los de los humanos. Lo bautizaron como *Homo habilis*, con una antigüedad de 1.75 millones de años. En el transcurso de las investigaciones apareció en África otra especie de homínido, *Homo erectus* con una antigüedad de entre 1.7 y 1.8 millones de años (Lewin, 1994; Boyd y Silk, 2001).

El *Homo erectus*, según la moderna clasificación, se situaría entre el *Homo habilis* y el *Homo sapiens* (Figura 4). Un ejemplo interesante de *Homo erectus* lo constituye el muchacho de Turkana. Este espécimen murió aproximadamente a los diez años de edad y fue localizado en unos depósitos de 1.6 millones de años de antigüedad

en el lago Turkana en Kenia (Swinsher *et al.*, 1996; Leakey y Walker, 1997; Boyd y Silk, 2001).

En el transcurso del tiempo, hace aproximadamente 100,000 años, surgió una nueva especie de *Homo*. Los antropólogos clasifican a estas especies como *Homo sapiens* anatómicamente modernos, ya que estos individuos tenían cuerpos semejantes a los humanos actuales. Los primeros *Homo sapiens* anatómicamente modernos se han encontrado en las cuevas de Qafzeh y Skhul, en Israel, con una datación de 90,000 años de antigüedad (Lewin, 1994).

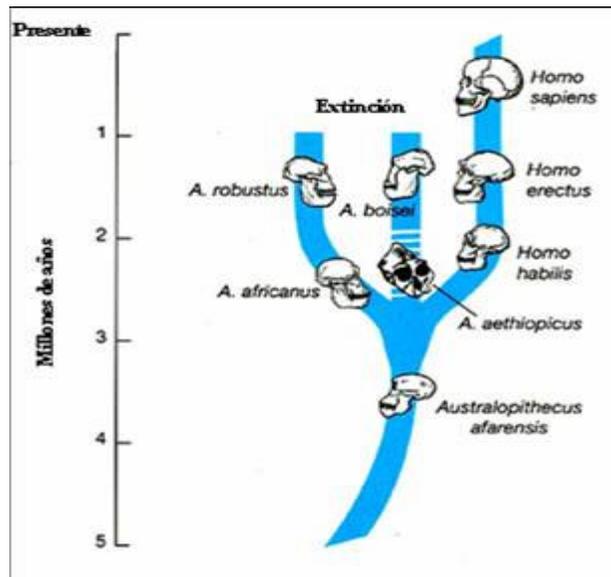


Figura 4. Probable árbol evolutivo del *Homo sapiens* (González-Martín, 2005).

### 2.1.1.- La mitocondria

La mitocondria juega un papel fundamental en las células eucariontes. Es un pequeño organelo que se encuentra libre en el citoplasma, móvil y flexible. Tiene gran importancia en el metabolismo energético y como principal fuente de ATP. En su interior se localizan algunos ribosomas y cadenas delgadas de DNA dispuestos circularmente (De Duve, 1996; Anderson y Kurland, 1998; Gray *et al.*, 1999; Ruiz-Pesini, 2004).

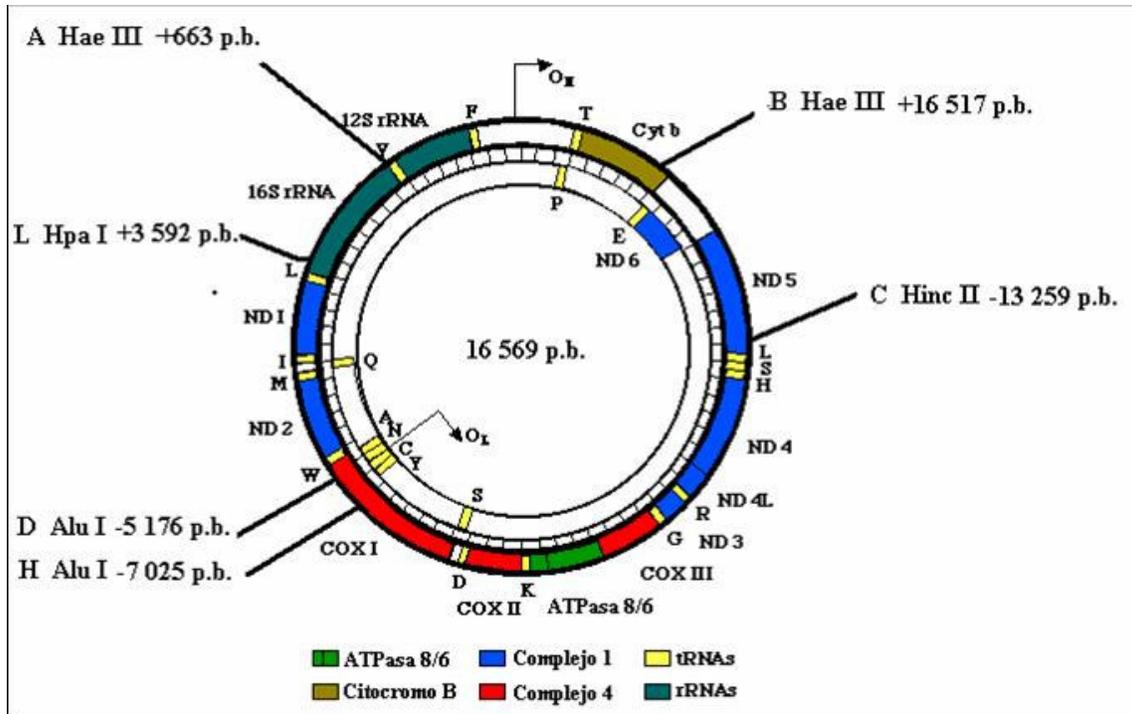


Figura 5. Representación gráfica del DNA mitocondrial y los sitios polimórficos detectados para varias enzimas de restricción y sus respectivos haplogrupos (Modificado de: <http://www.mitomap.com>).

La molécula de DNA mitocondrial (mtDNA) es circular y en los humanos tiene 16,569 bases de longitud y sólo 13 genes codificados (Figura 5; Brow, 1980; Horai y Matsunaga, 1986; Vigilant *et al.*, 1991; Ward *et al.*, 1991; Eshleman *et al.*, 2003). Una particularidad es que este material genético se hereda exclusivamente por vía materna (Figura 6; Stoneking, 1993, Stoneking y Soodyall, 1996; Richards y Macaulay, 2001). Es interesante resaltar que por lo tanto el estudio del DNA mitocondrial aporta información sobre los linajes y el pasado femenino de la especie que se quiera estudiar, en este caso, el *Homo sapiens* (Anderson *et al.*, 1981; Luft, 1995; Zouros y Rand, 1999; Ingman *et al.*, 2000; Sykes, 2001).

Las mutaciones en el mtDNA se producen cuando existen errores durante el proceso de copia durante la división celular. La frecuencia con que se producen estas mutaciones es alta, veinte veces más alta que mutaciones en el DNA nuclear. Es decir, las altas tasas de mutación del DNA mitocondrial permiten calibrar el reloj molecular de

una forma más ajustada y detallada. Las mutaciones se pueden dar en todo el DNA mitocondrial (Botstein *et al.*, 1980; Dowling *et al.*, 1996; Klug y Cummings, 1999; Sigurgardottir *et al.*, 2000; Stoneking, 2000; Bandelt *et al.*, 2003; Pakendorf y Stoneking, 2005).

El registro evolutivo del DNA mitocondrial puede rastrearse hasta una única mujer hipotética: *Eva*, que vivió en África hace aproximadamente 150,000 a 200,000 años (Cann *et al.*, 1987; Wolpoff y Caspari, 1997).

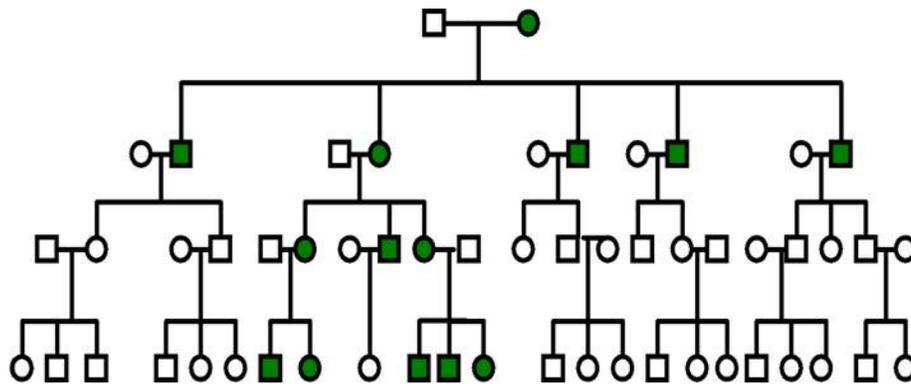


Figura 6. Modelo de herencia del DNA mitocondrial. (Círculo verde: madre y cuadro blanco: padre). Únicamente la madre hereda a sus descendientes su DNA mitocondrial (González-Martín, 2005).

### **3.- Justificación**

El motivo de realizar el presente estudio es el vacío de estudios de genética de poblaciones humanas que existe en América, y particularmente en México. Existen pocos estudios de antropología genética que expliquen los modelos y dinámica de mestizaje que se han dado en los últimos siglos.

El mestizaje es, sin duda, uno de los sucesos que han configurado y moldeado la estructura y composición genética de las poblaciones humanas en el mundo. Su estudio y conocimiento aportarán información importante para conocer nuestra historia biológica en cuanto al origen de los grupos humanos que poblaron el continente y comprender sucesos demográficos que se están produciendo en la actualidad y que afectan al hombre en todas sus fases biológicas, sociales, culturales e históricas.

**Hipótesis:** En función del modelo de mestizaje americano *hombre extranjero y mujer indígena*, las poblaciones mestizas actuales tienen un componente genético amerindio importante, tal vez exclusivo, cuando se rastrean linajes maternos.

## **4.- Objetivos**

### ***4.1.- Objetivo general***

- Caracterizar genéticamente el linaje materno mitocondrial de una población presuntamente mestiza del centro de México para comprobar el modelo antropológico que describe el proceso de mestizaje en el continente americano (unión de hombres extranjeros con mujeres indígenas).

### ***4.2.- Objetivos particulares***

- Obtener las proporciones de haplogrupos dentro de la población seleccionada.
- Obtener haplogrupos de muestras piloto para otros linajes humanos (africanos y europeos).
- Establecer comparaciones con otros grupos mestizos reportadas para México y con muestras de otros linajes humanos, mediante un análisis de distancias genéticas y métodos de agrupación estadística.

## **5.- Material y Métodos**

### ***5.1.- La población y el muestreo***

El presente estudio se realizó en la ciudad de Pachuca de Soto, Hidalgo, México concretamente en la Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo. El Estado de Hidalgo forma parte de la zona centro del país y con sus 20,905.12 Km<sup>2</sup> de superficie es mayor que los estados de Querétaro, Morelos, Tlaxcala y Aguascalientes, entre otros. Se localiza entre los 19°35'52" de latitud norte y los 97°57'27" y 99°51'51" de longitud oeste. Limita al norte con el Estado de San Luís Potosí, al noreste y este con Veracruz, al este y sureste con Puebla, al sur con Tlaxcala y México, y al oeste con Querétaro. Su geografía está constituida por cadenas montañosas, lomeríos y llanuras con algunos valles, mesetas y cañones. En ella dominan vientos del nordeste con velocidades de 65 Km./h. Pachuca se localiza entre los 90°07'21' de latitud norte, 98°48'09" de latitud oeste y una altura de 2,400 a 2,800 m.s.n.m. Se localiza en la provincia del Eje Neovolcánico. Forma parte de una de las zonas mineras e industriales más relevantes de la región hidalguense por su gran producción de plata y oro (Anexo II). Las lenguas que más se hablan son el náhuatl y el otomí. Pachuca, por ser el centro político del estado, concentra una mayor densidad de individuos, ya que cuenta con infraestructura educacional, servicios básicos y de salud, vías de comunicación, entre otros servicios para la población, por tal motivo se encuentran individuos de otros estados de la República Mexicana (INEGI, 1992 y 2000.).

El total de muestras obtenidas fue de 99, y se recopilaron durante el período de marzo a noviembre de 2003. El material biológico fue sangre, así como células de la base del cabello de cada donador voluntario. A cada individuo se le requería la firma de una carta de consentimiento (Anexo III) y una encuesta personal que incluía los

siguientes datos: nombre y apellidos, sexo, edad, lugar de nacimiento, lugares de nacimiento del padre y de la madre, lugares de nacimiento de los abuelos paternos y maternos; origen de sus ancestros lejanos y observaciones (idioma aparte del español u otros datos no incluidos en la encuesta; Anexos IV, IX y X).

La sangre se obtuvo por medio de jeringas desechables (Plastipak®) de 5 ml con aguja esterilizada (aproximadamente 5 ml por cada individuo). Al extraerla, se agregaron 10 gotas de anticoagulante, EDTA 0.01 M (Invitrogen®). Cada muestra fue rotulada con una referencia única para su identificación y posterior análisis. En el laboratorio, las muestras se introdujeron en un refrigerador a una temperatura de  $-4^{\circ}\text{C}$ .

## **5.2.- Metodología en el laboratorio**

### **5.2.1.- Extracción: obtención de DNA**

La extracción se realizó en el laboratorio de Sistemática Molecular del Centro de Investigaciones Biológicas de la Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo. En un tubo (Eppendorf®) de 1.5 ml, se colocaron 0.2 ml de sangre total con 1 ml de agua desionizada (ddH<sub>2</sub>O) y esterilizada. Cada muestra contenida en los tubos (Eppendorf®) se colocó en una microcentrífuga a 12,000 rpm en 1 minuto. Después se agregó 1 ml de agua desionizada (ddH<sub>2</sub>O) y se colocaron en la microcentrífuga (Hermle Z 200®) a 12,000 rpm durante 1 minuto. Esta operación se repitió tres veces más hasta que el sobrenadante estuviera transparente y se obtuvo una pastilla blanca.

Posteriormente, la pastilla blanca se suspendió en 500  $\mu\text{l}$  de solución de lisis de leucocitos (10 mM Tris-HCl, 20 mM EDTA, 0.5 % SDS, 400 mM NaCl) con un pH de 8.0 y 2  $\mu\text{l}$  de RNAsa de *Escherichia coli* (Sigma-Aldrich®), y se dejó incubar durante 1 hora a  $37^{\circ}\text{C}$ . Al terminar la incubación, y tras agregar a cada muestra 2  $\mu\text{l}$  de proteinasa K (Invitrogen®), se incubó de nuevo a  $50^{\circ}\text{C}$  durante 2 horas y a  $65^{\circ}\text{C}$  durante 1 hora.

Al término de la incubación, se agregó 250  $\mu$ l de NaCl 6 M, y se centrifugó a 14,000 rpm por 10 minutos. Posteriormente se recuperaron aproximadamente 500  $\mu$ l del sobrenadante. Rápidamente se agregó al sobrenadante 1 ml de alcohol absoluto (Baker®) y se centrifugó a 14,000 rpm durante 5 minutos. El sobrenadante se desechó, se agregó 1 ml de alcohol al 70 % y se centrifugó a 14,000 rpm por otros 5 minutos, se retiró el sobrenadante y se repitió este último paso nuevamente. Después, cada muestra se colocó en un desecador (SpeedVacDNA®) a una temperatura media de 50° C entre 15 y 25 minutos. Finalmente, se les agregaron 50  $\mu$ l de agua desionizada (ddH<sub>2</sub>O) y se metieron al congelador a una temperatura de – 80° C para su posterior análisis (Pérez-Meléndrez, 2002). Se corroboró la obtención de DNA en un gel de agarosa al 0.9 % con Buffer TAE 1X.

### **5.2.2.- Amplificación de DNA mediante PCR**

Se preparó una mezcla de reacción para la PCR, que contenía lo siguiente: 3  $\mu$ l de DNA, 3.9  $\mu$ l de buffer 1X, 2.64  $\mu$ M de MgCl<sub>2</sub>, 0.2  $\mu$ M de dinucleótidostrifosfatos (dNTP's; Invitrogen®); 0.24  $\mu$ M de cada oligonucleotido, 0.85 U de *Taq* Polimerasa (Amplificasa®). La mezcla de reacción contenida en el volumen final era de 24  $\mu$ l para cada muestra. Los oligonucleótidos (Sigma-Genosis®) que se utilizaron para la amplificación del DNA se observan en la Tabla 1, descritos por Bailliet y colaboradores (1994).

Las mezclas de reacción fueron colocadas en el termociclador (Gene Amp®) con el siguiente programa que utilizó Bailliet y colaboradores (1994): se comenzó con un precalentamiento a 95° C durante 5 minutos, después la desnaturalización de la doble cadena de DNA a 95° C por 1 minuto, seguido de la alineación de los oligonucleótidos a 53° C durante 1 minuto y la extensión a 72° C durante 1 minuto. Estos últimos tres pasos se repitieron 30 veces más.

El producto final de amplificación se observó en geles de agarosa al 1.7 % teñido en bromuro de etidio a 2.5 µl, con cámara de electroforesis a 6.0 V/cm<sup>3</sup> durante 15 minutos.

### 5.2.3.- Obtención de Haplogrupos y detección de frecuencias

La reacción enzimática se realizó de la siguiente manera: se hizo una mezcla de 0.2 µl de buffer 1X (Invitrogen®) y 1.1 mM de cada enzima de restricción y 20 µl de la reacción final de PCR. Se obtuvo un volumen final de 29 µl para cada muestra. Las muestras se incubaron a una temperatura de 37° C durante 16 horas. La digestión se observó en geles de agarosa al 3 % teñido en bromuro de etidio a 2.5 µl, con cámara de electroforesis a 6.0 V/cm<sup>3</sup> durante 15 minutos.

Las enzimas de restricción y los oligonucleótidos que se utilizaron para estudiar la población fueron tomadas de Bailliet y colaboradores (1994) para haplogrupos amerindios y Green y colaboradores (2000) para los haplogrupos H y L (Tabla 1). Estas enzimas son: *HaeIII*, en el haplogrupo A y B; *HincII* para el haplogrupo C; *AluI*, para el haplogrupo D y H; y *HpaI* para el haplogrupo L (Sigma-Genosis®)

Las frecuencias obtenidas se utilizaron para realizar los análisis estadísticos comparativos con otras poblaciones (Tabla 2).

Tabla 1. Oligonucleótidos y enzimas de restricción utilizadas para la caracterización genética de una población mestiza del Centro de México (Anexos V, VI y VII).

Haplogrupo	Oligonucleótidos ( <i>Primers</i> )	PCR (tamaño del fragmento) p.b.	Enzima de restricción	Mutación	Digestión (tamaño de los fragmentos) p.b.	Referencia
A	MIL582 5'TGTAGCTTACCTCCTCAAAGC3'	163	<i>HaeIII</i>	+663	82+105	Bailliet <i>et al.</i> , 1994
	MIH745 5'TTGATCGTGGTGATTTAGAGG3'					
D	MIL5150 5'CCTACTACTATCTCGCACCT3'	131	<i>AluI</i>	-5 176	78+42	Bailliet <i>et al.</i> , 1994
	MIH5281 5'GTGAATCTTCGATAATGGCC3'					
C	MIL13209 5'GCCCTTACACAAAATGACATCAA3'	228	<i>HincII</i>	-13 259	178+50	Bailliet <i>et al.</i> , 1994
	MIH13437 5'TAATACACCAGTCTTGTAACC3'					
B	MIL16.475 5'TAGCTAAAGTGAAGTGTATCC 3'	112	<i>HaeIII</i>	+16 517	70+42	Bailliet <i>et al.</i> , 1994
	MIH18 5'GGTGATAGACCTGTGATCCAT 3'					
H	MIL6.886 5'CATCGTCTAGAAATTAATTC3'	389	<i>AluI</i>	-7 025	139+250	Green <i>et al.</i> , 2000
	MIH7.275 5'CTTTACAGTGGGCTCTAGAGG3'					
L	MIL3.522 5'CTACCATCACCTCTACATC 3'	128	<i>HpaI</i>	+3 592	58+70	Green <i>et al.</i> , 2000
	MIH3.650 5' CACCCTGATCAGAGGATTG 3'.					

## **5.3.- Análisis Estadísticos**

### **5.3.1.- Estructura genética Intrapoblacional**

Para analizar la diversidad genética intrapoblacional de la población mestiza del Centro de México, se utilizó el programa Popgene v. 1.31 (Yeh *et al.*, 1997), y el programa Arlequin v. 2.0 (Schneider *et al.*, 2000) donde se analizó la diversidad genética de Nei (1987) y el Índice de Shannon para los cuatro haplogrupos (A, B, C y D; Tabla 4). De los análisis obtenidos con el programa Popgene v. 1.31 (Yeh *et al.*, 1997), éstos se representaron en un dendograma hecho mediante el programa Treeview v. 1.6.6 (Page, 2001; Figura 8).

### **5.3.2.- Estructura genética Interpoblacional**

#### **5.3.2.1.- Árbol de distancias genéticas (Nei, 1987)**

Para el cálculo de las relaciones genéticas de Nei (1987) entre las poblaciones mestizas del Norte de México (Juárez-Ojinaga), Colombia, la población de estudio Centro de México y la población indígena nahua, se utilizó el programa Phylip v. 3.5 (Felsenstein, 1993). Se generó un árbol de distancias para calcular su robustez mediante un remuestreo de 1000 repeticiones y se obtuvo un árbol de consenso (Figura 10). El árbol se obtuvo mediante el programa Treeview v. 1.6.6 (Page, 2001).

#### **5.3.2.2.- Diversidad genética**

Para analizar la diversidad genética entre las poblaciones mestizas del Norte de México (Juárez-Ojinaga), Colombia y la población de estudio Centro de México, se utilizó el programa Arlequin v. 2.0 (Schneider *et al.*, 2000) para determinar si existía una subestructura genética entre las poblaciones mestizas comparadas. Este último análisis se realizó mediante la prueba de AMOVA (Excoffier *et al.*, 1992) que se basa en el estimador  $F_{st}$ .

Además del árbol se realizaron otros análisis estadísticos. Para ello se utilizó el programa XLSTAT. v. 7.5. (Tomado de: <http://www.xlstat.com>). En este programa se

realizaron las siguientes pruebas estadísticas: *análisis de componentes principales (ACP)*; este análisis multivariado se fundamenta en la representación de la máxima variabilidad de los datos originales y el *análisis de escalamiento multidimensional (MDS)*; éste utiliza las distancias de Nei (1987) para representarlas gráficamente. Las poblaciones analizadas para su comparación fueron dos indígenas Mazahua (Moreno, 2006: en preparación) y Nahua (Lorenz y Smith, 1996; Malhi *et al.*, 2003) y tres mestizas del Centro de México (población de estudio), Norte de México (Juárez-Ojinaga; Green *et al.*, 2000) y Colombia (Horai *et al.*, 1993), obtenidas de publicaciones científicas y que están en preparación. La ubicación geográfica de las poblaciones de estudio se representa en la Figura 7.



Figura 7. Situación geográfica de las poblaciones utilizadas en los análisis comparativos.

## **6.- RESULTADOS**

### **6.1.- Laboratorio**

Se extrajo DNA de 101 muestras: 99 muestras de la población estudiada y 2 muestras control, una procedente de un individuo de África (Subsahariana) y otra de un individuo de Europa (España). El objeto de analizar estas dos últimas muestras fue el de tener una referencia como control que aseguraran que el protocolo estaba estandarizado. La muestra africana, tendría que corresponder, con mayor probabilidad, a un haplogrupo subsahariano o africano (L), así como la muestra europea debería de pertenecer a un haplogrupo europeo (H). Por falta de presupuesto no se realizaron todas las pruebas para detectar los haplogrupos pertenecientes a Europa y África; de hecho, únicamente se aplicaron los de mayor frecuencia en esas poblaciones. Es decir, el haplogrupo L para África y el H para Europa (Green *et al.*, 2000).

#### **6.1.1.- Reacción de Amplificación de la Polimerasa (PCR)**

Todas las muestras amplificaron, observándose la banda correspondiente para cada par de oligonucleótidos. Para el haplogrupo A, la longitud de la banda corresponde a 163 p.b. (pares de bases), para el haplogrupo B a 112 p.b., para el C a 228 p.b., y para el D a 131 p.b.; el haplogrupo H a 389 p.b. y el haplogrupo L a 128 p.b. (Anexos V y VI).

#### **6.1.2.- Digestión con enzimas de restricción y detección de haplogrupos**

En las 99 muestras analizadas con enzimas de restricción para identificar los haplogrupos amerindios, europeo y africano, únicamente se obtuvieron 97 y 2 muestras que no presentaron ningún haplogrupo analizado. Los controles usados sólo resultaron positivos para el haplogrupo africano (L; Anexo IX).

Posteriormente, se calcularon las frecuencias de cada haplogrupo, es decir, el número de muestras de cada haplogrupo se dividió entre el número total de muestras de

la población; no se incluyeron las muestras de control positivo (un europeo y un africano) en el total de muestras para saber la frecuencia de cada haplogrupo (Tabla 2).

Tabla 2. Frecuencia de los haplogrupos obtenidos en las muestras analizadas.

	Haplogrupo A	Haplogrupo B	Haplogrupo C	Haplogrupo D
Muestra estudiada (97 individuos).	50	28	16	3
Frecuencias	51.5 %	28.9 %	16.5 %	3.1 %

En esta tabla puede observarse que el haplogrupo más frecuente es el A, con 50 individuos que representan un 51.5 % del total, seguido del B, representado por 28 muestras (28.9 %), el C con 16 muestras (16.5 %) y el D con tan sólo 3 muestras (3.1 %).

## **6.2.- Análisis estadísticos**

### **6.2.1.- Estructura genética intrapoblacional**

La diversidad genética intrapoblacional de los haplogrupos amerindios en la población de estudio se analizó con el programa Popgene v. 1.31 (Yeh *et al.*, 1997), utilizando el Índice de Shannon (I) que se presenta en la Tabla 3. Para la población mestiza de estudio los valores obtenidos oscilan entre 0.6927, para el haplogrupo A y 0.1380 para el haplogrupo D y el valor promedio para el conjunto de los haplogrupos es de 0.4698. La diversidad genética de Nei (*h*) oscila 0.4995 para el haplogrupo A y 0.0599 para D, y el promedio es de 0.3114 (Tabla 3).

Los resultados de la diversidad genética de Nei (1987) para el conjunto de haplogrupos, sugieren que A y B al poseer valores relativamente altos son los que se encuentran presentes con mayor abundancia dentro de la población, mientras que C y D presentan valores bajos, de 0.4478 para C y 0.1380 para D (Figura 8).

Tabla 3. Análisis de la diversidad genética ( $h$ ) de Nei y el índice de Shannon (I) de la población mestiza del Centro de México.

HAPLOGRUPO	$h$	I
A	0.4995	0.6927
B	0.4107	0.6009
C	0.2755	0.4478
D	0.0599	0.1380
Promedio	0.3114	0.4698

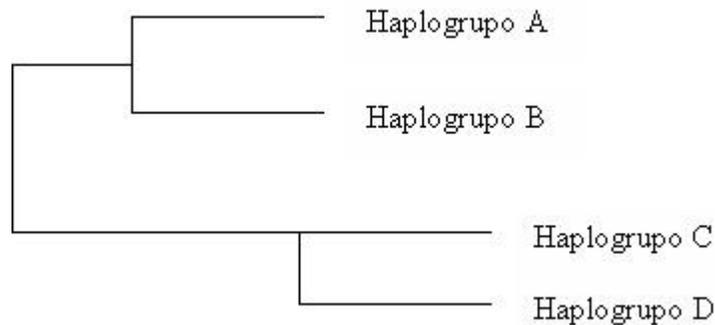


Figura 8. Relación de los haplogrupos A, B, C y D, basados en la diversidad genética de Nei ( $h$ ) obtenida del programa Popgene v. 1.31 (Yeh *et al.*, 1997).

## 6.2.2.- Estructura genética interpoblacional

### 6.2.2.1- Árbol de distancias genéticas (Nei, 1987)

Las distancias genéticas de Nei (1987) se calcularon a partir de las frecuencias de los haplogrupos utilizando el programa Phylip v. 3.5. Con el mismo programa también se realizaron 1000 réplicas de remuestreo para estimar robustez al árbol representado. Las distancias genéticas se representan en la Tabla 4.

El análisis de esta tabla indica que la distancia mínima de la población mestiza del Centro de México con la población indígena nahua, tiene un valor de 0.0054. De la misma manera, el grupo con el que mantiene menos afinidades genéticas es con la población mestiza del Norte de México (0.0121). En la Figura 9 se puede observar que hay una relación sólida entre la población nahua y la población de estudio, ya que

presenta una robustez de 99.8 %. En cambio, las poblaciones de Colombia y Norte de México están más alejadas.

Tabla 4. Matriz de distancias genéticas de Nei (1987)

Población	Centro de México	NMéxico (Juárez-Ojinaga)	Nahua	Colombia
Centro de México	0.0000			
NMéxico (Juárez-Ojinaga)	0.0121	0.0000		
Nahua	0.0054	0.0389	0.0000	
Colombia	0.0079	0.0117	0.0219	0.0000

### 6.2.2.2.- Diversidad genética

Con el programa Arlequin v. 2.0 (Schneider *et al.*, 2000), se calculó el AMOVA (Excoffier *et al.*, 1992) para determinar si existen diferencias significativas entre las poblaciones mestizas (Anexo VIII). Para ello se utilizaron sólo las poblaciones mestizas (Tabla 5).

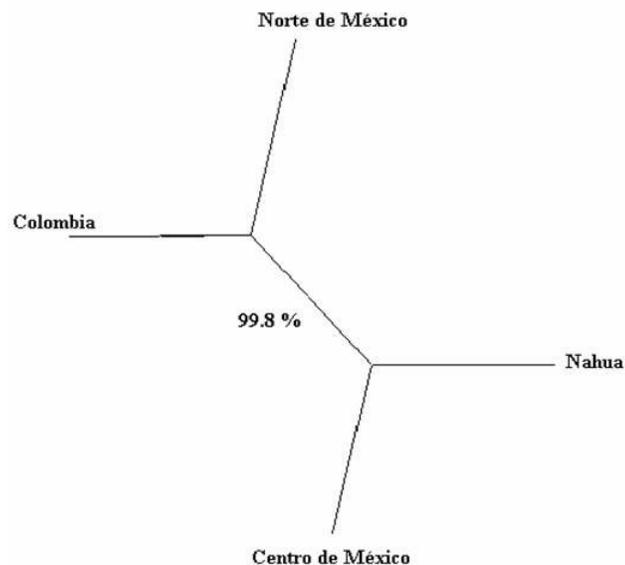


Figura 9. Árbol de distancias genéticas de Nei (1987) con 99.8 % de robustez entre las poblaciones analizadas.

Tabla 5. Resultados del Análisis Molecular de la Varianza entre las poblaciones mestizas.

Variación	Componentes de la varianza	Porcentaje de variación
Entre poblaciones	0.00824	2.38
Dentro de poblaciones	0.33820	97.62
Total	0.34643	

El estadístico  $F_{st}$  es de 0.02377 y la probabilidad asociada es siempre inferior a 0.05. Los resultados indican que la mayor diversidad genética es la que se encuentra dentro de las poblaciones, que está por encima del 97 %, encontrando un 2.38 % de la variación total asociada a las diferencias entre las poblaciones comparadas. Este resultado indica que existen diferencias significativas en la estructura de los haplogrupos de las tres poblaciones mestizas.

El *análisis de componentes principales* (ACP) muestra la relación que existe entre poblaciones al representar en dos componentes los porcentajes más altos de variabilidad poblacional expresada a través de la frecuencia de los haplogrupos mitocondriales.

El análisis es muy robusto y expresa más del 98.57% de la variabilidad, con un 76.11% expresado en el eje X y un 22.46 % en el eje Y. Los resultados muestran una relación atribuida entre las dos poblaciones indígenas utilizadas como comparación. La población del Centro de México se relaciona estrechamente con ellas, apareciendo el resto de poblaciones mestizas muy alejado (Figura 10).

Los resultados obtenidos al aplicar un análisis de escalamiento multidimensional (MSD) a partir de las distancias de Nei (1987) generadas en Phylip se representan en la figura 11. Es una gráfica significativa ya que el índice de estrés indica que la prueba es aceptable y que el modelo se ajusta a los datos y es muy bajo (0.005). En este análisis se integraron, para tener más poblaciones con las que comparar los resultados, dos poblaciones indígenas. Los resultados muestran una relación entre los dos grupos indígenas, muy unidos entre ellos formando una clara agrupación. Éstos, a su vez, se encuentran muy cerca de la población analizada en el presente trabajo. El resto de poblaciones mestizas están muy separadas.

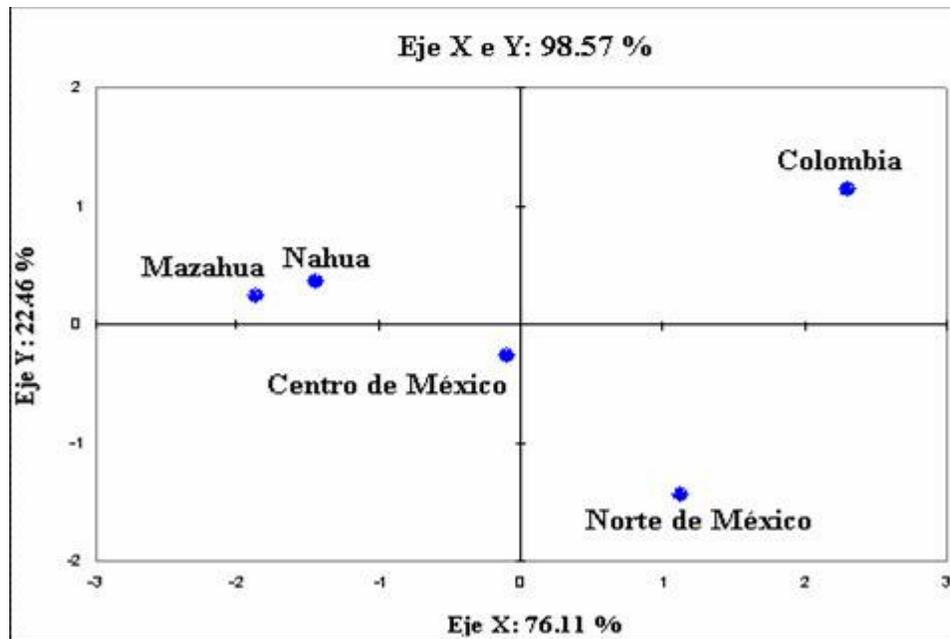


Figura 10. Análisis de Componentes Principales utilizando cinco poblaciones. Tres mestizas y dos indígenas de referencia.

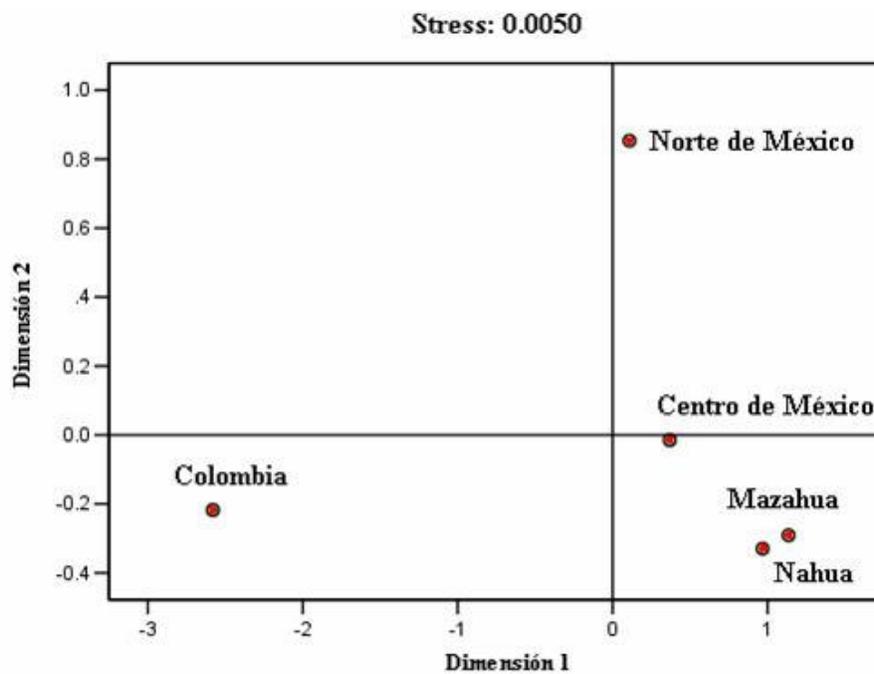


Figura 11. MDS de diferentes poblaciones y la población estudiada

## **7.- Discusión**

El fenómeno de mestizaje para la región de México coincide con la llegada de grupos humanos de otros continentes y de la interrelación de poblaciones autóctonas. De hecho, estos grupos amerindios, europeos y africanos son el producto de la primera fase de diferenciación genética. Por tal motivo, los estudios de genética molecular pueden rastrear marcadores genéticos, en este caso del mtDNA en las poblaciones procedentes de aquellos remotos tiempos y pueden reconstruirse aspectos de la historia evolutiva del hombre por vía materna (Sykes, 2001; Acuña, 2005).

### ***7.1.- Estructura genética intrapoblacional***

Los resultados de las frecuencias de los haplogrupos mitocondriales obtenidos con las enzimas de restricción indican que la totalidad de la muestra presenta al menos uno de los cuatro haplogrupos amerindios: A, B, C y D, los cuales han sido ampliamente descritos (Torrioni *et al.*, 1992; Lorenz y Smith, 1996; Merriwether *et al.*, 1996). En el total de las muestras, el haplogrupo con un porcentaje mayor es el A, seguido del haplogrupo B, después el C y finalmente el haplogrupo D (Tabla 2). No se detectó ningún otro haplogrupo mitocondrial europeo o africano. Estas frecuencias se ajustan a la distribución de los haplogrupos mitocondriales en el continente americano. El análisis de los porcentajes de los haplogrupos del DNA mitocondrial permite identificar una segregación genética de estos linajes de norte a sur que apoya el modelo de colonización ancestral en América, posiblemente relacionada con un origen único de las poblaciones procedentes de Asia; ya que, de acuerdo con esta distribución de linajes, en el norte existe mayor frecuencia del haplogrupo A, seguido de B que está distribuido diferencialmente a lo largo del continente. Sin embargo, en el extremo sur existe una proporción mucho más baja de los haplogrupos A y B; los haplogrupos C y D presentan proporciones muy bajas en la región norte y hacia el sur se va incrementando

gradualmente su frecuencia (Bonatto y Salzano, 1997; Lalueza *et al.*, 1997; Forster, 2004; García *et al.*, 2004). Por lo tanto, este modelo de distribución de los linajes mitocondriales coincide con las frecuencias encontradas en la población mestiza de estudio, donde la estructura genética dentro de la muestra contiene predominantemente linajes ancestrales, que corresponden sólo a haplogrupos amerindios.

Los resultados obtenidos mediante los índices de diversidad de Nei y de Shannon (Tabla 3) implican que los haplogrupos A y B son más diversos, lo que sugiere que presentan diferentes formas de expresión (haplotipos) dentro de la población mestiza de estudio, es decir, son haplogrupos con diferentes sitios polimórficos y a la vez más variables, aunque no se puedan observar estos sitios porque únicamente se está analizando la presencia o ausencia de una mutación específica en el mtDNA. La diversidad de Nei indica la variedad de los diferentes tipos de genes que existen en los haplogrupos con más frecuencia (A y B) en la población muestreada y el Índice de Shannon muestra que hay más probabilidad de que un individuo tomado al azar presente la mutación característica del haplogrupo A o B y en menor probabilidad puedan presentar los haplogrupos C y D. Estos Índices expresan la heterogeneidad de cada marcador (haplogrupo). Asimismo, se puede inferir que el haplogrupo A es más antiguo y tuvo más oportunidad de diversificarse en la región norte y centro del continente y el haplogrupo B, que es más reciente, está distribuido de manera paralela dentro del continente, pero con menor índice de fijación (Torrioni *et al.*, 1992; Wallace y Torrioni, 1992; Torrioni *et al.*, 1993; Torrioni *et al.*, 1994; Bonatto y Salzano, 1997; Oppenheimer, 2003). Sin embargo, los haplogrupos C y D, al poseer frecuencias más bajas, son haplogrupos de incorporación más reciente, con menor diversidad y proporciones más bajas dentro de la muestra analizada y que se están incorporando a la población mestiza

de estudio por medio de migraciones recientes, tal vez provenientes de otras poblaciones mestizas (Bonatto y Salzano, 1997).

Por otro lado, el árbol de las distancias genéticas de Nei (Figura 9) que se obtuvo, establece gráficamente la cantidad de variación compartida entre los haplogrupos comparados de acuerdo a sus frecuencias. Es así que se observan dos componentes bien diferenciados: el primer componente agrupa a los haplogrupos A y B, lo que nos indica mayor similitud en la proporción de genes mitocondriales o posibles haplotipos que compartieron ambos haplogrupos antes de que divergieran uno del otro al momento de entrar el grupo ancestral al continente americano (Bonatto y Salzano, 1997). Aunque se podría asumir que el tiempo en que los haplogrupos A y B se diversificaron en el centro del continente fue relativamente reciente (30,000 a 40,000 años; Torroni *et al.*, 1993; Bonatto y Salzano, 1997), ya que comparten más afinidad con respecto a otros.

En cambio, los haplogrupos C y D que forman el segundo componente, se agrupan independientemente del primero; esto indica que probablemente las mutaciones que caracterizan a los haplogrupos C y D son linajes poco diversos y más recientes, lo que sugiere que son mutaciones que evolucionaron y se diferenciaron probablemente a consecuencia de la deriva génica o por eventos de recombinación recientes (Bonatto y Salzano, 1997), lo que establece bajos niveles de variabilidad y frecuencias relativas pequeñas.

Por lo tanto, estos haplogrupos amerindios encontrados en la población mestiza de estudio sugieren que, al entrar un grupo humano de mujeres al continente americano, se expandieron aproximadamente al mismo tiempo y probablemente provinieron de una misma población ancestral (Torroni *et al.*, 1992; Bonatto y Salzano, 1997). Las diferencias regionales están dadas probablemente por procesos de diferenciación local y

deriva genética, lo que explicaría inclusive los gradientes geográficos observados para estos haplogrupos a lo largo del continente americano.

## **7.2.- Estructura genética interpoblacional**

Para los resultados obtenidos mediante el análisis molecular de la varianza (AMOVA), se observa que la variación molecular entre la población mestiza de estudio y las poblaciones mestizas del Norte de México y Colombia es muy similar, es decir, cuando se comparan distintos grupos mestizos, éstos presentan frecuencias muy similares para los haplogrupos A, B, C y D, lo que reafirma la teoría de migración homogénea de dichos haplogrupos dentro del continente y la contemporaneidad de los eventos de mestizaje (Acuña, 2005).

Sin embargo, cuando se compara la variación dentro de los diferentes grupos mestizos comparados (Tabla 5), se encuentran niveles de variación mucho más elevados; estos resultados sugieren que al interior de las diferentes poblaciones mestizas comparadas, la diversificación genética observada está en función de la variación de las frecuencias relativas de cada uno de los haplogrupos amerindios (A, B, C y D); es decir, aunque las poblaciones mestizas comparadas presentan homología en cuanto al tipo y proporciones de haplogrupos amerindios (lo que corrobora el modelo de mestizaje *mujer indígena-hombre extranjero*), cada población presenta altos niveles de diferenciación local, establecidos por diferencias regionales en las frecuencias de estos haplogrupos, que son diferentes para cada población comparada (Ayala y Kiger, 1984).

Tomando en cuenta el estadístico que describe la diferenciación genética interpoblacional ( $F_{ST}= 0.02377$ ), se encuentran diferencias significativas para todas las poblaciones comparadas, ya que algunas de ellas presentan los haplogrupos amerindios más un haplogrupo europeo (H) y uno africano (L). Esto es para el caso de la población mestiza del Norte de México, la cual obtuvo altas frecuencias de haplogrupos

amerindios, principalmente de los haplogrupos A y B seguido de C y D y por último bajas frecuencias de H y L.

La baja frecuencia de haplogrupos europeos y africanos indica una pequeña mezcla de grupos humanos procedentes de Estados Unidos que pudieron emigrar a la región norte de México y por ello no se encontraron estos haplogrupos en la muestra analizada en Pachuca; además, la zona centro del país se caracteriza por una población muy heterogénea, con altos niveles de flujo genético y escaso aislamiento local (Green *et al.*, 2000).

Actualmente se observa también que las poblaciones mestizas tienen escaso flujo genético hacia poblaciones indígenas y flujo moderado hacia grupos anglosajones u otras poblaciones mestizas. Por lo tanto, probablemente estas interacciones contribuyen a mantener una variabilidad genética elevada dentro de la población mestiza del Norte de México y dentro de la población de estudio y Colombia, ya que esta última únicamente contiene los haplogrupos A, B y C, confirmando nuevamente la existencia de gradientes para las frecuencias relativas de los haplogrupos amerindios (generalmente de norte a sur) en las poblaciones mestizas de América.

La población del Centro de México (analizada en este estudio) presenta los cuatro haplogrupos amerindios (A, B, C y D), siempre con mayor frecuencia los haplogrupos A y B seguidos de C y D. Este resultado sugiere que los estilos de vida asociados a la distribución geográfica de cada población establecen diferencias locales que permiten que las interacciones entre poblaciones estén limitadas por la cultura regional (Malhi *et al.*, 2003) lo que permite que la diferenciación genética esté condicionada de alguna manera.

Sin embargo, las frecuencias entre las poblaciones mestizas son básicamente similares (Anexo VIII), con altos niveles de homogeneidad entre las poblaciones, pues

todas presentan los cuatro haplogrupos amerindios (A, B, C y D), aunque distribuidos en un gradiente geográfico continental y con diferencias locales dadas por las frecuencias relativas al interior de las poblaciones; estos datos ilustran el patrón de mestizaje establecido en América, en el que los linajes maternos están constituidos básicamente por mujeres indígenas y el aporte de otros haplogrupos (como el H y el L) es proporcionado en generaciones posteriores al evento de conquista, tal vez por pequeños grupos de mujeres europeas y africanas (Lisker, 1981, Green *et al.*, 2000).

Las homologías reportadas para los haplogrupos amerindios en las poblaciones mestizas comparadas sugieren entonces que el sustrato común en todas ellas corresponde a genes amerindios, distribuido en un gradiente geográfico de norte a sur y con dos haplogrupos fijados (A y B), que presentan también la mayor variabilidad genética. Estos haplogrupos tienen también un origen común como causa una colonización ancestral única (Horai *et al.*, 1993; Torroni *et al.*, 1993; Green *et al.*, 2000).

Estos análisis moleculares se apoyan con los resultados obtenidos en los análisis de componentes principales, así como en el de escalamiento multidimensional, en el que se establecen las similitudes de las poblaciones comparadas de acuerdo a los sitios polimórficos de cada haplogrupo amerindio y muestran que las dos poblaciones indígenas nahua y mazahua están más cercanas a la población estudiada en la presente tesis, lo que demuestra su filiación indígena basal. Esto ilustra también que el componente amerindio tiene mayor peso en la población mestiza del Centro de México, porque, de acuerdo con los datos históricos, en el Estado de Hidalgo se dio un proceso de colonización por un grupo étnico nahua que llegó del norte del continente y se distribuyó en la mayor parte del territorio mexicano, pasando por los estados de México e Hidalgo y llegando hacia el sur.

Sin embargo, los gráficos para los análisis de componentes principales y el de escalamiento multidimensional (Figura 10 y 11), evidencian una heterogeneidad con la población del Norte de México (Juárez-Ojinaga) y la del sur del continente (Colombia), ya que su distribución es más dispersa y con aislamiento mayor en comparación de las poblaciones del centro (Centro de México, Nahua y Mazahua), que presentan una expansión más o menos similar, aunque con patrones genéticos diferenciables a escala local, ya sea por el aislamiento geográfico o por deriva genética (Torrioni *et al.*, 1993; Merriwether *et al.*, 1996).

Analizando la cercanía geográfica con el Estado de México, donde se localizan los Mazahuas, quienes aparentemente son descendientes de poblaciones nahuas, podemos suponer entonces que las afinidades encontradas con estos grupos se deben al flujo genético existente entre esos grupos indígenas y las poblaciones mestizas actuales del centro de México, como la población mestiza de Pachuca, ya que algunas muestras provienen de la parte este del Estado de Hidalgo y por lo tanto se infieren mezclas ancestrales con los grupos indígenas colonizadores de esta región (De la Barrera, 2000).

Sin embargo, para el árbol de distancias genéticas de Nei que se obtuvo al comparar la población mestiza de estudio, las poblaciones mestizas del Norte de México y Colombia y la población indígena Nahua, muestra que la población del Centro de México está más cercana genéticamente con la población indígena Nahua, ya que posiblemente comparten sustrato indígena de un ancestro común, pues esta región fue centro de intercambio comercial entre grupos humanos de diferentes regiones del Estado de Hidalgo y Estados circundantes a él. Sin embargo, existe una distancia genética mayor (Tabla 4) entre las poblaciones mestizas, lo que sugiere una historia diferente para cada población, por lo que, el establecimiento y diferenciación local de los diferentes polimorfismos asociados a cada haplogrupo, junto con eventos

microevolutivos como la deriva genética, determinan esta diferenciación local (Ayala y Kiger, 1984; Bonatto y Salzano, 1997).

Por lo tanto, hay que considerar que de acuerdo con los análisis moleculares y de asociación presentados en este trabajo, se contribuye a evidenciar el modelo de mestizaje establecido en el continente americano y la filiación genética actual de algunas poblaciones mestizas, donde la población recolectada en Pachuca es el segundo reporte obtenido para México. Esta información es de gran importancia para entender la historia y cultura de las poblaciones indígenas y el proceso de mestizaje que se ha llevado entre diferentes grupos humanos procedentes de otras regiones del mundo y de México, principalmente. Con base en estos resultados y la evidencia histórica (Aguirre-Beltran, 1946; De la Barrera, 2000) aparentemente existió, en el proceso de mestizaje, una mayor proporción de hombres europeos y africanos que de mujeres de otros continentes y mayor sustrato materno indígena (Cook y Borah, 1974). Sin embargo es recomendable completar estos estudios genéticos con marcadores del cromosoma Y, sitios polimórficos del mtDNA y comparar otras poblaciones para que se tenga un panorama más completo sobre la contribución de otros linajes humanos a la población mexicana actual, que permita establecer linajes moleculares y una filiación genética actual (Lisker, 1981; Bailliet *et al.*, 1994; Green *et al.*, 2000).

## 8.- Conclusiones

1. Se caracterizó una población mestiza del centro de México en Pachuca, Hidalgo con los cuatro haplogrupos principales amerindios propios del continente americano (A, B, C, D) que indican que los haplogrupos A y B están fijados en la población de estudio y los haplogrupos C y D son de incorporación más reciente.
2. La población mestiza estudiada presenta sustrato indígena de los grupos étnicos nahua y mazahua, y comparte proporciones de haplogrupos similares a otras muestras mestizas, lo que implica un sustrato común, relacionado básicamente a los grupos amerindios ancestrales.
3. La ausencia de haplogrupos europeos y africanos en la población mestiza estudiada confirma la hipótesis del modelo de mestizaje para el continente americano, conformado por varones extranjeros y mujeres indígenas, aunque los datos para la población de estudio no validan un modelo tri-híbrido.
4. La frecuencia y variabilidad de los marcadores mitocondriales de la población estudiada presentan una segregación norte-sur en el continente, ya que presentan altos valores del haplogrupo A y B en el norte y centro de América y para el caso de los haplogrupos C y D, éstos se encuentran con frecuencias más elevadas en el extremo sur del continente.

## 9.- Bibliografía

- Acuña, A.V. 2005. *La contribución genética africana a las poblaciones mexicanas contemporáneas*. Tesis de Licenciatura. Escuela Nacional de Antropología e Historia. México.
- Adcock, G.J., Dennis, E.S., Eastal, S., Huttley, G.A., Jermin, L.S., Peacock, W.J. y Thorne, A. 2001. Mitochondrial DNA sequences in ancient Australians: implications for modern human origins. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 98(2):537-542.
- Aguirre-Beltrán, G. 1946. The slave trade in Mexico. *Hisp. Am. Hist. Rev.* 24(3):412-431.
- Anderson, S., Bankier, A.T., Barrell, B.G., de Bruijn, M.H., Coulson, A.R., Drouin, J., Eperon, I.C., Nierlich, D.P., Roe, B.A., Sanger, F., Schreier, P.H., Smith, A.J., Staden, R. y Young, I.G. 1981. Sequence and organization of the human mitochondrial genome. *Nature.* 290:457-470.
- Anderson, S.G.E. y Kurland, C.G. 1998. Reductive evolution of resident genomes. *Trends in Microbiology.* 6(7):263-268.
- Andrews, P. 1986. Fossil evidence on human origins and dispersal. *Cold Spring Harb. Symp. Quant. Biol.* 51:419-428.
- Arnaiz-Villena, A., Vargas-Alarcón, G., Granados, J., Gómez-Casado, E., Longas, J., González-Hevilla, M., Zúñiga, J., Salgado, N., Hernández-Pacheco, G., Guillén, J. y Martínez-Laso, J. 2000. HLA genes in Mexican Mazatecans the Peopling of the Americas and the uniqueness of Amerindians. *Tissue Antigens.* 56(5):405-416.
- Arsuaga, J.L. y Martínez, I. 1998. *La especie elegida*. Ed. Temas de Hoy. Col. Tanto por saber. España. 342 pp.
- Ayala, F.J. y Kiger, J.A. 1984. *Genética Moderna*. Ed. Fondo Educativo Interamericano. Barcelona. 836 pp.
- Ayala, F.J. y Escalante, A. 1996. The evolution of human populations: A molecular perspective. *Mol. Phyl. Evol.* 5:188-201.
- Azcue y Mancera, L. 1940. *Catálogo de construcciones religiosas del estado de Hidalgo*. Ed. Talleres Gráficos de la Nación. México. Vol. II. 55 pp.
- 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.* 54:27-33.
- Bandelt, H.J., Herrnstadt, C., Yao, Y.G., Kong, Q.P., Kivisild, T., Rengo, C., Scozzari, R., Richards, M., Villems, R., Macaulay, V., Howell, N., Torroni, A. y Zhang, Y.P. 2003. Identification of Native American founder mtDNAs through the analysis of complete mtDNA sequences: some caveats. *Ann. Hum. Genet.* 67(6):512-524.
- Bonatto, S.L. y Salzano, F.M. 1997. A single and early migration for the peopling of the Americas supported by mitochondrial DNA sequence data. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* 94:1866-1871.
- Boyd, R. y Silk, J.B. 2001. *Cómo evolucionaron los humanos*. Ed. Ariel. Barcelona, España. 623 pp.
- Botstein D., White, R.L., Skolnick, M., y Davis, R.W. 1980. Construction of a Genetic Linkage Map in Man Using Restriction Fragment Length Polymorphisms. *Am. J. Hum. Genet.* 32:314-331.

- Brow, W.M. 1980. Polymorphism in mitochondrial DNA of humans as revealed by restriction endonuclease analysis. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. 77:3605-3609.
- Cann, R.L., Stoneking, M., y Wilson, A.C. 1987. Mitochondrial DNA and Human evolution. *Nature*. 325:31-36.
- Cavalli-Sforza, L.L. Menozzi, P. y Piazza, A. 1994. *The History and Geography of human genes*. Princeton University Press, Princeton. 428 pp.
- Cerda-Flores, R.M., Budowle, B., Jin, L., Barton, S.A., Deka, R. y Chakraborty. 2002. Maximum Likelihood Estimates of Admixture in Northeastern Mexico Using 13 Short Tandem Repeat Loci. *Am. J. Hum. Biol.* 14:429-439.
- Cook, F.S. y Borah, W. 1974. Racial Groups in the Mexican Population since 1519. En: *Essays in Population History (2)*. Mexico and the Caribbean. University of California.
- Crawford, M.H. 1992. *Antropología Biológica de los Indios Americanos*. Ed. Mapfre. Madrid, España. 312 pp.
- De la Barrera, R.R. 2000. *Breve Historia de Hidalgo*. Ed. Fondo de Cultura Económica. México, D.F. 271 pp.
- De Duve, C. 1996. The Birth of the Complex Cells. *Scientific American*. 274(4):38-45.
- Doty, P. 2004. The DNA Story part III. *Plos Biology*. 2:302.
- Dowling, T.E., Moritz C., Palmer J.D., y Rieseberg L.H. 1996. Nucleic Acid III: Análisis of fragments and restriction sites. 249-317. En: Hillis, D.M., Moritz, C. y Mable, B.K. 1996. *Molecular Systematics*. Ed. 2. Ed. Sinauers Associates. Massachusetts. U.S.A. 655 pp.
- Eshleman, J.A., Malhi, R.S. y Smith D.G. 2003. Mitochondrial DNA studies of Native Americans: conceptions and misconceptions of the population prehistory of the Americas. *Evolutionary Anthropology*. 12:7-18.
- Excoffier, L., Smouse, P.E. y Quattro, J.M. 1992. Analysis of molecular variance inferred from metric distance among DNA haplotypes: application of human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics*. 131:479-491.
- Felsenstein, L. 1993. PHYLIP. (Phylogeny Inference Package). Versión 3.5. Distribuido por el autor.
- Flores, C, Maca-Meyer, N., Gonzalez, AM., Oefner, P.J., Shen, P., Perez J.A., Rojas, A., Larruga, J.M., y Underhill, P.A. 2004. Reduced genetic structure of the Iberian peninsula revealed by Y-chromosome analysis: implications for population demography. *Eur. J. Hum Genet*. 12(10):855-863.
- Forster, P. 2004. Ice Ages and the mitochondrial DNA chronology of human dispersals: a review. *Phil. Trans. R. Soc. Lond.* 359: 255-264.
- García, F., Moraga, M., Vera, S., Henríquez, H., Llop, H., Ocampo, C., Aspillada, E. y Rothhammer, F. 2004. Origen y microdiferenciación de la población humana del Archipiélago de Chiloé. *Revista Chilena de Historia Natural*. 77:539-546.
- González, D. 1997. El uso de secuencias génicas para estudios taxonómicos. *Bol. Soc. Bot.* 60:137-157.
- González-Martín, A. 2005. *El origen genético de Adán y Eva y sus implicaciones en los linajes europeos*. Asociación Española de Genealogía y Heráldica. Madrid. 32 pp.

- Gray, M.W., Burger, G. y Lang, B.F. 1999. Mitochondrial Evolution. *Science*. 283:1476-1481.
- Green, L.D., Derr, J.N. y Knight, A. 2000. mtDNA Affinities of the Peoples of North-Central Mexico. *Am. J. Hum. Genet.* 66:989-998.
- Greenberg, J., Turner, C.G. y Zegura, S. 1986. The settlement of the Americans: A comparisons of linguistic, dental and genetic evidence. *Curr. Anthropol.* 86:497-506.
- Horai, S., Kondo, R., Nacagawa-Hattori, Y., Hayashi, S., Sonoda, S. y Tajima, K. 1993. Peopling of Americas, founder by four mayor lineages of mitochondrial DNA. *Mol. Biol. Evol.* 10(1):23-47.
- Horai, S. y Matsunaga, E. 1986. Mitochondrial DNA polymorphism in Japanese. *Hum Genetics.* 72:105-117.
- INEGI. 1992. *Síntesis del Estado de Hidalgo*. México. 134 pp.
- INEGI. 2000. *XII Censo General de Población y Vivienda*.
- Ingman, M., Kaessmann, H., Paabo, S. y Gyllensten, U. 2000. Mitochondrial genome variations and the origins of modern humans. *Nature*. 408:708-13.
- Klug, W.S. y Cummings, M.R. 1999. *Conceptos de Genética*. Ed. 5<sup>a</sup>. Ed. Prentice Hall. Madrid, España. 806 pp.
- Lalueza, C., Pérez-Pérez, A., Prats, E., Cornudella, L., y Turbón, D. 1997. Lack of founding Amerindian mitochondrial DNA lineages in extinct aborigines from Tierra del Fuego-Patagonia. *Hum. Mol. Genet.* 6(1):41-6.
- Leakey, M. y Walker, A. 1997. Early Hominid Fossils from Africa: A new species of *Australopithecus*, the ancestor of *Homo*, pushes back the origins of bipedalism to some four million years ago. *Scientific American*. 276(6):60-65.
- Lewin, R. 1994. *Evolución Humana*. Ed. Salvat. Barcelona, España. 416 pp.
- Lewontin, R.C. 1991. Twenty-five years ago in genetics: electrophoresis in the development of evolutionary genetics: milestone or millstone? *Genetics*. 128:657-662.
- Lisker, R. 1981. *Estructura Genética de la Población Mexicana*. Aspectos médicos y antropológicos. Ed. Salvat. México. 41-96 pp.
- Lisker, R., Perez-Briceno, R., Granados, J., Babinsky, V., de Rubens, J., Armendares, S. y Buentello, L. 1986. Gene frequencies and admixture estimates in a Mexico City population. *Am. J. Phys. Anthropol.* 71:203-7.
- Lisker, R., Ramirez, E., Pérez-Briceño, R., Granados, J., y V. Babissky. 1990. Gene frequencies and admixture estimates in four Mexican urban centers. *Hum. Biol.* 62:791-801.
- Lorenz, J.G. y Smith, D.G. 1996. Distribution of four founding mtDNA haplogroups among Native North Americans. *Am. J. Phys. Anthropol.* 101(3):307-323.
- Lovejoy, P.E. 1982. The volume of the Atlantic slave trade: a synthesis. *The journal of African History*. 23(4):473-501.
- Luft, R. 1995. The development of mitochondrial medicine. *Biochimica et Biophysica Acta*. 1271:1-6.

- Malhi, R.S., Eshtleman, J.A., Greenberg, J.A., Weiss, D.A., Shultz Shook, 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. *Hum. Biol.* 73:17-55.
- 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.
- Maliarchuk BA y Czarny J. 2005. African DNA lineages in mitochondrial gene pool of Europeans. *Mol Biol.* 39(5):806-812.
- Manning, P. 1993. Migrations of Africans to the Americas: the impact on Africans, Africa, and the New World. *The History Teacher.* 26(3):279-296.
- Martínez, M. 1997. Sistemática molecular: comparación entre diferentes métodos y sus aplicaciones. *Bol. Soc. Bot. México.* 60:123-136.
- Merriwether DA, y Ferrell RE. 1996. The tour founding lineage hipótesis for the New World: a critical reevaluation. *Mol. Phylogenet. Evol.* 5:241-246.
- Mettler L.E. y Greg T.M. 1982. *Genética de las Poblaciones y Evolución.* Ed. Unión Tipográfica Editorial Hispano Americana. México. 244 pp.
- Monterrubio, C.L. 1996. *Historia Prehispánica del Estado de Hidalgo.* Consejo Estatal para las Culturas y las Artes. México. 61 pp.
- Moreno, C. L. 2006. Descripción genética de una población Mazahua y su posible relación con otras etnias mexicanas a partir de haplogrupos mitocondriales. Tesis de Licenciatura. Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo: en redacción.
- Nei, M. 1987. *Molecular Evolutionary Genetics.* Columbia University Press, New York, NY, USA.
- Novick, G.E., Novick C.C., Yunis, J., Yunis, E., Antunez de Mayolo, P., Scheer, W.D., Deininger, P.L., Stoneking, M., York, D.S., Batzewr, M.A. y Herrera, R.J. 1998. Polymorphic Alu Insertions and the Asian origin of American Populations. *Hum. Biol.* 70:23-39.
- Oppenheimer, S. 2003. *Los senderos del Edén. Orígenes de la evolución de la especie humana.* Rd. Crítica. Barcelona. 443 pp.
- Page, R.D.M. 2001. Treeview. *Taxonomy and Systematics at Glasgow.* Division of Environmental and Evolutionary Biology. Institute of Biomedical and Life Sciences. University of Glasgow, Scotland, UK.
- Pakendorf, B. y Stoneking, M. 2005. Mitochondrial DNA and human evolution. *Ann. Rev. Genomics Hum. Genet.* 6:165-183.
- Pérez-Meléndrez, M.C.M. 2002. *Elaboración de un manual de Técnicas para el Laboratorio de Biología Molecular.* Tesina de Licenciatura. Q.F.B. Universidad de Guadalajara. México.
- Richards, M., Macaulay, V., Hickey, E., Vega, E., Sykes, B., Guida, V., Rengo, C., Sellito, D., Cruciani, F., Kivisild, T., Villems, R., Thomas, M., Rychkov, S., Rychkov, O., Rychkov, Y., Golge, M., Dimitrov, D., Hill, E., Bradley, D., Romano, V., Calí, F., Vona, G., Demaine, A., Papina, S., Triantaphyllidis, C., Stefanescu, G., Hatina, J., Belledi, M., Di Rienzo, A., Novelletto, A., Oppenheim, A., Norby, S., Al-Zaheri, N., Santachiara-Benerecetti, S., Scozzari, R., Torroni, A. y Bandelt, H.J. 2000.

- Tracing european founder lineages in the Near Eastern mtDNA pool. *Am. J. Hum. Genet.* 67:1251-1276.
- Richards, M. y Macaulay, V. 2001. The mitochondrial gene tree comes of age. *Am. J. Hum. Genet.* 68:1315-1320.
- Rubicz, R., Schurr, T.G., Babb, P.L. y Crawford, M.H. 2003. Mitochondrial DNA Variation and the Origins of the Aleuts. *Hum. Biol.* 75:809-835.
- Ruiz-Pesini, E., Mishmar, D., Brandobn, M., Procaccio, V. y Wallace, D. C. 2004. Effects of purifying and adaptative selection on regional variation in human mtDNA. *Science.* 303:223-226.
- Salas, A., Richards, M., De la Fe, T., Lareu, M.V., Sobrino, B., Sánchez-Diz, P., Macaulay V. y Carracedo, A. 2002. The making of the African mtDNA landscape. *Am. J. Hum Genet.* 71(5):1082-1111.
- Salzano, F.M. y Bortolini, M.C. 2002. *The Evolution and Genetics of Latin American Populations.* Cambridge University Press. Cambridge.
- Schurr, T.G., 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(3):613-23.
- Schneider, S., D. Roessli y L. Excoffier. 2000. *Arlequin: A Software for Population Genetics Data Analysis, Version 2.000.* Laboratory of Genetic and Biometry, Department of Anthropology, University of Geneva, Switzerland.
- Sigurgardottir, S., Helgason, A., Gulcher, J.R., Stefansson, K. y Donnelly, P. 2000. The mutation rate in the human mtDNA control region. *Am. J. Hum. Genet.* 66:1599-1609.
- Soler, M. 2003. *Evolución: La base de la Biología.* Barcelona. 559 pp.
- Stoneking, M. 1993. DNA and recent human evolution. *Evol. Anthropol.* 2:60-63.
- Stoneking, M. y Soodyall, H. 1996. Human Evolution and the mitochondrial genome. *Curr. Opin. Genet. Dev.* 6:731-736.
- Stoneking, M. 2000. Hypervariable Sites in the mtDNA Control Region Are Mutational Hotspots. *Am. J. Hum. Genet.* 67:1029-1032.
- Stringer, C. y Andrews, P. 1988. Genetic and fossil evidence for the origin of modern humans. *Science.* 239:1263-1268.
- Swinsher III, C.C., Rink, W.J., Antón, S.C., Schwarcz, H.P., Curtis, G.H., Suprijo, A. y Widiasmoro. 1996. Latest *Homo erectus* of Java: Potential Contemporaneity with *Homo sapiens* in Southeast Asia. *Science.* 274(5294):1870-1874.
- Sykes, B. 2001. *Las Siete Hijas de Eva.* Ed. Debate. 302 pp.
- Szathmary, E.J.E. 1993. Genetics of aboriginal North Americans. *Evolutionary Anthropology.* (1):202-220.
- Tattersall, I. 1997. Out of Africa Again...and Again? *Scientific American.* 276(4):46-53.
- Torroni, A., Schurr, T. G., Yang, Ch.Ch., 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*. 130:153-62.

- 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. 1993. Asian affinities and continental radiation of the four founding Native American mtDNAs. *Am. J. Hum. Genet.* 53:563-590.
- Torroni, A., Chen, Y., Semino, O. Santachirara-Beneceretti, A.S., Scott, C.R., Lott, M.T., Winter, M. y Wallace, D.C. 1994. Mitochondrial DNA and Y-Chromosome Polymorphisms in four Native American Populations from Southern Mexico. *Am. J. Hum. Genet.* 54:303-318.
- Vargas-González P., Vásquez-Cermeño G. y Zavala-Mejía L. 1997. *La población del estado de Hidalgo*. Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo. 61 pp.
- Vigilant, L., Stoneking, M., Harpending, H., Hawkes, K. y Wilson, A.C. 1991. African populations and the evolution of mitochondrial DNA. *Science*. 258:1503-1507.
- Wallace, D.C. 1995. Mitochondrial DNA variation in human evolution, degenerative disease and aging. *Am. J. Hum. Genet.* 57:201-223.
- Wallace, D.C., y Torroni, A. 1992. American Indian Prehistory as written in the mitochondrial DNA: a review. *Hum. Biol.* 64:103-116.
- Ward, R.H., Frazier, B.L., Dew-Jager, K. y Paabo, S. 1991. Extensive mitochondrial diversity within a single Amerindian tribe. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. 88:8720-8724.
- Wolpoff, M. y Caspari, R. 1997. *Race and Human evolution*. Simon and Schuster Eds, New York. 462 pp.
- Yeh, F.C., Yang, R. y Boyle, T.B.J. 1997. *POPGENE (version 1.31) the User-Friendly Shareware for Population Genetic Analysis*. Centro de Biología Molecular y Biotecnología. Universidad de Alberta, Canada.
- Zouros, E y Rand, D.M. 1999. Populations Genetics and Evolution of Animal DNA. 431-494. En: Singh, R.S. y Krimbas, C.B. 1999. *Evolutionary Genetics: From Molecules to Morphology*. Cambridge University Press. 625 pp.

### **Internet**

[Http://www. Xlstat.com](http://www.Xlstat.com)

[Http://www.geocities.com](http://www.geocities.com)

[Http://www.inaClan-HaplogroupsBY](http://www.inaClan-HaplogroupsBY)

[Http://www.mitomap.com](http://www.mitomap.com)

## 10.- Anexos

Anexo I. Población del Estado de Hidalgo (Vargas-González *et al.*, 1997).



Anexo II. Mapa del Estado de Hidalgo con Geoadministración Municipal (INEGI, 2000).

Anexo III. Formato de la carta consentimiento de cada donador. Por cuestiones éticas se ha preservado la identidad de las personas



**UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL ESTADO DE HIDALGO**  
**INSTITUTO DE CIENCIAS BÁSICAS E INGENIERÍA**  
 Centro de Investigaciones Biológicas

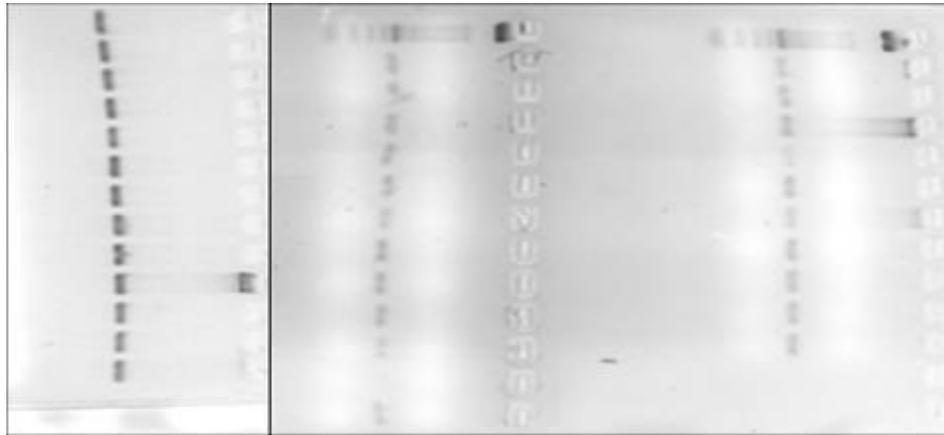
**Fecha**

manifiesto que se me ha informado sobre el estudio sobre genética de poblaciones que la Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo está realizando en la Licenciatura en Biología y que tiene como objeto el desarrollo de investigaciones sobre Biología Humana.  
 Doy mi consentimiento para ceder una muestra consistente en cabello y sangre, siempre y cuando su utilización se realice en los términos explicados y cumpliendo todos los aspectos éticos y legales propios de este tipo de trabajo.

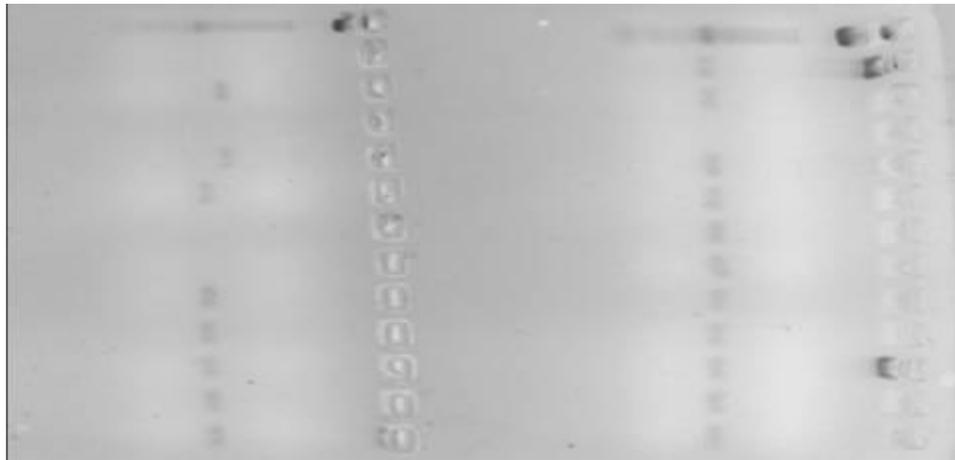
**Firma del Donante**

Anexo IV. Formato de la encuesta realizada de cada donador en el estudio. Por cuestiones éticas se ha preservado la identidad de los donantes.

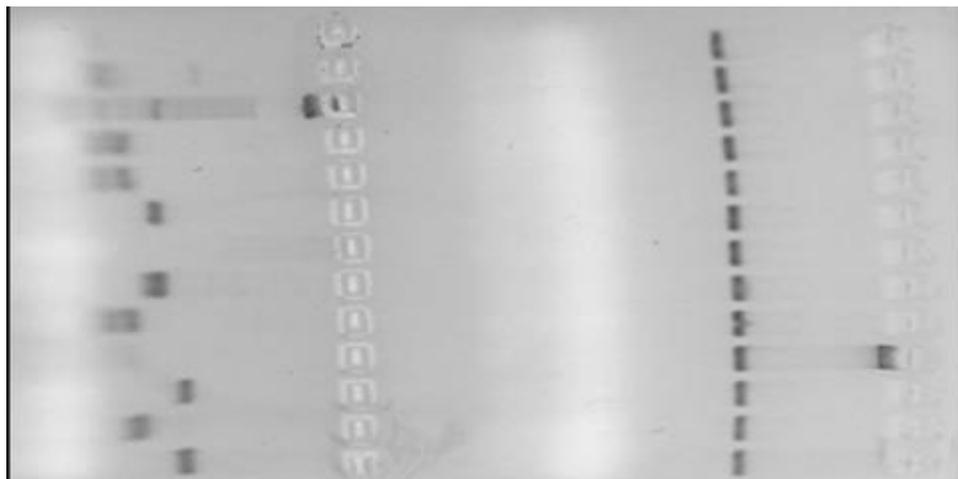
UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL ESTADO DE HIDALGO		LIC. EN BIOLOGÍA	
	<b>Referencia</b>		<b>Lugar de nacimiento del padre</b>
	<b>Fecha</b>		<b>Lugar de nacimiento de los abuelos paternos</b>
	<b>Lugar de Muestreo</b>		
	<b>Apellido Paterno</b>		<b>Abuelo</b>
	<b>Apellido Materno</b>		<b>Abuela</b>
	<b>Nombre</b>		
	<b>Lugar de Nacimiento</b>		<b>Lugar de nacimiento de la madre</b>
	<b>Edad      Años</b>		<b>Lugar de nacimiento de los abuelos maternos</b>
	<b>Sexo</b>		
	M		<b>Abuelo</b>
	F		<b>Abuela</b>
	<b>Observaciones</b>		<b>Contestar en caso de saber ¿Lugar de origen de tus ancestros?</b>



Anexo V. Bandas de Amplificación del haplogrupo B a 112 p.b. y haplogrupo C a 228 con marcador de peso molecular de 25 p.b.



Anexo VI. Bandas de amplificación de los haplogrupos A (derecha) y B (izquierdo) con marcador de peso molecular de 25 p.b.



Anexo VII. Digestión enzimática (izquierda) y amplificación (derecha.).

Anexo VIII. Frecuencias de la población mestiza analizada y de las poblaciones que se utilizaron para realizar las comparaciones. Para norte de México (Green *et al.*, 2000), Mazahua (Moreno, 2006: en redacción), Nahua (Lorenz y Smith, 1996) y Colombia (Horai *et al.*, 1993).

Población	FRECUENCIAS DE HAPLOGRUPOS				
	A	B	C	D	OTROS
Centro de México	0.5000	0.2800	0.1600	0.0300	0.0200
Norte de México	0.3360	0.2650	0.2330	0.0580	0.1080
Mazahua	0.6030	0.3560	0.0410	0.0000	0.0000
Nahua	0.6120	0.3230	0.0650	0.0000	0.0000
Colombia	0.5000	0.2000	0.2500	0.0500	0.0000



Anexo IX. Lugar de nacimiento de la madre de los donadores (color verde).

Anexo X. Relación de las muestras, los códigos empleados en el laboratorio, lugar de nacimiento de la madre y la abuela materna y los haplogrupos resultantes. El número 2 representa las muestras que no presentaron los haplogrupos analizados.

#	REFERENCIA (DONADOR)	HAPLOGRUPO	LUGAR DE NACIMIENTO DE LA MADRE	LUGAR DE NACIMIENTO DE LA ABUELA MATERNA	ANCESTROS
1	A001	B	Cd. Sahagún, Hgo.	Emiliano Zapata, Hgo	?
2	AOO3	A	Acaxochitlán, Hgo	Tualcingo, Hgo	?
3	AOO4	C	San Martín, Edo Mex.	San Martín, Edo Mex.	?
4	AOO5	A	Zapotlán de Juárez, Hgo	México, D.F.	?
5	AOO6	C	?	Pachuca, Hgo	?
6	AOO7	C	Pachuca, Hgo	Guadalajara, Jalisco	?
7	AOO8	A	Zaragoza, Tlahuelilpa, Hgo	Tlahuiltepa Hidalgo ?	?
8	AOO9	B	Tierra Blanca, Veracruz	?	?
9	AOO10	B	Mineral del Chico, Hgo	Mineral del Chico, Hgo	?
10	AOO11	A	San Agustín Tlaxiaca, Hgo	San Agustín Tlaxiaca, Hgo	Español y Durango
11	AOO12	A	Pachuca, Hgo	Pachuca, Hgo	?
12	AOO13	D	?	?	?
13	AOO14	A	Villa Hermosa, Tabasco	Tabasco	?
14	AOO15	A	Pachuca, Hgo	Pachuca, Hgo	?
15	AOO16	B	Apan, Hgo	Apan, Hgo	?
16	AOO17	D	Molango, Hgo	Molango, Hgo	?
17	AOO18	A	?	Tlaxcala	?
18	AOO19	B	?	?	?
19	AOO20	A	?	Puebla	Bisabuelo paterno europeo
20	AOO21	A	Pachuca, Hgo	?	?
21	AOO22	A	Pahuatlán, Puebla	Pahuatlán, Puebla	?
22	AOO23	B	?	Pachuca, Hgo	?
23	AOO24	C	México, D.F.	Valle de Santiago, Gto.	?
24	AOO25	A	México, D.F.	Estado de México	?
25	AOO26	A	Progreso de Obregón, Hgo	Ixmiquilpan, Hgo.	?
26	AOO27	B	Mineral del Monte, Hgo	Mineral del Monte, Hgo	?
27	B001	C	San Luis Potosí	San Luis Potosí	?
28	B002	A	Cuautepec de Hinojosa	Cuautepec de Hinojosa	Abuelos paternos hablan Náhuatl
29	B003	B	Hidalgo	Hidalgo	?
30	B004	A	México, D.F.	México, D.F.	?

#	REFERENCIA (DONADOR)	HAPLOGRUPO	LUGAR DE NACIMIENTO DE LA MADRE	LUGAR DE NACIMIENTO DE LA ABUELA MATERNA	ANCESTROS
31	B005	B	Cd. Meoqui, Chihuahua	Aquiles Serdán, Chihuahua	Chihuahua
32	B006	2	Molango, Hgo	Molango, Hgo	España
33	B007	C	Santiago de Chile	Santiago de Chile	?
34	B008	A	Huichapan, Hgo	Huichapan, Hgo	?
35	B009	A	México, D.F.	México, D.F.	?
36	B010	A	Guanajuato	Guanajuato	?
37	B011	A	Pachuca, Hgo	Pachuca, Hgo	?
38	B012	A	Real del Monte, Hgo	Real del Monte, Hgo	?
39	B013	C	Tlaxcala	Tlaxcala	?
40	C001	C	?	?	?
41	C002	A	El Aserradero, Hgo	?	?
42	C003	A	San Gabriel Azteca, Hgo	Zempoala, Hgo	?
43	C004	B	México, D.F.	México, D.F.	?
44	C006	B	Pachuca, Hgo	Tezontepec, Hgo	?
45	C007	B	Emiliano Zapata, Hgo	Hidalgo	?
46	CO09	A	?	?	?
47	D001	C	Ixmiquilpan, Hgo	Ixmiquilpan, Hgo	?
48	E001	B	Guadalajara	Bilbao	?
49	E004	A	Tepatepec, Hgo	Tepatepec, Hgo	?
50	E006	A	?	Progreso de Obregón, Hgo	?
51	E009	2	Molango, Hgo	Molango, Hgo	?
52	E010	A	Apan, Hgo	Apan, Hgo	?
53	E017	A	Tula, Hgo	Tepeapulco, Hgo	?
54	E018	A	Pachuca, Hgo	Zempoala, Hgo	?
55	E020	A	Santo Tomas	Atlaltipa	?
56	E022	B	Apan, Hgo	?	?
57	E023	C	Tlanchinol, Hidalgo	Tlanchinol, Hidalgo	?
58	E024	A	Mixquiahuala, Hgo	Mixquiahuala, Hgo	?
59	E025	A	Actopan, Hgo	Pachuca, Hgo	?
60	E027	A	Pachuca, Hgo	Pachuca, Hgo	?

#	REFERENCIA (DONADOR)	HAPLOGRUPO	LUGAR DE NACIMIENTO DE LA MADRE	LUGAR DE NACIMIENTO DE LA ABUELA MATERNA	ANCESTROS
61	E028	A	Teiziutlán, Puebla	Teiziutlán, Puebla	?
62	E031	A	Tetla, Hidalgo	Tetla, Hidalgo	?
63	E032	A	Mineral del Chico, Hgo	Mineral del Chico, Hgo	?
64	F001	A	Mineral del Chico, Hgo	México, D.F.	?
65	F002	C	Tulancingo, Hgo	Acaxochitlán, Hgo	Bisabuelos de México, D.F.
66	F003	B	Actopan, Hgo	Actopan, Hgo	?
67	F004	C	Ixmiquilpan, Hgo	Ixmiquilpan, Hgo	?
68	F005	A	Tula, Hgo	Tequisquiapan, Querétaro	?
69	F006	B	Nopala, Hgo	Chapantongo, Hgo	?
70	F007	B	San Marcos, Hgo	San Marcos, Hgo	?
71	F008	B	Tulancingo, Hgo	Pachuca, Hgo	Pachuca, Hgo
72	F011	B	Meztitlán, Hgo	Meztitlán, Hgo	?
73	F012	A	Michoacán	Michoacán	?
74	F013	B	Real del Monte, Hgo	Real del Monte, Hgo	Arandos, Jalisco
75	F014	A	San Agustín Tlaxiaca, Hgo	Zapotlán, Hgo	Bis. Pater. San Agustín Tlaxiaca, Hgo
76	F015	C	Pachuca, Hgo	Pachuca, Hgo	Hidalgo
77	G001	A	Pachuca, Hgo	Molango, Hgo	?
78	G002	A	Huichapan, Hgo	Alfajayucan, Hgo	Tatarabuelo español
79	P001	A	Pachuca, Hgo	Pachuca, Hgo	?
80	P003	C	Hidalgo	Hidalgo	?
81	P005	A	Hidalgo	Hidalgo	?
82	P008	A	México, D.F.	México, D.F.	México, D.F.
83	Q001	B	San Felipe Orizatlán, Hgo	San Felipe Orizatlán, Hgo	?
84	Q003	A	México, D.F.	México, D.F.	?
85	Q004	B	Puebla, Pue.	Veracruz, Ver.	?
86	Q007	D	Pachuca, Hgo	Pachuca, Hgo	?
87	Q008	B	Tulancingo, Hgo	Tulancingo, Hgo	?
88	Q009	B	Actopan, Hgo	Actopan, Hgo	?
89	Q011	B	Ixmiquilpan, Hgo	Veracruz, Ver.	?
90	Q012	B	Puebla, Pue.	México, D.F.	?

#	REFERENCIA (DONADOR)	HAPLOGRUPO	LUGAR DE NACIMIENTO DE LA MADRE	LUGAR DE NACIMIENTO DE LA ABUELA MATERNA	ANCESTROS
91	Q013	A	Pachuca, Hgo	Pachuca, Hgo	?
92	Q014	B	Puebla, Pue.	Puebla, Pue.	?
93	Q015	A	Texcoco	Texcoco	?
94	Q016	A	San Luis Potosí	San Luis Potosí	?
95	Q018	B	Tepeapulco, Hgo	Estado de México	?
96	Q019	A	Tulancingo, Hgo	?	?
97	Q020	A	Río Blanco, Hgo	Río Blanco, Hgo	?
98	S001	C	?	?	?
99	S002	C	Hidalgo	Hidalgo	?
100	CONTROL 1	L	España	España	?
101	CONTROL 2	L	África	África	?

## 11.- Glosario

- ❖ **Cuello de botella:** es la disminución drástica del tamaño de una población, da como resultado que la población que haya sobrevivido tenga sólo una parte del conjunto de alelos original. Aunque la población se incremente a su tamaño original habrá perdido parte de la variabilidad genética (Mettler y Gregg, 1982; Soler, 2003).
- ❖ **Efecto fundador:** ocurre cuando una población, constituida por pocos individuos, se separa de una población mayor. Existe la probabilidad de que éstos no sean representativos de la estructura genética de la población original. Normalmente este fenómeno implica una disminución de la variabilidad genética inicial (Mettler y Gregg, 1982).
- ❖ **Deriva genética:** es cuando en cada generación se realiza un sorteo de alelos al azar durante la transmisión de gametos de padres a hijos, ya que la mayoría de los organismos son diploides. La frecuencia en que los alelos aparecen puede cambiar de generación en generación sólo como resultado de la probabilidad de recombinación en un acervo genético pequeño de aproximadamente 100 o menos individuos (Klug y Cummings, 1999).
- ❖ **Migración.** Una consecuencia de este fenómeno es la ruptura de las diferencias genéticas entre las poblaciones. Es decir, es un proceso de homogenización entre la población emisora de genes, o individuos, y la receptora. Las mutaciones de una población pueden transmitirse a otras poblaciones por migraciones y esto puede implicar la ganancia o pérdida de alelos (Mettler y Gregg, 1982; Soler, 2003).
- ❖ **Mutación:** es cualquier cambio heredable del DNA; es decir, un cambio estable y heredable en el material genético, es una fuente de variación a nivel

poblacional en un lapso largo de tiempo, altera la secuencia del DNA y por tal motivo se producen nuevas variaciones, las cuales pueden ser eliminadas o pueden tener éxito e incorporarse a todos los individuos de la especie. De tal manera es un factor que altera la diversidad genética en la población (Klug y Cummings, 1999).