

Diario de Campo

Septiembre-diciembre de 2018

Cuarta época

Núm.
6



Genética y genómica
poblacional como herramientas
de estudio antropológico en México



CULTURA
SECRETARÍA DE CULTURA



SECRETARÍA DE CULTURA
Alejandra Frausto Guerrero
SECRETARIA

INSTITUTO NACIONAL DE ANTROPOLOGÍA E HISTORIA
Diego Prieto Hernández
DIRECTOR GENERAL

Aída Castilleja González
SECRETARIA TÉCNICA

Pedro Velázquez Beltrán
SECRETARIO ADMINISTRATIVO

Paloma Bonfil Sánchez
COORDINADORA NACIONAL DE ANTROPOLOGÍA

Rebeca Díaz Colunga
ENCARGADA DE LA COORDINACIÓN NACIONAL DE DIFUSIÓN

Jaime Jaramillo
ENCARGADO DE LA DIRECCIÓN DE PUBLICACIONES, CND

Benigno Casas
SUBDIRECTOR DE PUBLICACIONES PERIÓDICAS, CND



IMAGEN DE PORTADA
Secuencia genómica. **Imagen** © Itzia Irais Solís González

DIARIO DE CAMPO

Cuarta época, año 2, núm. 6
Septiembre-diciembre de 2018

DIRECTORA DE LA REVISTA
Paloma Bonfil Sánchez

CONSEJO EDITORIAL
Juan Manuel Argüelles San Millán
Eduardo González Muñiz
Cuahtémoc Velasco Ávila
Julio Alfonso Pérez Luna
Bernardo Yáñez Macías
Amalia Attolini Lecón
José Íñigo Aguilar
Héctor Manuel Enríquez Andrade

COORDINACIÓN DEL NÚMERO
Raúl Cuahtémoc Baptista Rosas

EDICIÓN Y CORRECCIÓN DE ESTILO
Pedro Ovando Vázquez
Yerem Mújica Toscano
Sergio Pliego Fuentes
Esteban Velarde Dordelly

DISEÑO Y CUIDADO EDITORIAL
Subdirección de Publicaciones Periódicas

DISEÑO DE PORTADA
Itzia Irais Solís González



QR Diario de Campo

Diario de Campo, cuarta época, año 2, núm. 6, septiembre-diciembre de 2018, es una publicación cuatrimestral editada por el Instituto Nacional de Antropología e Historia, Secretaría de Cultura, Córdoba 45, colonia Roma, alcaldía Cuauhtémoc, CP 06700, Ciudad de México. Editor responsable: Benigno Casas de la Torre. Reservas de derechos al uso exclusivo: 04-2014-063012421300-102; ISSN: 2007-6851, ambos otorgados por el Instituto Nacional del Derecho de Autor. Licitud de título y contenido: en trámite, otorgada por la Comisión Calificadora de Publicaciones y Revistas Ilustradas de la Secretaría de Gobernación. Domicilio de la publicación: Hamburgo 135, Mezzanine, colonia Juárez, alcaldía Cuauhtémoc, CP 06600, Ciudad de México. Imprenta: Taller de impresión del INAH. Av. Tláhuac 3428, colonia Culhuacán, alcaldía Iztapalapa, CP 09840, Ciudad de México. Distribuidor: Coordinación Nacional de Difusión del INAH: Hamburgo 135, Mezzanine, colonia Juárez, alcaldía Cuauhtémoc, CP 06600, Ciudad de México. Este número se terminó de imprimir el 30 de abril de 2020, con un tiraje de 500 ejemplares.

Índice

Introducción	4
Enfoques	
Antropología molecular y análisis del ADN mitocondrial en poblaciones nahuas del Altiplano de México	8
Angélica González Oliver / Ernesto Garfias Morales / Víctor Hugo Avilés Chávez / Aurora Millán Sierra / Héctor Alessandro López Hernández	
La ruta de los yaquis desde Sonora hasta Yucatán: una propuesta de identificación histórico-biológica	26
Oana del Castillo Chávez / José Manuel Arias López	
Heredabilidad de la obesidad en el noreste de México. Estudio basado en el índice de masa corporal de diadas (madre-hijo)	38
Ricardo M. Cerda-Flores / Andrés Figueroa / Hugo Leonid Gallardo-Blanco	
La inmunogenética más allá de la clínica: genes y patógenos que marcaron nuestra historia demográfica	46
Rodrigo Barquera Lozano	
¿Dónde están los genomas de los mexicanos afrodescendientes?	59
Raúl Cuauhtémoc Baptista Rosas / Alma Aurora Arreola Cruz / Ana Sofía Torres Menchaca / Citlalli Quecha Reyna	
Entrevista	
Genética y genómica de poblaciones en México. ¿Dónde estamos y hacia dónde vamos? Entrevista con Héctor Rangel Villalobos	82
Raúl Cuauhtémoc Baptista Rosas	
El reto de analizar genomas en México. Entrevista con Andrés Moreno Estrada	84
Raúl Cuauhtémoc Baptista Rosas	
En imágenes	
Una última entrevista: el seguimiento molecular a una pieza ósea de un contexto prehispánico	87
Rodrigo Barquera Lozano	

Diversa

- La violencia implícita en la discriminación étnica y el papel de la lengua materna. Narrativas de mujeres *mè'phàà* y *na savi* de La Montaña de Guerrero** 111
María Cristina Hernández Bernal

Peritajes antropológicos

- Vinculación interinstitucional y peritaje antropofísico** 134
Israel David Lara Barajas

Proyectos INAH

- Análisis del desarrollo ontogenético en personas con trisomía 21: un enfoque comparativo** 139
Bernardo Yáñez Macías Valadez

Reseñas analíticas

- Tres ediciones del Mexico Population Genetics Meeting (#mexpopgen)** 144
Karla Sandoval Mendoza

El cuerpo revisitado

- Reseña crítica del libro: Arturo Rico Bovio (2017). *Muerte y resurrección del cuerpo*. México: Plaza y Valdés / Universidad Autónoma de Chihuahua** 148
Elio Masferrer Kan

Diario de Campo

Septiembre-diciembre de 2018

Cuarta época, número 6

La genética y la genómica de poblaciones son dos disciplinas jóvenes, y en nuestro país han encontrado su nicho dentro de la investigación antropológica para responder algunas de las preguntas de trabajo que en el pasado eran de difícil respuesta al emplear otras estrategias, como técnicas antropométricas basadas en la relación entre forma y función anatómica, los modelos de selección natural sobre la biología de las poblaciones, la ecología y la etología.

La antropología física, y en especial la antropología biológica, disciplinas de gran tradición e historia en México, ya empleaban con éxito técnicas citogenéticas y marcadores moleculares desde hace varias décadas; sin embargo, las técnicas desarrolladas por las ciencias genómicas se han incorporado recientemente en su arsenal diagnóstico. La gran diferencia entre genética y genómica es la capacidad de explorar simultáneamente múltiples regiones del genoma no sólo de seres humanos, sino de cualquier ser vivo, tanto plantas como animales, tan pequeños que necesitamos microscopios para poder verlos directamente, y tan grandes como un campo de agaves que se pierde en el horizonte. Con las técnicas actuales de alto rendimiento, inclusive exomas y genomas completos pueden compararse entre diferentes individuos y entre grandes grupos de individuos.

En esta edición especial titulada “Genética y genómica poblacional como herramientas de estudio antropológico en México” se ponen en contexto algunas de las líneas de trabajo de grupos de investigación en nuestro país desde la perspectiva de la antropología molecular, basada en el análisis de poblaciones mexicanas tanto modernas como antiguas. No queremos dejar pasar la oportunidad de hacer una breve semblanza de cada trabajo, así como una breve sinopsis de cada uno de los autores para poner en contexto con la obra en general.

El artículo “Antropología molecular y análisis del ADN mitocondrial en poblaciones nahuas del Altiplano de México”, escrito por Angélica González Oliver, Ernesto Garfías Morales, Víctor Hugo Avilés Chávez, Aurora Millán Sierra y Héctor Alessandro López Hernández, nos ofrece una aproximación al estudio de las frecuencias de los haplogrupos del ADN mitocondrial en poblaciones nahuas actuales que habitan en los estados de Hidalgo, Puebla y San Luis Potosí, así como las diferencias genéticas significativas entre ellas. Es importante resaltar que la Dra. Angélica González es profesora de tiempo completo en el Departamento de Biología Celular de la Facultad de Ciencias de la UNAM, donde dirige un grupo de investigación de antropología molecular desde 2009. La Dra. González desarrolla la línea de investigación de antropología molecular con énfasis en el análisis genético del ADN mitocondrial de las poblaciones indígenas actuales y antiguas de origen mesoamericano para reconstruir su historia microevolutiva. Los coautores de este manuscrito participan en el Taller de Antropología Molecular de la carrera de Biología, con la colaboración del M. en C. Ernesto Garfías, quien también cursó dicho taller y forma parte del grupo de investigación de antropología molecular de la Facultad de Ciencias de la UNAM.

“La ruta de los yaquis desde Sonora hasta Yucatán: una propuesta de identificación histórico-biológica”, escrito por la Dra. Oana del Castillo Chávez, investigadora de tiempo completo del

Centro INAH Yucatán, licenciada en arqueología por Universidad Autónoma de Yucatán, y maestra y doctora en antropología por la ENAH, colabora en el cuerpo académico Sociedad y salud en poblaciones antiguas, donde su principal línea de estudio es la bioarqueología del área maya; en coautoría con el Dr. José Manuel Arias López, investigador posdoctoral en el Centro INAH Yucatán, nos brindan una perspectiva de los eventos llevados a cabo a finales del siglo XIX, cuando el gobierno porfirista emprendió el abatimiento de la rebelión yaqui mediante la deportación de los rebeldes a Yucatán, donde fueron empleados como mano de obra en haciendas agrícolas. En este trabajo se hace la propuesta de recuperar parte de la historia a partir del estudio de sus restos esqueléticos encontrados en una finca coprera de la costa yucateca.

Ricardo M. Cerda-Flores, profesor investigador adscrito al Laboratorio de Bioestadística y Genética de Poblaciones de la Facultad de Enfermería de la Universidad Autónoma de Nuevo León; Andrés Figueroa, investigador del Departamento de Ciencias Computacionales en la Universidad de Texas, Rio Grande Valley, y Hugo L. Gallardo-Blanco, profesor adscrito al Departamento de Genética de la Facultad de Medicina en la Universidad Autónoma de Nuevo León, nos ofrecen su trabajo “Heredabilidad de la obesidad en el noreste de México. Estudio basado en el índice de masa corporal de díadas (madre-hijo)”, donde hacen una aproximación del estudio de la epidemia de obesidad desde la perspectiva de la genética cuantitativa. El Dr. Cerda-Flores es biólogo con estudios de doctorado en ciencias, en la especialidad en genética y biología celular, y el Dr. Andrés Figueroa es matemático con doctorado en ciencias de la computación. Su interés de investigación incluye algoritmos, teoría de computación, bioinformática y biología molecular computacional. Más recientemente, su trabajo se ha centrado en la genética estadística, los estudios epidemiológicos genéticos, los estudios familiares y de casos, y controles mediante el uso de bloques de haplotipos, así como la identificación de múltiples marcadores genéticos que influyen en los rasgos hereditarios. Por su parte, el Dr. Gallardo-Blanco cuenta con estudios de maestría y doctorado en ciencias con especialidad en biología molecular e ingeniería genética y biotecnología.

Rodrigo Barquera Lozano aporta su contribución para enriquecer esta edición especial con dos trabajos: el primero en la sección “Enfoques”, titulado “La inmunogenética más allá de la clínica: genes y patógenos que marcaron nuestra historia demográfica”, en el que nos invita a reflexionar sobre la diversidad restringida en los genes relacionados con histocompatibilidad como productos de eventos de adaptación en las Américas anteriores al siglo XV, o bien, relacionada con selección natural histórica posterior, relacionada con la Conquista y el mestizaje.

En su segundo trabajo, publicado en la sección “En imágenes” y titulado “Una última entrevista: el seguimiento molecular a una pieza ósea de un contexto prehispánico”, nos brinda un recorrido por el proceso por el que pasa un espécimen, de manera gráfica y paso a paso, para hacer más claras las técnicas empleadas para lograr obtener moléculas biológicas útiles, de origen proteico o ácidos nucleicos, que permitan su análisis e interpretación. En resumen, este documento, rico en

imágenes ilustrativas, nos lleva de la mano en el proceso para obtener información molecular que nos permita interpretar su contexto biológico y nos apoye en la construcción de hipótesis y en la propuesta de inferencias de índole histórico y social. Rodrigo Barquera es licenciado en antropología física e investigador del laboratorio de genética molecular en esa misma institución; actualmente cursa el doctorado en el Departamento de Arqueogenética en el Instituto Max Planck para la Ciencia e Historia Humana, en la ciudad de Jena, Alemania. Durante los últimos 20 años ha centrado su investigación en diferentes regiones del genoma humano relacionadas con la respuesta inmune tanto innata como adaptativa, específicamente en poblaciones mexicanas y otros grupos latinoamericanos. Durante ese periodo estudió el sistema en varias dimensiones, incluyendo análisis de asociación de enfermedades, genética de poblaciones, aplicaciones clínicas y su evolución molecular. También ha sido parte del Proyecto CANDELA¹ (Consortio para el Análisis de la Diversidad y Evolución de América Latina).

Finalmente, en el artículo “¿Dónde están los genomas de los mexicanos afrodescendientes?”, escrito por Alma Aurora Arreola Cruz, Ana Sofía Torres Menchaca, Citlalli Quecha Reyna y el suscrito, se discuten la problemática, el potencial impacto social y algunas hipótesis para explicar la aparente ausencia de información genética y genómica de poblaciones afrodescendientes en el México contemporáneo en bases de datos de información genómica de acceso libre. La maestra Arreola Cruz es licenciada en enfermería y maestra en ciencias en microbiología, y se desempeña como profesora en la Escuela de Ciencias de la Salud de la Universidad Autónoma de Baja California; la maestra Torres Menchaca es licenciada en derecho y maestra en derecho constitucional y derechos humanos, actualmente se desempeña como profesora investigadora en el Departamento de Estudios Sociopolíticos y Jurídicos del ITESO en la ciudad de Guadalajara, Jalisco. La Dra. Quecha Reyna es licenciada en antropología social, maestra y doctora en antropología, investigadora posdoctoral en el Departamento de Ciencias Antropológicas de la Universidad Autónoma Metropolitana y se desempeña como investigadora del Instituto de Investigaciones Antropológicas de la Universidad Nacional Autónoma de México.

Como se hace patente, en general en este trabajo se tratan temas no sólo interdisciplinarios sino transdisciplinarios, que se relacionan con la comprensión de problemas actuales y del pasado mediante la aplicación de estas nuevas tecnologías relacionadas con las ciencias genómicas.

En la sección “Diversa” presentamos el artículo de María Cristina Hernández Bernal, del Programa Nacional Etnografía de las Regiones Indígenas de México, titulado “La violencia implícita en la discriminación étnica y el papel de la lengua materna. Narrativas de mujeres *mè'phàà* y *na savi* de La Montaña de Guerrero”, en el cual se presentan diversos testimonios de mujeres *mè'phàà* que dan cuenta de la dolorosa persistencia de prácticas racistas en contextos de profun-

1. El proyecto CANDELA es un consorcio internacional multidisciplinario que estudia la diversidad biológica, tanto a nivel fenotípico como genotípico, de los latinoamericanos y sus contextos, principalmente nativos americanos y poblaciones mezcladas de México y Ecuador, así como coevolución de patógenos-sistema inmune.

da desigualdad social. A partir de casos etnográficos, la autora documenta la discriminación que se ejerce a las personas que hablan su lengua materna y la ausencia de una política lingüística que garantice el acceso a los derechos humanos, civiles y culturales.

En la sección “Entrevista” presentamos la visión experta desde dos perspectivas: una breve charla con el Dr. Héctor Rangel Villalobos sobre el estado del arte de la genética y genómica de poblaciones en México, y una segunda charla con el Dr. Andrés Moreno Estrada sobre el reto de analizar genomas en México. El Dr. Rangel Villalobos se desempeña como profesor investigador y director del Instituto de Investigación en Genética Molecular en el Centro Universitario de la Ciénega de la Universidad de Guadalajara, y el Dr. Moreno Estrada es investigador titular en el Laboratorio Nacional de Genómica para la Biodiversidad (Langebio) del Cinvestav, donde dirige el laboratorio de genómica humana y de poblaciones.

En la sección “Peritajes antropológicos”, Israel David Lara Barajas, antropólogo físico e investigador adscrito al Centro INAH Querétaro, nos comparte su perspectiva sobre la situación actual de la vinculación interinstitucional y el peritaje antropofísico.

En el apartado “Proyectos INAH”, Bernardo Yáñez Macías Valadez, profesor investigador de la Dirección de Antropología Física del INAH, nos ofrece una breve reflexión en su ensayo “Análisis del desarrollo ontogenético en personas con trisomía 21: un enfoque comparativo”, evaluando desde la perspectiva de la biología del desarrollo algunos aspectos morfogenéticos relacionados con la trisomía 21 (o síndrome de Down), la enfermedad cromosómica de mayor frecuencia en nuestra población.

En la sección “Reseña analítica”, la Dra. Karla Sandoval, del Langebio-Cinvestav nos pone al tanto de los eventos académicos MexPoPGen (*Mexico Population Genetics*) llevados a cabo en nuestro país. La Dra. Sandoval dirige la Oficina de Comunicación y Enlace del Langebio del Cinvestav en la ciudad de Irapuato, Guanajuato. Y para cerrar con broche de oro, el doctor Elio Masferrer, una de las figuras más relevantes de la antropología latinoamericana moderna, nos hace un breve comentario del libro de Arturo Rico Bovio en su texto “El cuerpo revisitado. A propósito del libro *Muerte y resurrección del cuerpo*”. El Dr. Masferrer se enfoca en el estudio de las religiones y la etnohistoria, especializado en la antropología en sociedades complejas, puntualmente en la relación entre religión y política, sistemas religiosos contemporáneos y los totonacos de la Sierra Norte de Puebla. Desde 1980 es profesor investigador titular de la ENAH y, a partir de 2015, investigador emérito del Instituto Nacional de Antropología e Historia.

Esperamos que los lectores de esta edición especial disfruten tanto como nosotros lo hicimos al trabajar en ella, que además se enriquezca el conocimiento y se abran más espacios para potenciales aplicaciones de estas tecnologías de nueva generación para la solución de preguntas y problemas, actuales y del pasado, a fin de ver al futuro desde una perspectiva antropológica.

Raúl Cuauhtémoc Baptista Rosas

Antropología molecular y análisis del ADN mitocondrial en poblaciones nahuas del Altiplano de México

Angélica González Oliver* / Ernesto Garfias Morales* / Víctor Hugo Avilés Chávez* / Aurora Millán Sierra* / Héctor Alessandro López Hernández*

ISSN: 2007-6851

p. 8-p. 25

Fecha de recepción del artículo: junio de 2018

Fecha de publicación: diciembre de 2018

Título del artículo en inglés: *Molecular Anthropology and the Analysis of Mitochondrial DNA from Nahua Populations from Central Mexico*

Resumen

Estudio que identifica las frecuencias de los haplogrupos del ADN mitocondrial en poblaciones nahuas de los estados de Hidalgo, Puebla y San Luis Potosí. Los resultados obtenidos se compararon con los obtenidos de otras poblaciones del mismo grupo. En las poblaciones nahuas el haplogrupo A presenta la mayor frecuencia en un rango de 46 a 74%; el menos frecuente es el haplogrupo D, que muestra frecuencias bajas de 2 a 17%. Las poblaciones nahuas actuales y antiguas no muestran un patrón claro de distribución de las frecuencias de los cuatro haplogrupos mitocondriales, contrariamente a lo observado para otras poblaciones de origen mesoamericano como las mayas (A, C, B y D, con base en su frecuencia decreciente). En términos generales, los resultados muestran diferencias genéticas significativas entre las poblaciones, especialmente al comparar a los nahuas de Veracruz entre sí y con otras poblaciones de ese mismo grupo, lo que podría deberse a la historia regional de los grupos y su origen. Además, las poblaciones nahuas modernas de la misma región geográfica no siempre muestran relaciones genéticas cercanas; por ejemplo, las dos poblaciones nahuas de la Ciudad de México o las dos poblaciones de Puebla y las de Hidalgo. Por otra parte, cuatro poblaciones nahuas modernas de distintas regiones geográficas muestran una cercanía genética que podría deberse a la presencia de un flujo génico continuo entre ellas. Otras tres poblaciones, dos antiguas, como los aztecas de Tlatelolco y nahuas de Tlaxcala, así como los nahuas modernos de la Sierra Norte de Puebla estudiados aquí, muestran similitudes genéticas que podrían deberse a un origen común.

Palabras clave: haplogrupos mitocondriales, ADN mitocondrial, poblaciones nahuas modernas, nahuas antiguos.

Abstract

This study identifies the mitochondrial haplogroup frequencies, A, B, C and D, in present-day Nahua inhabiting the states of Hidalgo, Puebla, and San Luis Potosí. The results obtained were compared with those of other Nahua populations cited in the literature. In Nahua populations haplogroup A shows the highest frequency with a range of 46 to 74%, haplogroup D is the least frequent, with low frequencies from 2 to 17%. The present and ancient Nahua populations do not show a clear distribution pattern of mitochondrial haplogroup frequencies, in contrast to what has been observed in other populations of Mesoamerican origin, as the Maya (A, C, B and D, based on their decreasing frequency). In general, the results show significant genetic differences between the populations, especially the present-day Nahua of Veracruz compared within itself and with other Nahua populations, which could be the result of regional history and origin. Also, other modern Nahua populations from the same geographical region do not always show close genetic relations, such as the two Nahua populations from Mexico City, or those from Puebla and Hidalgo. In turn, four modern Nahua populations from different geographic regions show a genetic similarity that could be due to the presence of a continuous gene flow between them. Three other populations, the ancient Aztec from Mexico City, the ancient Nahua from Tlaxcala and the modern Nahua from the Puebla Sierra Norte studied here also show a close genetic relation that could be owed to a common origin.

Keywords: mitochondrial haplogroups, mitochondrial DNA, modern Nahua populations, ancient Nahua.

* Departamento de Biología Celular, Universidad Nacional Autónoma de México (goliver@unam.mx; egarfias@ciencias.unam.mx; victor_hach@ciencias.unam.mx, aurorabio@ciencias.unam.mx, alessandro@ciencias.unam.mx).

La antropología biológica permite identificar y explicar la variación genética de *Homo sapiens* utilizando varias ciencias auxiliares que pertenecen a dos campos, el de las humanidades y el de las ciencias experimentales (González-Martín, 2006). En estas últimas, la genética, medicina, biología molecular, antropología, antropología molecular y, de manera más reciente, la genómica, han abierto nuevas posibilidades para estudiar el origen y evolución del hombre, entre otros temas. La biología molecular no es sólo una tecnología, sino una disciplina que involucra el estudio de la estructura genómica y la función. Cuando el conocimiento de esta disciplina se integra con el de la antropología permite un conocimiento profundo sobre el enfoque molecular de la evolución y diversidad humana, y el de los primates no humanos (Pääbo, 1993). Algunos de los primeros métodos moleculares, por ejemplo, las técnicas inmunológicas, fueron utilizados para estudiar a las proteínas desde una perspectiva evolutiva (Goodman, 1964; Zuckerkandl, 1964). Los primeros intentos para entender el desarrollo evolutivo de los humanos fueron a través del uso de marcadores proteicos, como las hemoglobinas (Zuckerkandl *et al.* 1960) y las proteínas del suero (Goodman, 1964). Estos trabajos fueron pioneros en utilizar las herramientas moleculares en las disciplinas de la antropología y de la evolución.

Los polimorfismos genéticos, es decir, la presencia de más de un alelo de un gen en una población, han sido ampliamente analizados en las poblaciones humanas. Los polimorfismos de los grupos sanguíneos, de antígenos de linfocitos humanos, de inmunoglobulinas, de proteínas y de ácido desoxirribonucleico (ADN), son utilizados como marcadores genéticos para medir y entender la variación genética en las poblaciones. Existen métodos directos e indirectos para reconocer los polimorfismos biológicos en los humanos. Los indirectos se relacionan con el análisis de características fenotípicas, mientras que los directos se basan en el estudio del genotipo, es decir del ADN (Cavalli-Sforza, 1994). Algunos avances metodológicos permitieron que el ADN se analizara más fácilmente, como el método de secuenciación del ADN por terminación de cadenas, propuesto por Frederick Sanger a finales de los setenta. Por otro lado, a principios de los ochenta, el desarrollo de las técnicas de ADN recombinante también permitió analizar de manera sencilla y rápida los polimorfismos del ADN, principalmente empleando dos métodos, la reacción en cadena de la polimerasa (PCR del inglés *Polymerase Chain Reaction*) con el cual se amplifican segmentos específicos de ADN, y el análisis de restricción que utiliza endonucleasas que reconocen secuencias cortas específicas (Cavalli-Sforza, 1994; Pääbo *et al.* 1989). También se descubrió que el ADN antiguo sobrevivía en los restos humanos provenientes de sitios arqueológicos, ya que se podía recuperar y, por lo tanto, hacía posible estudiar la genética original de los individuos antiguos (Pääbo, 1985).

En los años noventa estas metodologías aceleraron el conocimiento de la variación genética del ADN en las poblaciones humanas modernas y antiguas, lo que permitió abordar distintas problemáticas como el origen del hombre y su dispersión fuera de África, el poblamiento americano y mezclas génicas entre las poblaciones, entre otras. Con el método de secuenciación automatizada se

inició el Proyecto Genoma Humano en 1998, y en el 2001 se presentó el primer bosquejo de nuestro genoma, donde se identificaron alrededor de 23 000 genes humanos, algunos asociados con enfermedades, lo que cobró importancia en el área de la medicina (Dopazo, 2009).

Los avances de las técnicas de hibridación de ácidos nucleicos permitieron generar unas pequeñas placas de vidrio o *chips* que contienen muchos genes del genoma humano o incluso de ratón o mosca; éstos se utilizan ampliamente para analizar la expresión de genes, para la detección de mutaciones de un solo nucleótido en las poblaciones, etc. (Dopazo, 2009). A principios del año 2000, el avance en las tecnologías de las plataformas de secuenciación de nueva generación (NGS del inglés *next generation sequencing*) hizo posible la secuenciación masiva de segunda generación que permitió el análisis de varios genes en paralelo, así como la secuenciación del genoma mitocondrial y del genoma nuclear humano completo en un tiempo corto, aunque a un costo más elevado que el de la secuenciación automatizada tipo Sanger (Rodríguez-Santiago *et al.* 2012). Con lo anterior se abrió la posibilidad de estudiar la expresión de genes, redes de regulación, rutas metabólicas, así como secuenciar el genoma de otros organismos como el del chimpancé, nuestro pariente primate más cercano, cuya primera versión se publicó en 2005. De esta manera se hizo posible la comparación de genes entre especies de mamíferos y con otras especies, lo que llevó al surgimiento de la genómica, es decir, el análisis comparativo de miles de genes, y al nacimiento de la filogenómica, que implica la comparación de secuencias de genomas de diferentes organismos. Las nuevas tecnologías generaban millones de datos que requirieron de soportes estadísticos más complejos, como algoritmos informáticos y modelos probabilísticos para analizarlos (Dopazo, 2009; Rodríguez-Santiago *et al.* 2012). Los secuenciadores de tercera generación hoy proporcionan más información, en menor tiempo y costo (Liu *et al.*, 2012; Rodríguez-Santiago *et al.*, 2012), y la revolución tecnológica permite el análisis masivo de genes en paralelo que interactúan en redes muy complejas y dependen de variables múltiples; este análisis ayuda a responder preguntas de antaño por medio de una gran diversidad de respuestas que generan conocimiento nuevo.

Quizá el mayor reto del siglo XXI será realizar una interpretación eficiente y fiable que permita comprender toda la información que se genera (Dopazo, 2009), así como entender esta nueva visión de cómo se está realizando la ciencia. El uso de estas tecnologías requiere de una importante infraestructura económica, la cual hoy en día es más difícil de subsidiar en los países latinoamericanos, y que podría complicarse más con la política económica de los Estados Unidos de América. Sin embargo, estas nuevas plataformas de secuenciación se están comercializando cada vez más, por lo que los costos de operación están disminuyendo, así es que en un futuro cercano serán accesibles para más grupos de investigación; pero mientras eso sucede, es importante enfatizar que los métodos tradicionales de la antropología molecular generan conocimiento preciso con experimentaciones cortas, que al menos hoy son menos costosas que el de las actuales plataformas de secuenciación de nueva generación, y que se utilizan para explorar las mismas pro-

blemáticas principales, por ejemplo identificar las diferencias genéticas entre las poblaciones indígenas de origen mesoamericano.

En la Escuela Americana, la antropología molecular es una subdisciplina de la antropología biológica, la cual es definida por Mark Stoneking como “el uso de técnicas de genética molecular para abordar cuestiones que interesan a los antropólogos, concernientes con la evolución y diversidad humana” (Stoneking, 1997: 87). La línea de investigación de antropología molecular, con énfasis en el estudio genético del ADN antiguo de poblaciones indígenas en México, se inició a principios de los noventa, con los grupos de investigación del Instituto de Investigaciones Antropológicas de la Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM), el grupo del Centro de Investigación de Estudios Avanzados del Instituto Politécnico Nacional (Cinvestav-IPN), y de la Facultad de Ciencias de la UNAM. Casi diez años después el grupo del Laboratorio Nacional de Genómica para la Biodiversidad (Langebio / Cinvestav-IPN) empezó a desarrollar esta línea de investigación, y después de dos décadas del comienzo de la antropología molecular se iniciaron los estudios genómicos del ADN antiguo en el Laboratorio Internacional de Investigación sobre el Genoma Humano de la UNAM con las plataformas de secuenciación de nueva generación. Por otra parte, los estudios genéticos del ADN actual de poblaciones indígenas se iniciaron en los ochenta en el área médica y no necesariamente desarrollando la línea de antropología molecular, como sucedió más tarde en el Centro Universitario de la Ciénega de la Universidad de Guadalajara. Hasta la fecha varios grupos de investigación de distintas instituciones analizan la genética humana desde la perspectiva de la antropología molecular y/o la genómica, entre otros enfoques.

En el presente trabajo, a partir de métodos clásicos de la antropología molecular, se analizaron los haplogrupos fundadores del ADN mitocondrial en poblaciones nahuas que habitan en el Altiplano de México, con la finalidad de identificar sus relaciones genéticas.

Antecedentes culturales de las poblaciones nahuas

El grupo nahua es el más numeroso de México con 1 727 571 hablantes, y sus miembros viven en al menos 12 diferentes estados del país. En la zona centro habitan en los estados de Hidalgo donde existen 177 902 hablantes, en Puebla hay 397 207 y en San Luis Potosí 127 329, entre otras entidades (INEGI, 2010). La actual región de la Sierra Norte de Puebla está habitada mayoritariamente por nahuas, y tiene el mayor número de hablantes de náhuatl a nivel nacional. La época en que fue habitada esta región por vez primera no es del todo clara; sin embargo, se piensa que antiguamente fue un corredor cultural entre la costa del Golfo y el Altiplano (Noguez, 2014). Por otra parte, en la región Huasteca los nahuas son el segundo grupo predominante después de los tenek; esta región se ubica en el noreste de México, abarca zonas del norte de Veracruz, el oriente de Hidalgo y San Luis Potosí, y el sur de Tamaulipas. Los nahuas habitan en las regiones del centro de la Huasteca en los estados de San Luis Potosí e Hidalgo (Cabrera, 2002).

La lengua náhuatl se clasifica dentro de la familia lingüística yuto-azteca, que es una de las familias con mayor número de hablantes y extensión geográfica, y se divide en dos ramas: la yuto-azteca del norte, que incluye la región cultural del suroeste americano, mientras la yuto-azteca del sur abarca la región cultural de Mesoamérica y algunas poblaciones del suroeste americano; esta última rama incluye el grupo corachol-azteca al que pertenece la lengua náhuatl (Campbell, 1997: 107). El náhuatl funcionaba como una lengua franca en el centro de México cuando inició el contacto español (Fagan, 1984: 322); muchos grupos indígenas antiguos hablaban náhuatl, lo cual no implica una relación genética entre ellos.

La economía de los nahuas se basa en la agricultura, principalmente del maíz, frijol, calabaza y chile para el consumo familiar. En la Sierra de Puebla, Morelos, San Luis Potosí e Hidalgo también se desarrollan cultivos de tipo comercial como café, arroz y caña de azúcar. Además, se dedican a la siembra de maguey para obtener pulque, utilizan la fibra de éste para tejer, las pencas para la construcción y la pulpa para hacer papel. Los pueblos nahuas están organizados en familias nucleares, y en situaciones especiales forman familias extensas. En estos pueblos existe un agente o ayudante municipal propio de la comunidad que establece comunicación con las autoridades del municipio. En pueblos tradicionales los ancianos aún tienen un papel preponderante en la solución de problemas (Scheffler, 1992: 153).

La historia de la región mesoamericana estuvo en cierta medida influida por grupos de origen nahua. Desde mediados del siglo XII d. C. fueron llegando grupos al Valle de México para asentarse, los cuales posteriormente se mezclaron con grupos nómadas que llegaron del norte, algunos de ellos de lengua náhuatl, y éstos fundaron ciudades como Coatlinchan, Texcoco y Coyoacán, e interactuaron con poblaciones más antiguas como Azcapotzalco, Culhuacán, Chalco, Xochimilco, etc. A mediados del siglo XIII hizo su aparición el último grupo nómada del norte, los aztecas o mexicas (León-Portilla, 1961), quienes más tarde fundaron el imperio azteca. Los códices refieren el origen de los aztecas en una tierra al norte llamada Aztlán (Townsend, 1992). Otra fuente histórica menciona que siete tribus de una misma nación arribaron después de los chichimecas a las tierras del Valle de México o a sus inmediaciones. Estas tribus fueron las de los xochimilcas, chalcas, tepanecas, colhuas, tlahuicas, tlaxcaltecas y mexicanos. El origen de estas tribus fue la misma provincia de Aztlán. Todas hablaban la misma lengua. Los diferentes nombres con que se conocen derivan de las ciudades que fundaron o del lugar donde se establecieron. Los xochimilcas tomaron el nombre de la gran ciudad de Xochimilco; los chalcas de la ciudad de Chalco; los colhuas de la ciudad de Colhuacán; los mexicanos de México; los tlaxcaltecas de Tlaxcala; los tlahuicas de Tlahuicán; los tepanecas fundaron la ciudad de Azcapotzalco y tomaron el nombre de Tepan (Clavijero, 2003). Estas tribus no llegaron juntas al Anáhuac sino en diverso tiempo. Los mexicanos o aztecas encontraron deshabitado uno de los islotes del Lago de Texcoco, y ahí fundaron Tenochtitlán entre 1325 y 1345; también fundaron Tlatelolco en 1337 o quizá antes, iniciándose el nacimiento del gran imperio azteca (Matos, 1989). Desde el periodo Preclásico la Sierra Norte de Puebla funcionó

como zona de enlace para la migración de grupos poblacionales del Pacífico al Altiplano. La Sierra Norte era parte de la región conocida como Totonacapan y abarcaba gran parte de lo que hoy es el estado de Veracruz (entre los ríos Cazones y Huitilapan), y la Sierra Norte de lo que hoy es el estado de Puebla. La lengua franca del Totonacapan era el totonaco; sin embargo, debido a su flujo comercial varios de sus habitantes conocían otras lenguas como el náhuatl (García Martínez, 1987). Tras el dominio del imperio azteca la influencia de esta última lengua en la región del centro de México y en otras culturas es indiscutible. Es probable que se haya expandido aún más tras la Conquista, ya que muchos frailes franciscanos que pretendían evangelizar aprendieron y usaron el náhuatl como lengua franca para hacer más fácil el proceso de evangelización (Schwaller, 2012). Además, después de la derrota de los aztecas, los españoles reorganizaron a la población indígena en la tierra recién conquistada. Algunas veces los asentamientos de la gente indígena incluían poblaciones no relacionadas para conformar una nueva comunidad (Gibson, 1964), lo que promovió la introducción del náhuatl en regiones que no eran propiamente de ancestría nahua.

ADN mitocondrial y las poblaciones indígenas de origen mesoamericano

El genoma mitocondrial se hereda por vía materna y no sufre recombinación genética durante la meiosis, por lo que se convierte en la herramienta ideal para analizar ancestría materna. La alta tasa de mutación en la región control del ADN mitocondrial permite distinguir poblaciones que tienen una historia de desarrollo en un periodo de tiempo relativamente corto (Eshleman *et al.*, 2003: 7; González-Oliver *et al.*, 2017: 195).

Las poblaciones indígenas de origen mesoamericano se caracterizan por presentar uno de los cuatro haplogrupos mitocondriales llamados A, B, C y D, por lo que son utilizados como marcadores genéticos poblacionales que proporcionan información útil de la historia común o de aislamiento de las poblaciones, y de las relaciones genéticas entre éstas. Estos haplogrupos se identifican como polimorfismos de longitud de los fragmentos de restricción (RFLPs) o una delección de nueve pares de bases (Brown *et al.*, 1998: 1852; Torroni *et al.*, 1992: 153; Torroni *et al.*, 1993: 563).

En general, las poblaciones indígenas de origen mesoamericano se caracterizan por altas frecuencias del haplogrupo A y menores frecuencias de los haplogrupos B, C y D (Kemp *et al.*, 2010: 6759; Mata-Míguez *et al.*, 2012: 504; Sandoval *et al.*, 2009: 521). Sin embargo, existen excepciones, por ejemplo las poblaciones mazahuas (González-Oliver *et al.*, 2017: 195; Mizuno *et al.*, 2017: 1). Los estudios del ADN antiguo en poblaciones prehispánicas como son los mayas de Xcaret, Quintana Roo (González-Oliver *et al.*, 2001: 230); aztecas de Tlatelolco (De la Cruz *et al.*, 2008: 519; Kemp *et al.*, 2005: 22); nahuas y otomíes de Xaltocan (Mata-Míguez *et al.*, 2012), e individuos de Teotihuacan (Álvarez-Sandoval *et al.*, 2015) indican que el patrón de distribución de las frecuencias de los haplogrupos mitocondriales (A, B, C y D) es muy antiguo en la región (Kemp *et al.*, 2005: 22).

En este estudio presentamos un análisis de los haplogrupos mitocondriales en indígenas nahuas que habitan en los estados de Hidalgo, Puebla y San Luis Potosí. Los resultados fueron comparados con los de otras poblaciones nahuas antiguas y actuales para contribuir al entendimiento de las diferencias genéticas entre las poblaciones de este grupo y de su historia evolutiva.

Material y métodos

Previo a la colecta de las muestras biológicas, visitamos a las autoridades municipales y a las comunidades locales para informar el desarrollo del proyecto de investigación, para lo cual contamos con asistencia de traductoras bilingües. Estas visitas tienen la finalidad de explicar en forma clara a las comunidades e individuos que se les invita a participar en el estudio. Seguimos la guía ética de la Declaración de Helsinki (1964) establecida por la UNESCO, en el marco del respeto a los pueblos y su soberanía genética se obtuvo el consentimiento previo, libre e informado de las comunidades o personas. Cabe mencionar que los resultados de este estudio guardan la privacidad de los individuos, y que al término del proyecto se entregarán los resultados globales a las comunidades participantes, por medio de una plática u otro material de divulgación que tiene la finalidad de enriquecer el conocimiento histórico regional y biológico del grupo cultural que representan.

Un total de 60 muestras de frotis bucal fueron obtenidas de indígenas nahuas que habitan en la Sierra Norte de Puebla, y en la Huasteca hidalguense y potosina. Los individuos participantes fueron seleccionados al azar y no están emparentados por vía materna, se autoadscriben como miembros del pueblo indígena nahua, su lengua materna es la lengua náhuatl, practican tradiciones propias del grupo; los individuos nacieron en su localidad, con padres y abuelos originarios del mismo lugar.

Extracción del ADN e identificación de los haplogrupos mitocondriales

El ADN fue extraído de 60 individuos nahuas con el mini kit QIAamp DNA Blood de Qiagen siguiendo el procedimiento recomendado por el fabricante. El ADN fue analizado para los haplogrupos mitocondriales de nativos americanos A, B, C y D, utilizando las condiciones de amplificación por PCR, y las del análisis de restricción de los amplicones como se describió en González-Oliver *et al.* (2017).

Análisis estadístico de las frecuencias de haplogrupos mitocondriales

Realizamos una prueba exacta de Fisher con RStudio 1.1.456 (RStudio, 2018) para comparar las poblaciones nahuas estudiadas y con otras que han sido reportadas por otros autores. Los resultados se consideraron estadísticamente significativos cuando $p \leq 0.05$.

Con las frecuencias de los haplogrupos mitocondriales realizamos un análisis de componentes principales (PCA) con el programa STATISTICA versión 10 (StatSoft, 2011). Se calcularon los valores de diversidad de haplogrupo (h) basados en el modelo de Tajima y Nei (1984), las distancias génicas (del inglés *Pairwise Fst*) entre las poblaciones, los valores P de los (Fst) y la matriz de significancia de éstos utilizando el programa Arlequin 3.5.1.2. (Excoffier *et al.*, 2005: 47). La distribución de la diversidad del ADN mitocondrial utilizando un criterio geográfico fue evaluada con un análisis de varianza molecular (AMOVA) (Excoffier *et al.*, 2005); las poblaciones nahuas se agruparon en tres grupos, del este, del centro y del oeste con base en la distribución de la Sierra Madre Oriental, la Sierra Madre del Sur y el Eje Volcánico. La significancia estadística de este análisis fue evaluada con 1 023 permutaciones azarosas. Utilizando los valores de distancia génica (Fst) se construyó un dendrograma con el método del promedio aritmético de los grupos pares no ponderados (*Unweighted pair group method with arithmetic averaging*, UPGMA) con el programa STATISTICA versión 10.

Resultados

Los resultados de las frecuencias de los haplogrupos mitocondriales de las poblaciones nahuas estudiadas aquí mostraron que los cuatro haplogrupos están presentes solamente en los nahuas del estado de Puebla, ya que en los nahuas de Hidalgo y San Luis Potosí el haplogrupo D está ausente. En las tres poblaciones nahuas el haplogrupo A fue el más frecuente, con frecuencias de aproximadamente 60%, seguido de los haplogrupos B y C con frecuencias en el rango de 10 a 20% y, el D presenta una frecuencia de 15% en una población (figura 1, tabla 1).

La prueba estadística de Fisher mostró que las tres poblaciones nahuas (Hi1, Pu1, SL) no son estadísticamente diferentes ($p \leq 0,05$) (tabla 2). Estos resultados fueron comparados con los de otras poblaciones nahuas actuales y antiguas reportadas en la literatura, que habitan en el centro o en el sureste y suroeste de México. En términos generales, las poblaciones nahuas actuales de Veracruz (Ve1, Ve2, Ve3) son estadísticamente distintas a la mayoría de las poblaciones nahuas, así como también la población nahua antigua de la Ciudad México (aztecas, pCiM3) mostró diferencias con las nahuas modernas de la Ciudad de México (CiM1 y CiM2), de Hidalgo (Hi2) y Guerrero (Gu2) (Tabla 2).

La diversidad de haplogrupos fue mayor en los individuos nahuas actuales de Puebla-1 (Pu1, 0.6158 ± 0.1051) que en los nahuas de Hidalgo-1 y San Luis Potosí (Hi1, 0.5895 ± 0.0926 ; SLP, 0.5421 ± 0.1046) estudiados aquí, lo que sugiere una diversidad genética ligeramente mayor en esta población nahua.

Por otra parte, las poblaciones nahuas más diversas fueron las actuales de Guerrero-2 (Gu2, 0.6646) y de la Ciudad de México-2 (CiM2, 0.6423). Cabe mencionar que otras poblaciones nahuas mostraron menor diversidad génica que los nahuas de Guerrero-2 (Gu2), a pesar de que se analizaron más individuos (tabla 1). Los nahuas menos diversos fueron los de Veracruz-3 (Ve3, 0.4235), del centro de la Ciudad de México-1 (CiM1, 0.4474) y de Guerrero-1 (Gu1, 0.4918); es

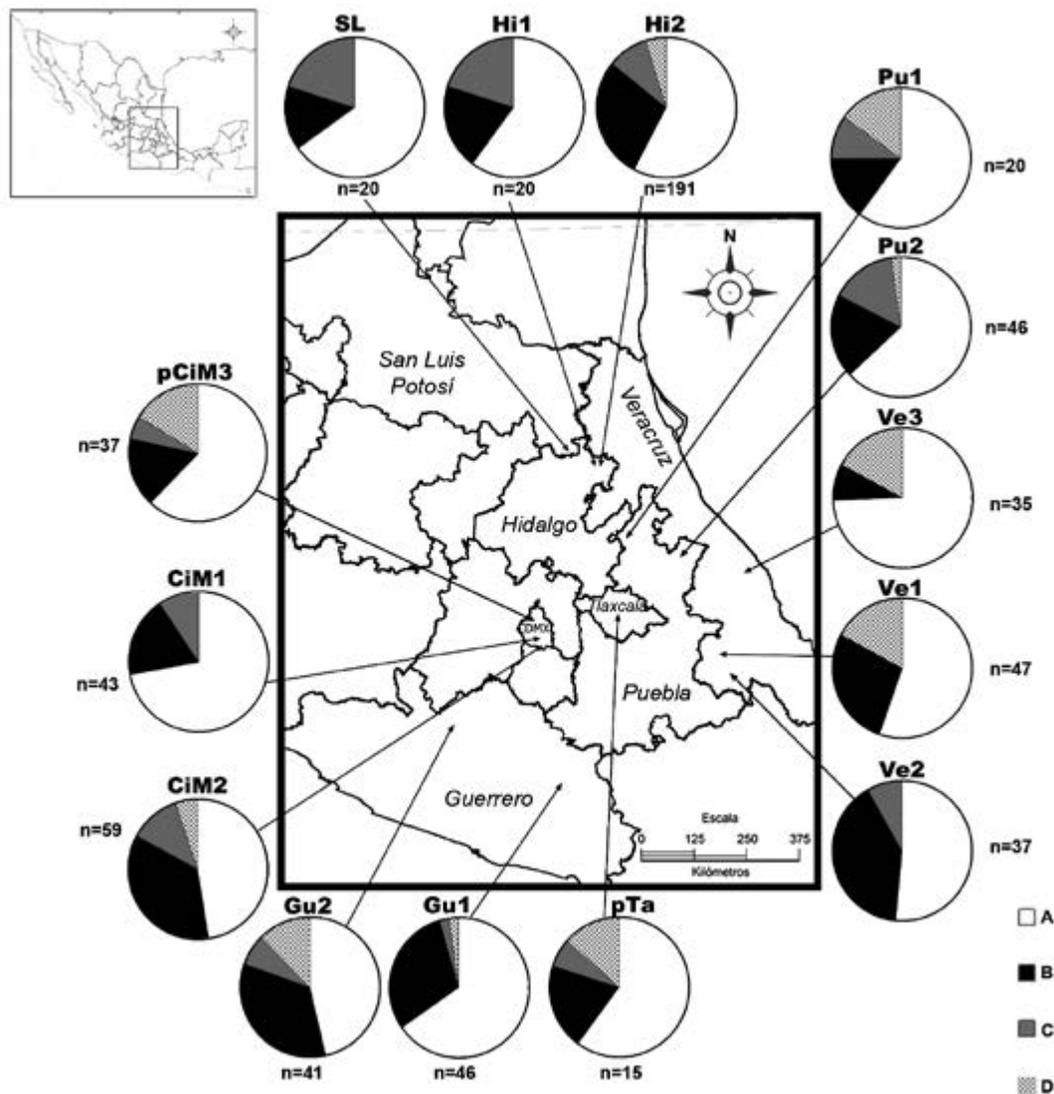


Figura 1. Mapa de la ubicación geográfica de 14 poblaciones nahuas y las frecuencias de haplogrupos mitocondriales. Las abreviaturas corresponden a las descritas en la tabla 1. **Fuente:** elaboración propia.

pertinente especificar que el número de individuos nahuas analizados de Veracruz-3 (Ve3) fue similar al de otras poblaciones nahuas (Ve2, y CiM3) que mostraron más diversidad genética.

El gráfico del análisis de componentes principales (ACP) (figura 2) muestra que todas las poblaciones nahuas se distribuyeron en los cuatro cuadrantes, y que las nahuas de Veracruz (V1, Ve2 y Ve3) son las más lejanas a la mayoría de las poblaciones. También se observó en el gráfico que algunas poblaciones se encuentran más cercanas, conformando tres agrupaciones que no están relacionadas con su ubicación geográfica. Las dos poblaciones antiguas, la azteca (pCiM3) y la nahua de Tlaxcala (pTa), se ubicaron cercanas a la nahua de Puebla-1 analizada aquí (NPu1). Las poblaciones nahuas de San Luis Potosí (SL) e Hidalgo-1(Hi1) también se muestran cercanas en el gráfico, lo

Tabla 1. Frecuencias de los haplogrupos mitocondriales en poblaciones nahuas

Abreviatura Población	n	A (%)	B (%)	C (%)	D (%)	h^a	Desviación Estándar	Localización Geográfica	Referencias
CiM1	43	72.1	18.6	9.3	0.0	0.4474	±0.0786	Ciudad de México	Peñaloza <i>et al.</i> , 2007
CiM2	59	47.5	35.6	11.9	5.1	0.6423	±0.0365	Ciudad de México	Peñaloza <i>et al.</i> , 2007
pCiM3 ^b	37	62.2	16.2	5.4	16.2	0.5736	±0.0775	Ciudad de México	De la Cruz <i>et al.</i> , 2008
Gu1	46	65.2	30.4	2.2	2.2	0.4918	±0.0577	Guerrero	Peñaloza <i>et al.</i> , 2007
Gu2	41	46.3	34.1	7.3	12.2	0.6646	±0.0445	Guerrero	Peñaloza <i>et al.</i> , 2007
Hi1	20	60.0	20.0	20.0	0.0	0.5895	±0.0926	Huasteca, Hidalgo	Este estudio
Hi2	191	57.6	28.3	9.4	4.7	0.5803	±0.0276	Huasteca, Hidalgo	Gorostiza <i>et al.</i> , 2012
Pu1	20	60.0	15.0	10.0	15.0	0.6158	±0.1051	Sierra Norte de Puebla	Este estudio
Pu2	46	63.0	19.6	15.2	2.2	0.5527	±0.0674	Sierra Norte de Puebla	Malhi <i>et al.</i> , 2003; Kemp <i>et al.</i> , 2010
SL	20	65.0	15.0	20.0	0.0	0.5421	±0.1046	Huasteca, San Luis Potosí	Este estudio
pTa ^c	15	60.0	20.0	6.7	13.3	0.6190	±0.1196	Tlaxcala	Mata-Miguez <i>et al.</i> , 2012
Ve1	47	55.3	27.7	0.0	17.0	0.6013	±0.0489	Veracruz	Peñaloza <i>et al.</i> , 2007
Ve2	37	51.4	40.5	8.1	0.0	0.5811	±0.0425	Veracruz	Peñaloza <i>et al.</i> , 2007
Ve3	35	74.3	8.6	0.0	17.1	0.4235	±0.0899	Veracruz	Peñaloza <i>et al.</i> , 2007

^a Diversidad génica.

^b Aztecas del periodo prehispánico.

^c Población antigua del periodo prehispánico.

que podría deberse a que ambas son de la región Huasteca que colinda entre ambos estados (figura 2). El análisis de AMOVA mostró que la mayor variación genética está dentro de las poblaciones (98.9%) y que no existe variación genética entre los grupos geográficos (tabla 4).

Por otra parte, en el dendrograma UPGMA las poblaciones también se agruparon en tres grupos, sugiriendo flujo génico entre las poblaciones de cada grupo con excepción de la nahua de Veracruz-3 (Ve3), que no está agrupada y presenta la rama con mayor distancia genética, ubicada en la base del dendrograma. Lo anterior indica que esta población es la más diferente (figura 3), lo cual también está apoyado por los valores de probabilidad (p) de la matriz de significancia de las distancias genéticas (llamadas F_{st}) (tabla 3). Aunque en el dendrograma las tres poblaciones de la Ciudad de México (CiM1, CiM2 y pCiM3) están en distintos grupos, los valores p de las distancias genéticas solamente apoyan diferencias génicas significativas entre los nahuas CiM1 y CiM2 (tabla 3).

Tabla 2. Prueba Exacta de Fisher con los haplogrupos mitocondriales

	CiM1	CiM2	pCiM3	Gu1	Gu2	Hi1	Hi2	Pu1	Pu2	SL	Ta	Ve1	Ve2	Ve3
CiM1	--		+		+							+		+
CiM2	0.053	--	+									+		+
CiM3	0.046	0.046	--				+						+	
Gu1	0.198	0.143	0.056	--										+
Gu2	0.018	0.619	0.303	0.119	--									+
Hi1	0.465	0.388	0.109	0.066	0.139	--						+		+
Hi2	0.252	0.554	0.048	0.393	0.210	0.413	--					+		+
pPu1	0.088	0.184	0.966	0.059	0.469	0.393	0.186	--					+	
Pu2	0.664	0.234	0.086	0.097	0.069	0.949	0.436	0.289	--			+		+
SL	0.498	0.198	0.120	0.045	0.075	1.000	0.264	0.407	0.902	--		+		+
pTa	0.135	0.401	1.000	0.179	0.812	0.400	0.440	1.000	0.369	0.383	--			
Ve1	0.002	0.015	0.308	0.062	0.254	0.005	0.006	0.161	0.002	0.003	0.423	--	+	
Ve2	0.102	0.633	0.008	0.310	0.182	0.181	0.368	0.032	0.114	0.114	0.112	0.005	--	+
Ve3	0.004	0.000	0.462	0.008	0.009	0.005	0.001	0.249	0.004	0.009	0.277	0.091	0.000	--

Las abreviaturas corresponden a las descritas en la tabla 1.
 + Las poblaciones que presentaron diferencias significativas.
 La matriz inferior son los valores de probabilidad de Fisher.
 La matriz superior contiene los valores de significancia ($p \leq 0.05$).
 Resaltadas en gris oscuro las poblaciones de este estudio.

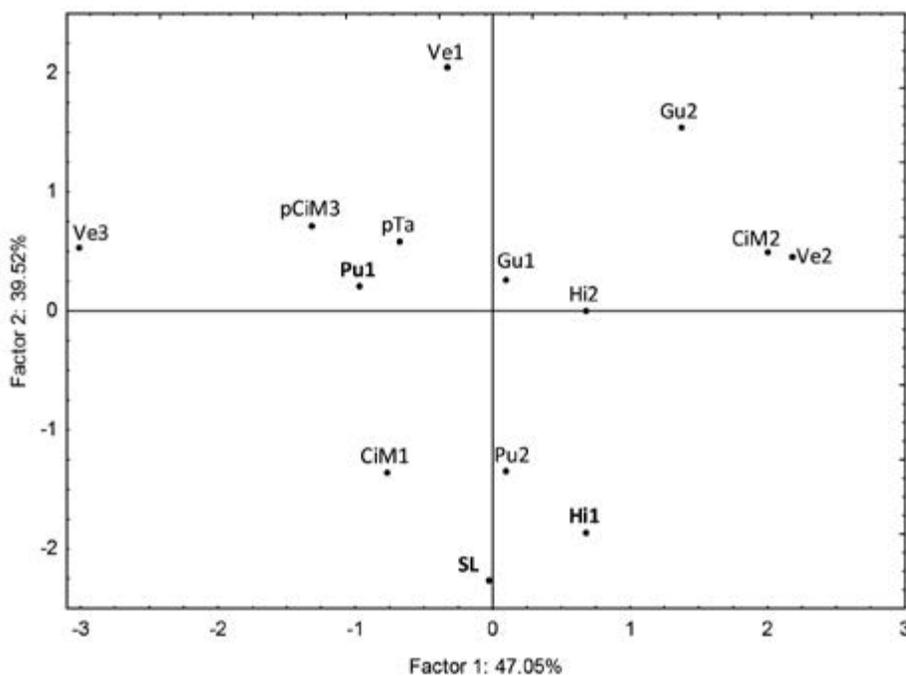


Figura 2. Análisis de componentes principales (ACP) basado en las frecuencias de los haplogrupos del ADN mitocondrial de las poblaciones nahuas. Las abreviaturas corresponden a las descritas en la tabla 1. **Fuente:** elaboración propia.

Tabla 3. Distancias genéticas y valores de significancia entre 14 poblaciones nahuas

	CiM1	CiM2	pCiM3	Gu1	Gu2	Hi1	Hi2	Pu1	Pu2	SL	pTa	Ve1	Ve2	Ve3
CiM1	0.000	+	-	-	+	-	-	-	-	-	-	+	-	-
CiM2	0.059	0.000	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+
pCiM3	0.013	0.038	0.000	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Gu1	0.003	0.019	0.015	0.000	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Gu2	0.067	-0.015	0.021	0.020	0.000	-	-	-	-	+	-	-	-	+
Hi1	-0.010	0.006	0.004	0.008	0.017	0.000	-	-	-	-	-	-	-	-
Hi2	0.015	0.003	0.011	-0.003	0.004	-0.010	0.000	-	-	-	-	-	-	+
Pu1	0.002	0.020	-0.037	0.010	0.007	-0.021	-0.003	0.000	-	-	-	-	-	-
Pu2	-0.010	0.023	0.003	0.006	0.030	-0.034	-0.001	-0.017	0.000	-	-	-	-	+
SL	-0.018	0.032	0.005	0.019	0.043	-0.048	0.004	-0.020	-0.032	0.000	-	-	-	-
pTa	-0.011	-0.003	-0.046	-0.018	-0.016	-0.030	-0.023	-0.058	-0.027	-0.024	0.000	-	-	-
Ve1	0.046	0.013	-0.007	0.009	-0.007	0.028	0.008	-0.012	0.028	0.043	-0.034	0.000	-	-
Ve2	0.061	-0.016	0.055	0.007	-0.009	0.016	0.002	0.040	0.031	0.046	0.010	0.021	0.000	+
Ve3	0.029	0.116	-0.004	0.057	0.099	0.063	0.061	-0.004	0.044	0.047	-0.007	0.042	0.139	0.000

Las abreviaturas corresponden a las descritas en la tabla 1. En gris oscuro las poblaciones estudiadas aquí.

Matriz inferior de distancias genéticas (*Fst*).

Matriz superior de significancia de los valores p. Nivel de significancia = 0.0500.

+ = significativamente diferente; - = significativamente no diferente.

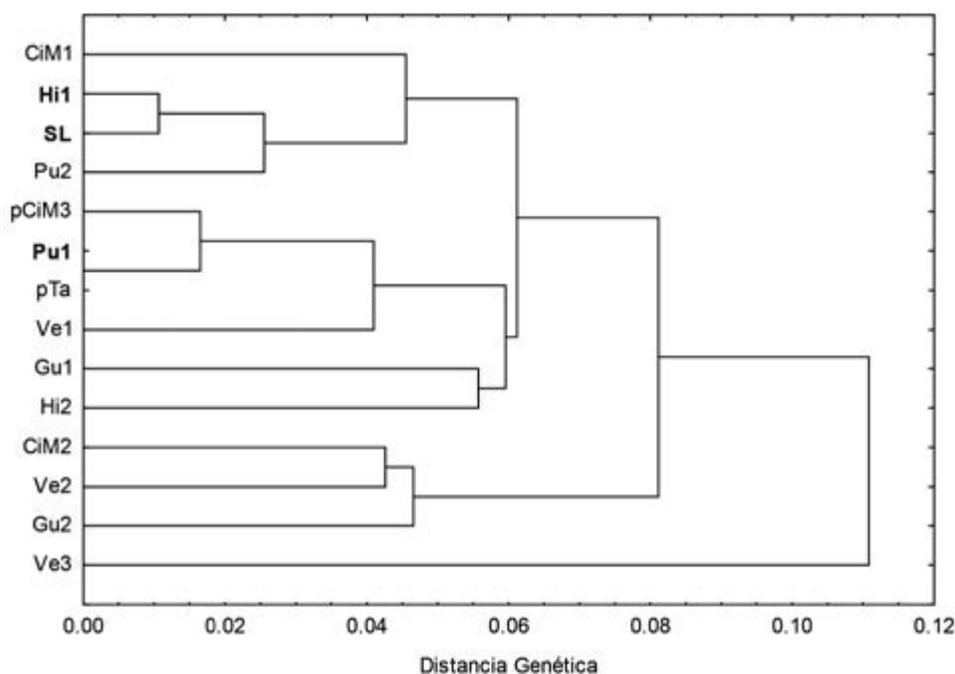


Figura 3. Análisis de UPGMA basado en los valores de las distancias genéticas pareadas (*Fst*) de los haplogrupos mitocondriales. Las abreviaturas corresponden a las descritas en la tabla 1.

Tabla 4. Resultado de AMOVA con criterio de agrupación geográfico

Grupo	Poblaciones	Fuente de variación	g.l.	Suma de cuadrados	Componentes de la varianza	Porcentaje de variación	Índices de Fijación	p
Este	Hi1, Hi2, Pu1, Pu2, SL, Ve1, Ve2 y Ve3	Entre grupos	2	0.314	-0.003	-0.87	F _{CT} : -0.00874	0.905± 0.008
Centro	CiM1, CiM2, pCiM3 y pTa	Entre las poblaciones dentro de los grupos	11	5.660	0.006	1.91	F _{SC} : 0.01897	*0.0186± 0.004
Oeste	Gu1 y Gu2	Dentro de las poblaciones	643	182.693	0.284	98.96	F _{ST} : 0.01041	*0.024± 0.004
		Total	656	188.667	0.287			

Permutaciones = 1023

*p≤0.05

Discusión

En las poblaciones nahuas que hoy habitan distintas regiones geográficas de México, el haplogrupo A está presente en todas las poblaciones con las frecuencias más altas, mientras que en términos generales los haplogrupos menos frecuentes son C y D. Aunque el haplogrupo D está ausente en más poblaciones nahuas que el haplogrupo C, los valores de su frecuencia no siempre son más bajos que los de C, por ejemplo en pCiM3 y Gu2. Las frecuencias altas del haplogrupo A y baja del D se han reportado en otras poblaciones antiguas y actuales de México (Kemp *et al.*, 2010: 6759; Mata-Míguez *et al.*, 2012: 504; Sandoval *et al.*, 2009: 521). El patrón de distribución de los cuatro haplogrupos mitocondriales en las poblaciones nahuas no se puede generalizar con base en un orden decreciente de su frecuencia, como es posible hacerlo para otras poblaciones de México, por ejemplo las mayas (González-Martín *et al.*, 2015: e0131791; González-Oliver *et al.*, 2001: 230, 2013: 153; Ochoa-Lugo *et al.*, 2016: 136).

El análisis del ACP y del dendrograma sugieren diferencias genéticas entre las poblaciones nahuas con independencia de su ubicación geográfica, puesto que las nahuas de Veracruz (por ejemplo Ve1, Ve2 y Ve3) se ubican distantes entre sí en ambos análisis, así como las dos de Puebla (Pu1 y Pu2), las tres de la Ciudad de México (CiM1, CiM2 y pCiM3) y las de Hidalgo (Hi1 y Hi2). Todas estas poblaciones se ubican lejanas en el gráfico del ACP, y tampoco se agrupan juntas en el dendrograma, lo cual sugiere diferencias genéticas que no se relacionan con su actual ubicación geográfica, ya que estas poblaciones habitan regiones cercanas en cada uno de los estados. Por lo tanto, las diferencias podrían deberse a otros factores como son origen y/o su historia de desarrollo regional, como recientemente se propuso para otras poblaciones no nahuas que habitan el centro de México (González-Oliver *et al.*, 2017: 195). En un estudio anterior, donde comparamos distintas poblaciones indígenas de México, detectamos que las poblaciones nahuas no se agru-

paban cercanas entre sí en el ACP, lo cual sugirió que no existe una relación genética continua en el grupo cultural-lingüístico nahua, a diferencia de otras poblaciones como las mayas (González Oliver *et al.*, 2013: 153).

Por otra parte, en este estudio identificamos que algunas poblaciones nahuas se agrupan cercanas y conforman tres grupos. Por ejemplo, en los nahuas de la Huasteca estudiados aquí, su similitud genética probablemente se debe al flujo génico entre ellas. Mientras que en el caso de los nahuas de la Sierra Norte de Puebla con las poblaciones antiguas nahuas del centro de México (pCiM3) y de Tlaxcala (pTa) podría deberse a un origen común.

De las poblaciones nahuas analizadas aquí, la de Veracruz-3 (Ve3) es la menos diversa, ya que se caracteriza por la frecuencia más alta del haplogrupo A (74 %) y la ausencia del haplogrupo C, esto podría deberse a que los individuos de Veracruz-3 habitan en la región de Coyolillo. Las fuentes históricas mencionan que a esta región llegaron los individuos hablantes de náhuatl aproximadamente en 1695, y desde su llegada sortearon una serie de problemas por la tenencia de la tierra que se prolongaron por años. Este origen distinto y un probable aislamiento posterior pueden explicar que muestren diferencias genéticas con las otras poblaciones nahuas.

El presente estudio se continuará con el análisis de más individuos nahuas de cada una de las poblaciones y con los haplotipos (secuencias del ADN) de la región control del ADN mitocondrial para determinar con mayor exactitud las diferencias génicas entre las poblaciones. También se continuará con la revisión histórica de las localidades que habitan para relacionar la historia local con la información genética.

Conclusiones

Los resultados de los haplogrupos mitocondriales muestran, por una parte, que existen diferencias genéticas significativas entre algunas poblaciones nahuas que no necesariamente se correlacionan con su ubicación geográfica; estas diferencias génicas podrían deberse a otros factores, como la historia regional de las poblaciones y su origen. Por otro lado, existe cercanía genética entre otras poblaciones nahuas modernas que podría deberse a la presencia de flujo génico por su cercanía geográfica. Finalmente, la similitud genética entre las poblaciones nahuas antiguas del centro de México y los nahuas actuales de la Sierra Norte de Puebla estudiados aquí podría deberse a un origen común por vía materna.

Agradecimientos

Agradecemos a todas las personas nahuas de los estados de Hidalgo, Puebla y San Luis Potosí que voluntariamente participaron en este proyecto. Este estudio se realizó con los apoyos PAPIIT IN403217, UNAM; y SEP-CONACYT No. 252130.

Bibliografía

- Álvarez-Sandoval, Brenda Arizai *et al.* (2015). "Genetic Evidence Supports the Multiethnic Character of Teopanacazco, a Neighborhood Center of Teotihuacan, Mexico (AD 200-600)". *PLOS ONE*, 10(7).
- Avilés Chávez, Víctor Hugo. *Estudio del dna mitocondrial en indígenas nahuas que habitan los estados de Puebla e Hidalgo*. Tesis de licenciatura en biología, Facultad de Ciencias-UNAM, México. En prensa.
- Brown, Michael D. *et al.* (1998). "mtDNA haplogroup X: an ancient link between Europe/Western Asia and North America?". *The American Journal of Human Genetics*, 63(6), pp. 1852-1861. Recuperado de: <<http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0002929707616292>>.
- Cabrera, Antonio J. (2002). *La Huasteca potosina: ligeros apuntes sobre este país*. México: El Colegio de San Luis/CIESAS.
- Campbell, Lyle (1997). "Languages of North America". En *American Indian Languages* (pp.107-138). Nueva York: Oxford.
- Cavalli-Sforza, Luca *et al.* (1994). "Introduction to Concepts, Data, and Methods". *The History and Geography of Human Genes* (pp.7-11). Nueva Jersey: Princeton University Press.
- Clavijero, Francisco Javier (2003). *Historia antigua de México*. México: Porrúa.
- Cruz, Isabel de la *et al.* (2008). "Sex identification of children sacrificed to the ancient Aztec rain gods in Tlatelolco". *Current Anthropology*, 49(3), pp. 519-526.
- Dopazo, Hernán (2009). "Genómica, bioinformática y evolución: una alianza estratégica para la biología del nuevo siglo". *Ciencia hoy*, 19(113), pp. 88-93. Recuperado de: <<https://dialnet.unirioja.es/servlet/articulo?codigo=4316235>>
- Eshleman, Jason A. *et al.* (2003). "Mitochondrial DNA studies of Native Americans: conceptions and misconceptions of the population prehistory of the Americas". *Evolutionary Anthropology: Issues, News, and Reviews*, 12(1), p. 18.
- Excoffier, Laurent *et al.* (2005). "Arlequin (version 3.0): An integrated software package for population genetics data analysis". *Evolutionary Bioinformatics Online*, 1(4), 47-50. Recuperado de: <<http://www.cmpg.unibe.ch/software/arlequin3513/man/Arlequin35.pdf>>
- Fagan, Brian Murray (1984). *The Aztecs*. Nueva York: W. H. Freeman.
- García Martínez, Bernardo (1987). *Los pueblos de la sierra: el poder y el espacio entre los indios del norte de Puebla hasta 1700*. México: El Colegio de México.
- Gibson, Charles (1964). *Aztecs under Spanish rule: a history of the Indians of the Valley of Mexico, 1519-1810*. Redwood City: Stanford University Press.
- Goodman, Morris (1964). Man's place in the phylogeny of the primates as reflected in serum proteins. En Washburn, Sherwood L. (ed.) *Classification and human evolution* (pp. 204-234). Londres / Nueva York: Routledge Library Editions.
- González-Martín, Antonio (coord.) (2006). *Historia biológica del hombre en América: aproximaciones desde la antropología física*. Pachuca: Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo.

- ____ *et al.* (2015). "Demographic History of Indigenous Populations in Mesoamerica Based on mtDNA Sequence Data". *PLOS ONE*, 10(8).
- González-Oliver, Angélica *et al.* (2001). "Founding amerindian mitochondrial DNA lineages in ancient Maya from Xcaret, Quintana Roo". *American Journal of Physical Anthropology*, 116(3), pp. 230-235. Recuperado de: <<https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1002/ajpa.1118>>.
- ____ (2013). "Análisis del DNA mitocondrial antiguo y contemporáneo: un acercamiento a las relaciones genéticas en las poblaciones indígenas de Mesoamérica". *Cuicuilco*, 20(58), pp. 153-171. Recuperado de: <http://www.scielo.org.mx/scielo.php?pid=S018516592013000300009&script=sci_arttext&tlng=en>.
- ____ (2017). "Mitochondrial DNA Analysis of Mazahua and Otomi Indigenous Populations from Estado de México Suggests a Distant Common Ancestry". *Human Biology*, 89(3), pp. 195-216.
- Gorostiza, Amaya *et al.* (2012). "Reconstructing the history of Mesoamerican populations through the study of the mitochondrial DNA control region". *PLoS One*, 7(9).
- Instituto Nacional de Estadística, Geografía e Informática (INEGI) (2010). "Censo de población y vivienda. Tabulados básicos. México". Recuperado de: <<http://www.inegi.org.mx/default.aspx>>.
- Kemp, Brian Matthew *et al.* (2005). "An analysis of ancient Aztec mtDNA from Tlatelolco: Pre Columbian relations and the spread of Uto-Aztecan". En Reed, D. M. (ed.), *Biomolecular Archaeology: Genetic Approaches to the Past* (pp. 22-42). 19th Visiting Scholar Conference, Carbondale: Southern Illinois University.
- ____ (2010). "Evaluating the farming/language dispersal hypothesis with genetic variation exhibited by populations in the Southwest and Mesoamerica". *PNAS. Proceedings of the National Academy of Sciences*, 107(15), pp. 6759-6764. Recuperado de: <<http://www.pnas.org/content/107/15/6759.full>>.
- León-Portilla, Miguel (1961). *Los antiguos mexicanos*. México: FCE.
- Liu, Lin *et al.* (2012). "Comparison of next-generation sequencing systems". *Journal of Biomedicine and Biotechnology*, pp. 1-11.
- Malhi, Ripan Singh *et al.* (2003). "Native American mtDNA prehistory in the American Southwest". *American Journal of Physical Anthropology*, 120(2), pp. 108-124. Recuperado de <<https://doi.org/10.1002/ajpa.10138>>.
- Mata-Míguez, Jaime *et al.* (2012). "The genetic impact of Aztec imperialism: ancient mitochondrial DNA evidence from Xaltocan, Mexico". *American Journal of Physical Anthropology*, 149(4), pp. 504-516.
- Matos Moctezuma, Eduardo (1989). *The Aztecs*. Nueva York: Rizzoli.
- Mizuno, Fuzuki *et al.* (2017). "Characterization of complete mitochondrial genomes of indigenous Mayans in Mexico". *Annals of Human Biology*, 44(7), pp. 652-658. Recuperado de: <<https://doi.org/10.1080/03014460.2017.1358393>>.
- Noguez, Xavier (2014). "La zona del Altiplano central en el Posclásico: la etapa tolteca". En *Historia antigua de México. Vol. III: El horizonte Posclásico y algunos aspectos intelectuales de las culturas mesoamericanas*

- (pp. 199-236). México: Porrúa / Instituto Nacional de Antropología e Historia / Universidad Nacional Autónoma de México,
- Ochoa-Lugo, Mirna Isabel *et al.* (2016). "Genetic Affiliation of Pre-Hispanic and Contemporary Mayas through Maternal Linage". *Human Biology*, 88(2), pp. 136-167. Recuperado de: <<http://www.bioone.org/doi/abs/10.13110/humanbiology.88.2.0136>>.
- Pääbo, Svante (1985). "Molecular cloning of ancient egyptian mummy DNA". *Nature*, 314, pp. 644-645.
- ____ (1993). *Molecular applications in Biological Anthropology*. Cambridge: Cambridge University Press.
- ____ *et al.* (1989). "Ancient DNA and the polymerase chain reaction". *The Journal of Biological Chemistry*, 264, pp. 9709-9712.
- Peñaloza-Espinosa, Rosenda *et al.* (2007). "Characterization of mtDNA haplogroups in 14 Mexican indigenous populations". *Human Biology*, 79(3), pp. 313-320. Recuperado de: <<http://www.bioone.org/doi/full/10.1353/hub.2007.0042>>.
- Reguero Reza, María Teresa. (2014). "La secuenciación del ADN: consideraciones históricas y técnicas". *Revista Colombiana de Biotecnología*, 16(1), 5-8. Recuperado de: <<https://search.proquest.com/docview/1677190590?pq-origsite=gscholar>>.
- Rodríguez-Santiago, Benjamín y Armengol, Lluís (2012). "Tecnologías de secuenciación de nueva generación en diagnóstico genético pre- y postnatal". *Diagnóstico Prenatal*, 23(2), pp. 56-66.
- RStudio, Inc. 2018. RStudio. Version 1.1.456-2009-2018.
- Sandoval, Karla *et al.* (2009). "Linguistic and maternal genetic diversity are not correlated in Native Mexicans". *Human Genetics*, 126(4), p. 521.
- Scheffler, Lilian (1992). "Nahuas". En *Los indígenas mexicanos* (pp. 153-163). México: Panorama.
- Schwaller, John (2012). "The Expansion of Nahuatl as Lingua Franca among Priests in Sixteenth-Century Mexico". *Ethnohistory*, 59(4), pp. 675-690.
- StatSoft Incorporation (2011). "STATISTICA data analysis software system. Version 10". Recuperado de: <www.statsoft.com>.
- Stoneking, Mark (1997). "The Human Genome Project and Molecular Anthropology". *Genome Research*, 7(2), pp. 87-91.
- Tajima, Fumio y Nei, Masatoshi. (1984). "Estimation of evolutionary distance between nucleotide sequences". *Molecular Biology and Evolution*, 1(3), pp. 269-285. Recuperado de: <<https://academic.oup.com/mbe/article/1/3/269/1244029>>.
- Torróni, Antonio *et al.* (1992). "Native American mitochondrial DNA analysis indicates that the Amerind and the Nadene populations were founded by two independent migrations". *Genetics*, 130(1), pp. 153-162. Recuperado de: <<http://www.genetics.org/content/130/1/153.short>>.
- ____ (1993). "Asian affinities and continental radiation of the four founding Native American mtDNAs". *American Journal of Human Genetics*, 53(3), p. 563. Recuperado de: <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC1682412/>>.
- Townsend, Richard Fraser (1992). *Aztecs*, Londres: Thames and Hudson.

World Medical Association (2018). Declaration of Helsinki, Ethical principles for medical research involving human subjects. Recuperado de: <<https://www.wma.net/policies-post/wma-declaration-of-helsinki-ethical-principles-for-medical-research-involving-human-subjects/>>.

Zuckermandl, Emile (1964). "Perspectives in Molecular Anthropology". En Washburn, S. L. (ed.), *Classification and human evolution* (pp. 243-272). Londres / Nueva York: Routledge Library Editions.

____ *et al.* (1960). "A comparison of animal hemoglobins by tryptic peptide pattern analysis". *PNAS. Proceedings of the National Academy of Sciences*, 46, pp. 1349-1360.

La ruta de los yaquis desde Sonora hasta Yucatán: una propuesta de identificación histórico-biológica

Oana del Castillo Chávez* / José Manuel Arias López*

ISSN: 2007-6851

p. 26-p. 37

Fecha de recepción del artículo: junio de 2018

Fecha de publicación: diciembre de 2018

Título del artículo en inglés: *The Yaquis' Route from Sonora to Yucatán: a Proposal of a Historical-Biological Identification*

Resumen

A finales del siglo XIX, el gobierno porfirista emprendió el aplastamiento de la rebelión yaqui mediante la deportación de los insurrectos al estado de Yucatán, donde fueron empleados como mano de obra en haciendas agrícolas. En este artículo se propone recuperar parte de la historia de algunas de estas personas deportadas, a partir del estudio de sus restos esqueléticos encontrados en una finca coprera de la costa yucateca.

Palabras clave: yaquis, Yucatán, haciendas henequeneras, bioarqueología.

Abstract

At the end of the 19th century, Mexico's government, under Porfirio Díaz, crushed the Yaqui uprising by deporting the rebels to Yucatan, where they were employed as laborers on agricultural estates. In this article we propose to recover part of the history of some of these people, based on the study of their skeletal remains, found in a coconut plantation on the coast of Yucatán.

Keywords: Yaquis, Yucatán, henequen haciendas, bioarchaeology.

* Centro INAH Yucatán (oanadelcastillo@yahoo.com.mx; yago_arias@hotmail.com).

La bioarqueología se ha erigido en los últimos años como un importante campo de conocimiento que integra diversas áreas de estudio y técnicas de investigación, que nos permiten comprender los sistemas sociales y culturales de las sociedades pretéritas. El análisis cuidadoso de los restos esqueléticos, la detallada recuperación de la información sobre el contexto donde se encontraron, así como los reportes históricos o etnohistóricos, pueden proporcionar una reconstrucción de eventos ocurridos en el pasado y —a la vez— ampliar y profundizar la interpretación de los contextos mortuorios.

Los esqueletos poseen propiedades simbólicas, biológicas y materiales de manera simultánea. Para la arqueología no sólo hay restos humanos en las zonas y sitios que estudia, pues los aspectos sociales, simbólicos y biológicos que están presentes en el entorno de cada esqueleto ponen en relieve las facetas de un mismo fenómeno (Sofaer, 2006; Martin y Anderson, 2014). La bioarqueología tiene la capacidad de entender y reconstruir las complejas formas mediante las que los humanos pensamos y creamos nuestros cuerpos: es un lente a través del cual examinamos los diversos procesos culturales. Las convenciones que establecen las formas en las que los cuerpos muertos (esqueletos) son recuperados, analizados, discutidos, escondidos, guardados o expuestos son el reflejo de un devenir histórico, que relaciona esos cuerpos con la sociedad a la que pertenece el investigador.

El trabajo del bioarqueólogo es balancear, de una manera por demás delicada, la importancia de los datos científicos con la necesidad de dar a conocer la historia sociocultural y recuperar la memoria y la identidad de los grupos humanos que nos precedieron (Sheperd, 2007, 2013; Lawrence y Sheperd, 2008; Bauer-Clapp y Pérez, 2014). Los esqueletos son —literalmente— nuestra historia: pertenecieron a personas ordinarias cuyas vidas no fueron consignadas en los documentos oficiales de la época, y muchos de ellos no dejaron posesiones o archivos. Por ello la recuperación de sus vidas debe hacerse a través del estudio de sus esqueletos.

De Sonora a Yucatán: el destierro yaqui

En la segunda mitad del siglo XIX, al verse amenazados por las políticas liberales del gobierno porfirista, los yaquis defendieron sus tierras y su autonomía mediante el uso de las armas. Como consecuencia de las campañas bélicas, el coronel del ejército federal Francisco P. Troncoso impulsó una nueva política indigenista y aplicó medidas drásticas para establecer el orden en el territorio yaqui. Esta política incluyó tres medidas, que más que garantizar el control, institucionalizaron el exterminio de las poblaciones indígenas: la deportación a tierras lejanas, la eliminación de la población mediante las armas y la pérdida de sus medios de subsistencia, ya que los yaquis fueron expulsados de sus tierras y ranchos, mismos que fueron otorgados a colonizadores blancos (Padilla, 2009).

El destierro de los yaquis se dio en dos modalidades. En la primera, que podría ser llamada “forzosa, aunque voluntaria”, los yaquis abandonaron las comunidades que se encontraban en el

centro de los enfrentamientos bélicos, se dispersaron y se asentaron en territorios más agrestes y con menos recursos. Esto permitió a los reubicados colaborar en el esfuerzo bélico de los alzados, a quienes proporcionaron escondites y armas que eran compradas en Arizona (Padilla y Tonella, 1997). La segunda, cruel desde su concepción, consistió en la captura de indígenas yaquis y su venta como trabajadores forzados en haciendas agrícolas de Oaxaca y Yucatán.

En la década de 1870, el auge del monocultivo del henequén en Yucatán coincidió con la guerra del Yaqui, así como con la implantación de políticas liberales que privilegiaban el capital y la explotación de hombres y recursos a lo largo y ancho del territorio nacional.

La producción henequenera se había fortalecido y era muy importante, ya que la economía del estado de Yucatán se centraba en ella y el henequén era el principal producto de exportación de México. Impulsada a partir de 1860 por la creciente demanda de fibras (sisal) para la fabricación de cuerdas, bolsas, pacas y tapetes, la producción de henequén fue financiada por los grandes capitales extranjeros y favorecida de manera irrestricta por el régimen porfiriano y sus representantes en Yucatán (Savarino, 1996; Canto, 2001; Peniche, 2010). Cuando en 1870 la mano de obra local no se daba abasto para cubrir la demanda de henequén, los oligarcas yucatecos comenzaron a importar trabajadores de otras partes del país (entre los que se encontraban mayos y yaquis de Sonora) y de lugares tan lejanos como Cuba, las Islas Canarias, Corea y China (Sandoval, 2005; Dávila, 2010).¹

El sistema de trabajo en las haciendas henequeneras fue calificado muchas veces como esclavista y en ocasiones provocó que el gobierno mexicano tuviera que responder a cuestionamientos internacionales (particularmente ante una representación coreana) sobre las condiciones de vida de los peones que trabajaban en ellas (Dávila, 2010). Gracias al auge henequenero, las haciendas se convirtieron en prósperos espacios productivos que propiciaron el surgimiento de una burguesía agroindustrial integrada por entre 200 y 400 familias; de éstas, únicamente 20 o 30 (la llamada *casta divina*) controlaban más de 50 % de la producción y exportación de la fibra natural. A medida en que esta burguesía agroindustrial prosperaba, requería de más mano de obra.

Las deportaciones de indígenas yaquis a Yucatán iniciaron en 1900, después del combate del cañón Mazocoba, el 18 de enero de 1900 (Abbondanza, 2008). En este episodio bélico los soldados federales acorralaron a un numeroso grupo de yaquis insurrectos y la batalla dio como resultado más de 390 indígenas muertos (hombres, mujeres y algunos niños), y más de mil prisioneros, entre los que había una mayoría de mujeres y niños (Padilla, 1995). Estas mujeres y niños formaron parte de los primeros grupos de deportados a Yucatán, y tres años antes otros grupos de yaquis habían sido apresados y enviados a Valle Nacional, Oaxaca, como trabajadores forzados en haciendas tabacaleras (Padilla, 1995). En una acción conjunta posterior, los gobiernos

1. Hay que hacer notar que entre los trabajadores existían diferencias: canarios, cubanos y orientales venían con contratos de trabajo por tiempo determinado (generalmente dos años). Los indígenas yaquis eran de labor forzada; es decir, tenían derecho a un pago similar al que obtenían los mayas en las haciendas, pero no poseían la libertad para abandonar su sitio de trabajo y eran forzados mediante coerción física a realizar labores agrícolas (Padilla, 1995; 2009).

federal y estatal de Sonora capturaron y deportaron, en 1908, a un gran número de indígenas yaquis que habitaban ese estado, sin importar su condición de rebeldes o mansos. A finales de ese año se reportó la existencia de 6 432 yaquis en Yucatán repartidos en varias haciendas henequeneras (Arias *et al.*, 2013). Este número probablemente era menor, pues se observan disparidades entre los libros de cuenta de algunas haciendas.

El proceso de deportación implicaba un traslado largo y agotador: los yaquis eran trasladados y concentrados por las tropas en la penitenciaría de Hermosillo, hasta que se reunían grupos que oscilaban entre 300 y 400 individuos. Luego eran trasladados a Guaymas para ser embarcados al puerto de San Blas, desde donde caminaban por terrenos agrestes hasta Tepic, y de ahí eran trasladados a Guadalajara. Ya en esa ciudad, se les enviaba en ferrocarril hasta la Ciudad de México. Luego eran trasladados por tren hasta el puerto de Veracruz, donde barcos de guerra los llevaban a Puerto Progreso, Yucatán. En un último trayecto, eran transportados a la ciudad de Mérida. Finalmente, eran distribuidos entre los hacendados peninsulares, después de haber cubierto un periodo de cuarentena (Padilla, 1995; 2009).²

Aunque era común que los yaquis fueran enviados a trabajar en las haciendas henequeneras de Yucatán y Campeche, se tienen indicios de que algunos estuvieron en las estancias y ranchos costeros, donde la producción coprera también era importante. Los dueños de las haciendas henequeneras también eran dueños de los ranchos costeros, y frecuentemente trasladaban a sus trabajadores de unas a otras de sus propiedades, de acuerdo con las necesidades de mano de obra que requerían los ciclos productivos del henequén y de la copra.

Las condiciones de vida en la costa exponían a la población a la fiebre amarilla, que era una enfermedad endémica en zonas tropicales y litorales del país desde el siglo XVII. Si bien los brotes de fiebre amarilla eran frecuentes, en general la población costera yucateca presentaba resistencia generada por exposición al virus. Los yaquis no poseían esa defensa y el contagio era habitual, situación que se agravaba ante el alto riesgo de padecer la forma severa de la infección, que, muchas veces, concluía con la muerte del enfermo. En los archivos de la Secretaría de Salud de Yucatán pueden encontrarse registros de enfermos de fiebre amarilla en diversas haciendas henequeneras.³ Uno de esos registros, fechado en 1908, hace constar la muerte por fiebre amarilla de un trabajador yaqui en el rancho costero de Uaymitún.⁴

Los matrimonios interétnicos con los demás trabajadores de las haciendas y ranchos permitieron a los yaquis su supervivencia grupal, aun con la pérdida de algunos rasgos culturales. En 1911, con el cambio en las políticas nacionales y el inicio de la Revolución, se impuso la liberación de los traba-

2. Según consta en fuentes hemerográficas, los yaquis frecuentemente llegaban a la península padeciendo los estragos del bárbaro viaje: desnutrición, fatiga y enfermedades como neumonía, disentería, viruela, varicela y fiebre amarilla; esta última, muy probablemente adquirida durante su paso por las costas de Nayarit y Veracruz (Padilla, 1995; 2009).

3. De acuerdo con los registros históricos, el mayor número de yaquis enfermos se presentó entre 1907 y 1908. En esos años arribó a Yucatán el mayor número de indígenas sonorenses y los registros tienen asentados datos de 86 yaquis llevados al Hospital O'Horan para su atención, todos ellos con fiebre amarilla (Padilla, 1995).

4. Archivo General del Estado de Yucatán (AGEY): C.289/Poder Ejecutivo/Beneficencia: 1908. En Arias *et al.* (2013: 123).

jadores forzados en todo el territorio nacional. Esto permitió que los yaquis desterrados y enviados a Yucatán fueran manumitidos. Ya como hombres libres, se incorporaron a las milicias de Yucatán y Quintana Roo, y trataron de regresar a Sonora mediante el servicio militar (Padilla, 2002).

Sin embargo, muchos de estos hombres y mujeres no lograron cumplir el sueño de regresar a sus tierras originales y sucumbieron en Yucatán ante las enfermedades y las extenuantes condiciones de trabajo de las haciendas. Sus restos fueron enterrados junto a los de los muchos otros trabajadores henequeneros, en cementerios civiles de las mismas haciendas y pueblos cercanos a ellas.

Los restos óseos de Uaymitún, Yucatán

En 1996 se efectuó una excavación de rescate en un predio del pueblo costero de Uaymitún, Yucatán, a raíz de la denuncia del hallazgo de esqueletos humanos. En esa excavación se recuperaron los restos óseos de 23 individuos, de los cuales 15 eran subadultos (menores de 10 años) y ocho adultos.

El carácter del depósito funerario fue primario, en decúbito dorsal extendido, con los brazos extendidos de manera paralela al cuerpo; o bien, flexionados sobre pelvis o tórax. Existe evidencia de que algunos de los individuos fueron depositados en ataúdes de madera, que en ocasiones fueron decorados y pintados (Arias y Burgos, 2000), mientras otros fueron depositados de manera directa en las fosas, quizá sólo envueltos en un textil.

Por la disposición espacial se infiere que el área de enterramiento fue parte de un pequeño cementerio, que se presume estaba anexo a la capilla que todavía se encuentra en un predio adjunto y pertenecía a un rancho costero dedicado a la producción de copra y sal. El contexto arqueológico en que se encontraron, así como los escasos materiales culturales que los acompañaban, permite ubicar estos depósitos hacia finales del siglo XIX o principios del XX (Arias y Burgos, 2000; Arias *et al.*, 2013).

Los criterios metodológicos utilizados en la determinación del sexo en individuos adultos fueron los parámetros empleados de manera estandarizada para la pelvis y el cráneo (Kósa, 1989; Krogman e Iscan, 1986; Ferembach *et al.*, 1979). Para la asignación de la edad biológica se emplearon diferentes criterios según la fase de crecimiento, ya que las medidas y datos propuestos por Kósa (1989) se utilizaron en los esqueletos correspondientes a individuos de la primera infancia, en tanto que la edad de los sujetos juveniles se determinó con base en las tablas de desarrollo y brote dental (Ubelaker, 1989a), en la aparición de los centros de osificación y fusión epifisiaria (Ubelaker, 1989b), así como en los parámetros de Ferembach *et al.* (1979). En la determinación de la edad en adultos jóvenes se consideró además la osificación de la apófisis esternal, de la clavícula y del sacro, y la aparición del tercer molar. Por último, para la asignación de la edad en los restos de los individuos adultos se siguieron las propuestas de Todd (1920, en Meindl y Lovejoy, 1989) que sugieren la observación de los cambios morfológicos de la sínfisis púbica y la superficie auricular de ilion.

La distribución de edades en los entierros de Uaymitún nos revela que el mayor porcentaje de mortalidad (65%) se presentó en individuos de 0 a 9.9 años de edad. Esto nos permite inferir que en este sitio la población infantil probablemente fue afectada por padecimientos relacionados con diversos factores de orden social y biológico, entre los cuales el inmunológico tuvo un papel preponderante, ya que éstos tienen su mayor incidencia en los infantes con edades entre 0 y 5 años.⁵

El análisis de los esqueletos desde la perspectiva de los marcadores de estrés ocupacional (tales como las huellas de inserción muscular y el grado de robusticidad) arrojó datos que permitieron apreciar la intensa actividad física de los individuos juveniles y adultos, así como algunos rasgos patológicos y de deficiencias nutricionales.

Sin embargo, el dato de mayor interés provino del análisis craneométrico de los cinco individuos adultos masculinos al efectuarse el seguimiento estadístico de siete índices cefálicos y dos faciales de los individuos⁶ por medio del análisis de componentes principales o ACP, y después se hizo una comparación con poblaciones mayas y del centro del país. Gracias a este procedimiento fue posible distinguir claramente tres grupos: uno de mayas peninsulares, otro de gente del centro del país y otro que no corresponde a ninguno de los mencionados y se separa del resto de manera significativa. Para propósitos de nuestra investigación, este grupo fue identificado como Grupo I.

Por la información histórica obtenida y las diferencias observadas a partir del análisis de morfología craneal, los investigadores se han inclinado a pensar que estos individuos de la colección ósea, denominados 9, 12 y 16, eran personas de origen yaqui (Arias *et al.*, 2013).

Para confirmar esta aseveración es preciso llevar la investigación un paso más allá, con el empleo de técnicas moleculares. Esto da pie a la siguiente propuesta de investigación.

Propuesta de investigación

En la antropología física hemos aprendido que cuando analizamos los restos óseos de personas provenientes de contextos arqueológicos, uno de nuestros principales objetivos es documentar los datos biológicos que nos lleven a entender grandes temas sobre nuestra especie; entre otros, vale mencionar salud y nutrición, procesos demográficos y cambios evolutivos. De manera constante perseguimos las mejores y más grandes colecciones esqueléticas para responder a la pregunta: “¿cómo se vivía en el pasado?”. La estadística nos permite hacer diferenciaciones en la dieta, en la actividad física o en las enfermedades por sexo, por estamento social, por temporalidades o por sitios.

5. La mortalidad infantil es uno de los indicadores más sensibles para conocer las condiciones de salud de una población, dado que desde el nacimiento el niño se encuentra expuesto a un sinnúmero de factores ambientales que lo afectan. Por ello, esta variable se ha utilizado como marcador de las condiciones generales de vida. Mediante ésta se pueden inferir aspectos relacionados con la alimentación, el medio ambiente y la incidencia de padecimientos, entre otros factores. De acuerdo con Mosley (en Chackiel, 1984: 178), diversas variables pueden influir en la mortalidad infantil; entre otras, la fecundidad materna, la contaminación ambiental y la disponibilidad de nutrientes para el feto y la madre durante el embarazo.

6. Los índices utilizados fueron: craneo: craneal horizontal, medio de altura, vértico-longitudinal, vértico transversal, frontoparietal, y frontal transversal, agujero occipital; faciales: facial total y gnático de Flower. La matriz de correlaciones se diseñó con los valores medios de las muestras y el cálculo de los componentes principales se realizó con el programa Systat Version 5.

Este enfoque —generalista, podría decirse— deja a un lado a los individuos que no pertenecen a un gran conjunto, a los que se desvían del conjunto (Gillespie, 2001), ya que los ensambles esqueléticos reducidos no pueden ser analizados desde la misma perspectiva poblacional. En los casos de colecciones pequeñas o de individuos aislados, la adopción de la osteobiografía como parte del enfoque teórico-metodológico permite un acercamiento en una escala mucho más íntima, más detallada, a la vida humana en su contexto social y biológico: en resumen, permite entender al individuo con su identidad, con su experiencia, para conocer un fragmento del pasado (Saul, 1972; Stodder y Palkovich, 2012).

En esta propuesta de investigación hemos optado por ese acercamiento, ya que podría proporcionarnos una visión integral sobre los trabajadores de las fincas costeras en Yucatán, que incluye a individuos de origen yaqui. Para ello nos hemos planteado algunas preguntas generales:

Asumiendo que los esqueletos pertenecen a trabajadores del rancho costero de Uaymitún, ¿éstos eran de origen local o eran migrantes? ¿Cuál es su filiación biológica? ¿Los niños e infantes que también se encontraron en ese cementerio habían nacido en Yucatán? ¿Tenían algún parentesco con los adultos?

En este punto es necesario recalcar que las respuestas a estas preguntas podrían proporcionar valiosa información acerca de las características de los grupos familiares que formaron los trabajadores forzados de haciendas y ranchos: ¿eran hombres foráneos que convivieron y tuvieron descendencia con mujeres mayas locales, o viceversa?

Los subadultos podrían denotar esa ascendencia genética mestiza y ayudarían a establecer si los linajes que podríamos encontrar se dieron por vía paterna o materna.

Para responder estas interrogantes se ha diseñado una metodología que contempla la utilización de herramientas de varias disciplinas. La utilización de análisis de última generación (como de isótopos y ADN) en la osteología antropológica ha demostrado ser el medio de obtención de información idóneo, ya que las respuestas a nuestras preguntas no podrían obtenerse a partir del mero análisis osteológico. La conjunción de datos arqueológicos, antropofísicos, históricos y biológicos permitirá ofrecer más información sobre estas personas y sobre sus procesos de vida.

Metodología

1. Materiales:

En este proyecto contemplamos el análisis osteobiográfico integral de 23 individuos que integran el ensamble óseo de Uaymitún, Yucatán.

2. Técnicas:

- a) Análisis osteobiográfico de las osamentas: individualización de cada persona encontrada en ese contexto (edad, sexo, estatura, marcas de actividad detalladas y su correspondiente perfil biomecánico, rasgos epigenéticos, lesiones y enfermedades).

b) Análisis para establecer filiación biológica:

i) Análisis dental: los estudios de morfología y odontometría con enfoque antropológico defienden la morfología comparativa como la base metodológica principal en el análisis poblacional. Estos estudios establecen relaciones biológicas entre los individuos de un mismo grupo y con individuos de otras zonas geográficas. En este trabajo se propone la cuantificación de los rasgos morfológicos y métricos dentales más significativos para establecer un perfil de los individuos adultos y compararlo con datos similares obtenidos en individuos de otras poblaciones.

ii) Análisis genético: a raíz de la expansión de la genética molecular las investigaciones arqueogenéticas han tenido un gran impulso en los últimos años. Las herramientas que se han desarrollado son de gran importancia para la historia de las poblaciones humanas. El polimorfismo del ADN, y en especial en algunas secciones del ADN mitocondrial, ofrece la posibilidad de examinar la variabilidad genética y la difusión de nuestra especie.

iii) La caracterización molecular de poblaciones (con base en la distribución diferencial de las frecuencias de marcadores genéticos) hace posible la definición, en términos probabilísticos, de un origen poblacional de individuos aislados. Como ocurre en la identificación personal y en la identificación de relaciones familiares (paternidad, por ejemplo), los cálculos que adjudican un determinado origen étnico a un esqueleto se basan en distribuciones de frecuencias en poblaciones actuales (Götherström *et al.*, 2002; Montiel y García Sívoli, 2007; Skoglund, 2013).

c) Análisis para establecer parentesco: a través del análisis de marcadores cromosómicos autosómicos y mitocondriales es posible identificar el parentesco genético entre los individuos (Haak *et al.*, 2008; Lalueza, 2012). En este caso, tener varios individuos subadultos (incluidos nueve niños menores de 5 años y seis con edades que oscilan entre 6 y 10 años) ofrece la posibilidad de explorar las relaciones de parentesco entre los individuos del cementerio.

d) Análisis para establecer origen geográfico: la incorporación de los estudios de isótopos estables en la investigación arqueológica y paleontológica tiene algunas décadas. Estos estudios se emplean sobre todo para obtener datos sobre la dieta en poblaciones antiguas (isótopos de carbono y nitrógeno, principalmente) y, de manera más reciente, para construir información sobre la movilidad de individuos y grupos humanos (isótopos de oxígeno) (Keegan y DeNiro, 1988; Bentley, 2006; Béthard *et al.*, 2008; Wright, 2012).

Los isótopos estables del oxígeno ($^{18}\text{O}/^{16}\text{O}$) presentan variaciones espaciales condicionadas por el clima y la geografía. Existe una correlación global entre latitud, altitud y temperatura con la composición isotópica de las precipitaciones y los depósitos de agua que consumen los humanos (Berón *et al.*, 2013). La composición isotópica de $\delta^{18}\text{O}$ en los

tejidos de un organismo se vincula al oxígeno consumido en el agua (Longinelli, 1984). Es posible discriminar las fuentes de agua de las que un individuo bebe a partir de las señales isotópicas. Éstas forman un indicador o huella isotópica del lugar de residencia de la persona durante la formación del tejido orgánico (en este caso, del hueso). En restos óseos humanos que se recuperan de un contexto arqueológico, la discrepancia entre las huellas isotópicas de diferentes muestras óseas (por ejemplo, piezas dentales respecto a huesos largos) es indicador de movilidad del individuo y puede dar pie a la discusión sobre migración, sobre traslado posmortem de restos de antepasados o —como en el caso que nos ocupa— un traslado forzado (Price *et al.*, 2007; Knudson, 2009; Berón *et al.*, 2013).

- e) Información histórica: se plantea llevar a cabo investigación documental en los archivos estatales sobre los antecedentes históricos del predio en el que se encontró este pequeño cementerio; asimismo, se plantea realizar entrevistas a descendientes de los dueños y administradores de las fincas, que incluso guardan libros de contabilidad de la época.⁷ Además, la consulta a textos especializados dará las bases para afinar las direcciones de las investigaciones.

Comentarios finales

Este trabajo presenta una investigación en proceso que pretende alcanzar resultados que serán relevantes en el marco de la reconstrucción del devenir histórico y biológico de las poblaciones yaqui y yucateca. Con alguna frecuencia los trabajos bioarqueológicos se ven involucrados en discusiones de carácter político, social o económico, al incrementar el conocimiento sobre hechos históricos que afectaron a individuos, grupos o poblaciones enteras. Particularmente, a raíz de algunos acuerdos recientes entre instituciones estadounidenses y mexicanas, restos óseos de indígenas yaquis fueron reintegrados a sus comunidades y esto propició la recuperación de la memoria para las nuevas generaciones.

Creemos que esta investigación puede considerarse parte del movimiento de preservación y conservación de la memoria de los pueblos indígenas, en tanto hace una aportación más allá de nuestro interés científico y académico por las características biológicas de poblaciones americanas.

7. Por otra parte, se planea extender la investigación hacia algunas haciendas del norte de Mérida (como las haciendas Dzodzil y Xcumpich) que, de acuerdo con documentos históricos, albergaron a trabajadores yaquis, algunos de los cuales fueron atendidos en el Hospital O'Horan de Mérida por fiebre amarilla en 1908.

Bibliografía

- Abbondanza, Ermanno (2008). "La cuestión yaqui en el segundo porfiriato, 1890-1909. Una revisión de la historia oficial". *Signos Históricos*, 19, pp. 94-126.
- Arias López, José Manuel y Burgos Villanueva, Rafael (2000). "Rescate arqueológico en Uaymitún, Yucatán". *Temas Antropológicos*, 22(2). Recuperado de: <<http://www.mayas.uady.mx/articulos/rescate.html>>.
- ____ et al. (2013). "Reconsideraciones en torno a Uaymitun, Yucatán. Los yaquis y las condiciones laborales en el exilio". *Ergo Sum*, 20(2), pp. 121-129.
- Bauer-Clapp, Heidi y Pérez, V. R. (2014). "Violence in life, violence in death, resiliency through repatriation: bioarchaeological analysis and heritage value of Yaqui skeletal remains from Sonora, México". En Martin, Debra L. y Cheryl P. Anderson. *Bioarchaeological and Forensic Perspectives on Violence* (pp. 171-191). Cambridge: Cambridge University Press.
- Bentley, R. Alexander (2006). "Strontium isotopes from the earth to the archaeological skeleton: A review". *Journal of Archaeological Method and Theory*, 13, pp. 135-187.
- Berón, Mónica et al. (2013). "Isótopos de oxígeno en restos humanos del sitio Chenque I: primeros resultados sobre procedencia geográfica de individuos". En: Zangrado, F. A. et al. (eds.), *Tendencias teórico-metodológicas y casos de estudio en la arqueología de la Patagonia* (pp. 27-38). Mendoza: Museo de Historia Natural de San Rafael.
- Béthard, Jonathan B. et al. (2008). "Isótopos estables, dieta y movilidad de los pobladores de un conjunto residencial de Santa Rita B, Valle de Chao, Perú". *Arqueobios*, 2, pp. 19-27.
- Canto Sáenz, Rodolfo (2001). *Del henequén a las maquiladoras. La política industrial en Yucatán 1984-2001*. México: INAP / UADY.
- Chackiel, Juan (1984). "La mortalidad en América Latina: niveles, tendencias y determinantes". En *Memorias del Congreso Latinoamericano de Población y Desarrollo* (vol. I). México: El Colegio de México / UNAM.
- Dávila Valdés, Claudia (2010). "Historia comparada de dos experiencias migratorias: coreanos y súbditos del Imperio Otomano en Yucatán (1880-1916)". *Península*, 5(2), 37-60.
- Ferembach, Denise et al. (1979). "Recommendations pour déterminer l'age et le sexe sur le squelette". *Bulletins et Mémoires de la Société d'Anthropologie de Paris*, XIII (6), pp. 7-45.
- Gillespie, Susan D. (2001). "Personhood, Agency, and Mortuary Ritual: A Case Study from the Ancient Maya". *Journal of Anthropological Archaeology*, 20, pp. 73-112.
- Götherström, Anders et al. (2002). "Bone preservation and DNA amplification". *Archaeometry*, 44(3), pp. 395-404.
- Haak, Wolfgang et al. (2008). "Ancient DNA, Strontium isotopes, and osteological analyses shed light on social and kinship organization of the Later Stone Age". *PNAS. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 105(47), pp. 18226-18231.

- Keegan, William y De Niro, Michael (1988). "Stable Carbon - and Nitrogen-Isotope Ratios of Bone Collagen Used to Study Coral-Reef and Terrestrial components of Prehistoric Bahamian Diet". *American Antiquity* 53(2), pp. 320-336.
- Knudson, Kelly J. (2009). "Oxygen isotope analysis in a land of environmental extremes: The complexities of isotopic work in the Andes". *International Journal of Osteoarchaeology*, 19(2), pp. 171-191.
- Kósa, Ferenc (1989). "Age estimation from the fetal skeleton". En *Age Markers in the Human Skeleton* (pp. 21-54). Springfield: Charles C. Thomas Publisher.
- Krogman, Wilton Marion y Iscan, Mehmed Yasar (1986). *The Human Skeleton in Forensic Medicine*. Springfield: Charles C. Thomas Publisher.
- Lalueza-Fox, Carles (2012). *Aplicaciones de las técnicas paleogenómicas a la reconstrucción del pasado*. Recuperado de <http://digital.csic.es/bitstream/10261/79796/1/tecnicas_paleogenomicas_Lalueza.pdf>.
- Lawrence, Susan y Sheperd, Nick (2008). "Historical archaeology and colonialism". En Hicks, Dan y Mary C. Beaudry. *The Cambridge Companion to Historical Archaeology* (pp. xx- xx). Cambridge: Cambridge University Press.
- Longinelli, Antonio (1984). "Oxygen isotopes in mammal bone phosphate: A new tool for paleohydrological and paleoclimatological research?". *Geochimica et Cosmochimica Acta*, 48(2), pp. 385-390
- Martin, Debra L. y Anderson, Cheryl P. (eds.) (2014). *Bioarcheological and Forensic Perspectives on Violence*. Cambridge: Cambridge University Press.
- Meindl, R. S., y Lovejoy, C.O. (1989). "Age changes in the pelvis: Implications for paleodemography". En Iscan, M. Y. (ed.). *Age Markers in the Human Skeleton* (pp. 137-168). Springfield: Charles C. Thomas Publisher.
- Mende, B. G. (2006). "Possibilities and limitations in the archaeogenetics analysis of ancient human remains". *Archaeometriai Műhely*, 1, pp. 29-33.
- Montiel, Rafael y García Sívoli, Carlos (2007). "Los criterios de autenticidad de ADN antiguo y su uso en estudios poblacionales humanos". *Boletín Antropológico*, 25(70), pp. 215-229.
- Nei, Masatoshi (1972). "Genetic distance between populations". *The American Naturalist*, 106, pp. 283-292.
- Pääbo, Svante (1989). "Ancient DNA: Extraction, characterization, molecular cloning, and enzymatic amplification". *PNAS. Proceedings of National Academy of Sciences*, 86, pp. 1939-1943.
- Padilla Ramos, Raquel (1995). *Yucatán, fin del sueño yaqui. El tráfico de los yaquis y el otro triunvirato*. Hermosillo: Gobierno del Estado de Sonora.
- ____ (2002). *Progreso y libertad. Los yaquis en la víspera de la repatriación* (tesis de maestría). FCA / UADY, Mérida.
- ____ (2009). *Los partes fragmentados. Narrativas de la guerra y la deportación yaquis* (tesis de doctorado). Universidad de Hamburgo, Hamburgo.
- ____ y Tonella, Carmen (1997). "La guerra del yaqui a través de la prensa arizonense". XXII Simposio de Historia y Antropología de la Universidad de Sonora, Hermosillo, febrero 1997.

- Peniche Rivero, Piedad (2010). *La historia secreta de la hacienda en Yucatán. Deudas, migración y resistencia maya (1879-1915)*. México: Archivo General de la Nación / Instituto de Cultura de Yucatán.
- Price, T. Douglas et al. (2007). "Victims of sacrifice: Isotopic evidence for place of origin". En Tiesler Vera y Andrea Cucina (eds.). *New Perspectives on Human Sacrifice and Ritual Body Treatments in Ancient Maya Society* (pp. 263-292). Nueva York: Springer / Elsevier.
- Sandoval Santander, Erick (2005). *Decadencia del régimen oligárquico y la revolución constitucionalista en Yucatán: 1902-1918* (tesis de licenciatura). UAM, México.
- Saul, Frank P. (1972). "The Human Skeletal Remains of Altar de Sacrificios, Guatemala. An Osteobiographic Analysis". *Papers of the Peabody Museum of Archaeology & Ethnography*, vol. 63, Massachusetts: Harvard University Press.
- Savarino, Franco (1996). *Pueblos y nacionalismo. Del régimen oligárquico a la sociedad de masas en Yucatán* (tesis de doctorado). UNAM, México.
- Sheperd, Nick (2007). "Archaeology dreaming: post-apartheid urban imaginaries and the bones of the Prestwich Street dead". *Journal of Social Archaeology*, 7(3), pp. 3-28.
- ____ (2013). "Contemporary Archaeology in the Postcolony: Disciplinary Entrapments, Subaltern Epistemologies". En Graves-Brown, Paul, Rodney Harrison y Angela Piccini. *The Oxford Handbook of the Archaeology of the Contemporary World* (pp. 425-436). Oxford: Oxford University Press.
- Skoglund, Pontus (2013). "Reconstructing the Human Past using Ancient and Modern Genomes". *Digital Comprehensive Summaries of Uppsala Dissertations from the Faculty of Science and Technology*, 1069. Uppsala: Uppsala Universitet.
- Sofaer, Joanna R. (2006). *The body as material culture. A Theoretical Osteoarchaeology*. Cambridge: Cambridge University Press.
- Stodder, Ann, y Palkovich, Ann (eds.) (2012). *The Bioarchaeology of Individuals*. Florida: University Press of Florida.
- Ubelaker, Douglas H. (1989a). *Human skeletal remains. Excavation, Analysis, and Interpretation*. Washington, D. C.: Taraxacum.
- ____ (1989b). "The estimation of age at death from immature human bone". En *Age Markers in the Human Skeleton* (pp. 55-70). Springfield: Charles C. Thomas Publisher.
- Wright, Lori E. (2012). "Immigration to Tikal, Guatemala: Evidence from Stable Strontium and Oxygen Isotopes". *Journal of Anthropological Archaeology*, 31, pp. 334-352.

Heredabilidad de la obesidad en el noreste de México. Estudio basado en el índice de masa corporal de diadas (madre-hijo)

Ricardo M. Cerda-Flores* / Andrés Figueroa** / Hugo Leonid Gallardo-Blanco***

ISSN: 2007-6851

p. 38-p. 45

Fecha de recepción del artículo: junio de 2018

Fecha de publicación: diciembre de 2018

Título del artículo en inglés: *Heritability of Obesity in Northeastern Mexico: A Study Based on Dyad (Mother-Child) Body Mass Index*

Resumen

El propósito de este estudio de genética cuantitativa consiste en estimar la heredabilidad (h^2) del índice de masa corporal (IMC) en 2 840 diadas madre-descendiente con residencia en cinco estados del noreste de México. La h^2 total entre los cinco estados fue de 51.6% y no se encontraron diferencias entre ellas ($X^2 = 5.24$, $p = 0.26$). En conclusión, desde un punto de vista de la epidemiología genética, cualquiera de estas poblaciones es ideal para la búsqueda de genes candidatos no sólo de la obesidad (OB), sino de otras enfermedades multifactoriales.

Palabras clave: heredabilidad, obesidad, homogeneidad, México.

Abstract

The aim of this quantitative genetic study was to estimate heritability (h^2) of BMI in 2840 mother-child pairs to know if h^2 values differ among five states of northeastern Mexico. The total h^2 found among states was 51.6% and no significant differences were found among them ($X^2 = 5.24$, $p = 0.26$). In conclusion, from a genetic epidemiology point of view, genome wide scan association studies can be carried out to find candidate genes in any of these Mexican populations not only for obesity (OB), but also other multifactorial diseases.

Keywords: heritability, obesity, homogeneity, México.

* Universidad Autónoma de Nuevo León, Facultad de Enfermería. Laboratorio de Bioestadística y Genética de Poblaciones (ricardocerd_mx@yahoo.com.mx).

** University of Texas Rio Grande Valley, Department of Computer Science (andres.figueroa@utrgv.edu).

*** Universidad Autónoma de Nuevo León, Facultad de Medicina, Departamento de Genética (hugoleonid2008@gmail.com).

La base de los métodos para el estudio de las enfermedades complejas descansa en la genética de rasgos cuantitativos analizados en familias. Los efectos genéticos se cuantifican en términos de la heredabilidad (h^2), que es la proporción de la varianza en un fenotipo atribuible exclusivamente al efecto de los genes. Desde un punto de vista de diseño de investigación en genética, la estimación de la h^2 es un paso previo indispensable antes de intentar la localización de los genes, puesto que si la h^2 del fenotipo (por ejemplo, obesidad) es nula o muy pequeña (por ejemplo, <10%), no tiene sentido práctico la búsqueda de genes (Cerdeira-Flores *et al.*, 2004).

Cuando una variable es el fenotipo de la progenie y la otra variable es el fenotipo promedio de los dos progenitores, entonces la h^2 es el coeficiente estadístico de regresión (simbolizado b). En el caso de tener sólo un progenitor (diadas madre-descendiente), la h^2 es $2*b$. Las h^2 pueden ser clasificadas como alta (>50%), media (20%-50%) o baja (<20%) (Elrod y Stansfield, 2010).

Dentro de las enfermedades complejas, la obesidad (OB) también llamada ABCD (por sus siglas en inglés, *adiposity-based chronic disease*), se ha convertido en un problema de salud pública mundial que afecta a millones de personas. Hoy en día la OB se considera un trastorno metabólico que se define como una excesiva cantidad de grasa o tejido adiposo en relación con la masa muscular del cuerpo (Mechanic *et al.*, 2017).

Desde un punto de vista antropométrico, la OB puede detectarse a través del estado nutricional con el cálculo del índice de masa corporal (IMC), que es el indicador que tiene la más alta correlación con la grasa corporal. El IMC es una medida que se obtiene al dividir el peso en kilogramos de una persona entre el cuadrado de su altura en metros (Center for Disease and Control Prevention. Overweight and Obesity, 2018). Cabe señalar que, desde un punto de vista de diagnóstico clínico (no antropométrico), a partir de 2017 la OB se denomina ABCD (Mechanic *et al.*, 2017). En este estudio manejaremos la OB como un término antropométrico.

La OB ha alcanzado las proporciones de una epidemia mundial que afecta tanto a países desarrollados como a naciones en desarrollo. En México, las cifras de sobrepeso-OB se han incrementado hasta en 46% en los últimos 10 años —las más altas se presentan en la región Norte— (Secretaría de Salud, 2001; Del Río-Navarro *et al.*, 2004). De acuerdo con los puntos de corte del IMC, los estudios en nuestro país muestran prevalencias variables y no siempre comparables, quizá por la estratificación de las poblaciones en estudio (mezcla de poblaciones urbanas y rurales) (Sánchez-Castillo *et al.*, 2001; Sánchez-Castillo *et al.*, 2002). Dicha epidemia parece ser consecuencia, sobre todo, de la vida moderna y el acceso a grandes cantidades de alimentos ricos al paladar y altos en calorías, y a una limitada actividad física (Alcalde-Rabanal *et al.*, 2018; Barquera y White, 2018; Di Marco Bonaventura *et al.*, 2018). Sin embargo, este ambiente de abundancia afecta de forma diferente a los individuos, ya que mientras hay quienes son capaces de mantener un balance entre la ingesta y el gasto de energía, otros no pueden hacerlo así. ¿Qué es lo que marca la diferencia entre los dos tipos de individuos? En gran medida, la respuesta podría atribuirse a la variación genética (σ^2_g) entre los individuos (Stunkard y Wadden, 1993).

Hay una amplia evidencia en estudios llevados a cabo en gemelos y en núcleos familiares en los que se ha demostrado que los genes juegan un papel importante en la OB. Es necesario señalar que, siendo la mayoría de los genes necesarios para causarla, no son suficientes, pues al analizar datos de 25 000 pares de gemelos y un total de 50 000 miembros de familias se encontró que la OB calculada mediante el IMC tiene una contribución genética o h^2 de 67% y una contribución ambiental de 33% (Maes *et al.*, 1997). Sin embargo, hay un amplio rango de porcentajes de h^2 para los diversos indicadores de la OB en las diferentes poblaciones, lo cual ha sido atribuido a los diversos métodos utilizados en los diseños (familias extensas, familias nucleares o diadas), o bien, a la gran heterogeneidad entre las diferentes muestras poblacionales (Rose *et al.*, 1998; Nelson *et al.*, 1999; Walder *et al.*, 2000; Nelson *et al.*, 2002).

Múltiples estudios genéticos realizados en 1999 han asociado a los fenotipos de OB con diversas regiones cromosómicas con más de 300 genes, que aumentaron a 430 genes en 2004 y se han incrementado en 2005 (Rankinen *et al.*, 2006). Desde 1994 se inició la integración de una base de datos que se actualiza año con año con la finalidad de lograr el establecimiento del mapa genético de la OB, y hasta ahora se han descrito 208 regiones cromosómicas denominadas *loci* de rasgos cuantitativos o QTLs (por sus siglas en inglés, Quantitative Trait Loci). La determinación de estos últimos es parte de las estrategias utilizadas para el estudio de los genes ligados de manera específica a la obesidad, y tienen la característica de que se estudian idealmente en núcleos familiares (progenitores-descendientes) para llevar a cabo un barrido genómico amplio con el fin de detectar regiones cromosómicas o QTLs (Snyder *et al.*, 2004; Liu *et al.*, 2003).

Dado lo anterior, es necesario realizar en México estudios con núcleos familiares, con gemelos o con diadas, ya que con estos diseños se podría uniformar lo más posible los factores genéticos, ambientales y epigenéticos, para después emprender la búsqueda de genes de susceptibilidad de la OB o de cualquier otra enfermedad multifactorial (Dávila-Rodríguez *et al.*, 2005).

El objetivo general de este estudio fue estimar la heredabilidad del IMC en 2 840 diadas madre-descendiente con residencia en el noreste de México. Cabe señalar que en estudios previos en los que se utilizaron marcadores genéticos nucleares (moleculares y no-moleculares) se ha demostrado que estas poblaciones son genéticamente homogéneas (Cerdeña-Flores *et al.*, 2002).

Material y métodos

Se realizó un estudio descriptivo-transversal-comparativo en 2 840 diadas (madre-descendiente) residentes en cinco estados del noreste de México. Los niños que participaron asistían a escuelas públicas, de los niveles preescolar, primaria, secundaria y bachillerato en cada una de las cinco entidades. Las escuelas de los cuatro niveles educativos mencionados fueron seleccionadas aleatoriamente en las áreas urbanas de cada uno de los cinco estados. Se tomaron por cada entidad federativa dos planteles de preescolar, dos escuelas primarias, dos escuelas secundarias y dos escuelas

de bachillerato. Se obtuvo el tamaño de una muestra representativa de niños y adolescentes, y se hizo la selección de entrevistados mediante el método aleatorio estratificado de acuerdo con el tipo de escuela y sexo del niño o adolescente: se realizó una afijación proporcional por estrato y del total del listado de estudiantes de un grupo (número de lista del 1 al 35), se seleccionaron de manera pseudo aleatoria sólo aquellos (cinco estudiantes) que el paquete Minitab V15 proporcionó al correrse (7, 12, 20, 23 y 30) (Flores-Peña *et al.*, 2014).

Análisis de datos

Primeramente, la información recopilada se procesó y analizó mediante los paquetes IBM-SPSS V24 y Minitab V15.

A continuación, se realizó un ejercicio de estadística descriptiva sobre peso y estatura de la madre y su hijo. Con estas cifras se calculó el IMC y se determinó la distribución de normalidad para madres-descendientes mediante la prueba Kolmogorov-Smirnov con corrección de Lilliefors. Las distribuciones normales usadas fueron las estandarizadas ($\mu = 0$ y $\sigma = 1$).

Posteriormente, para la comparación de medias y varianzas de la edad, peso, estatura e IMC en madres-descendientes de los cinco estados se aplicó el análisis de la varianza (ANOVA) de un factor y la prueba de Bartlett, respectivamente.

Como cuarto paso, para el cálculo de la correlación intraclase (b) y de la h^2 del IMC entre las madres-descendientes por estado, se utilizó el paquete Sage (FCOR) V6.4 (<<http://darwin.cwru.edu/sage/?q=node/2>>).

Enseguida, para la comparación de las correlaciones intraclase por estado se utilizó la prueba de X^2 para más de dos coeficientes de correlación (<<http://home.ubalt.edu/ntsbarsh/Business-stat/otherapplets/MultiCorr.htm>>).

Finalmente, cada correlación intraclase (b) obtenida por estado se multiplicó por 2 para obtener h^2 (método: un progenitor-un descendiente). Un valor de $p < 0.05$ fue considerado significativo.

Resultados y discusión

En el cuadro 1 se observa la distribución del número de madres y descendientes con sobrepeso-obesidad por estado. De 2 840 madres, 2 026 (71.34%) presentaron un estado nutricional de sobrepeso-OB. Con respecto a los 2 840 descendientes, 959 (33.77%) presentaron un estado nutricional de sobrepeso-OB.

En el cuadro 2 se observa la distribución de edad, peso, estatura e IMC en madres-descendientes por estado. En las cuatro variables analizadas no se encontraron diferencias estadísticas en cuanto a medias (ANOVA de un factor) y varianzas (prueba de Bartlett) entre los cinco estados ($p > 0.05$).

Cuadro 1. Distribución del número y porcentaje de madres y descendientes con sobrepeso-obesidad por estado

	Estado de residencia					Total
	Nuevo León	Coahuila	Tamaulipas	Zacatecas	San Luis Potosí	
Sobrepeso / obesidad	N (%)	N (%)	N (%)	N (%)	N (%)	N (%)
Madres	531 (71.95)	313 (71.30)	497 (75.53)	401 (66.83)	284 (70.12)	2 026 (71.34)
Descendientes	290 (39.30)	107 (24.37)	283 (43.01)	151 (25.17)	128 (31.60)	959 (33.77)
Gran total*	738	439	658	600	405	2 840

* Corresponde al número total de madres o descendientes (con y sin sobrepeso-obesidad). Por ejemplo, en Nuevo León se encontraron 531 madres con sobrepeso-obesidad y el gran total fue de 738. Al dividirse da 71.95 por ciento.

Cuadro 2. Distribución de la edad, peso, estatura e IMC en madres-descendientes por estado

Estado	N	Madres				Descendientes			
		Edad Media (DE)	Peso Media (DE)	Estatura Media (DE)	IMC Media (DE)	Edad Media (DE)	Peso Media (DE)	Estatura Media (DE)	IMC Media (DE)
Nuevo León	738	37.28 (7.34)	70.96 (14.14)	1.57 (0.07)	28.69 (5.51)	10.59 (4.19)	43.49 (20.23)	1.42 (0.22)	20.32 (5.16)
Coahuila	439	35.95 (8.16)	70.78 (14.20)	1.58 (0.06)	28.38 (5.39)	9.51 (5.14)	37.58 (20.02)	1.34 (0.28)	18.90 (4.76)
Tamaulipas	658	36.80 (7.11)	70.36 (14.39)	1.57 (0.07)	28.69 (5.60)	11.21 (3.99)	46.56 (22.26)	1.43 (0.21)	21.25 (5.87)
Zacatecas	600	36.73 (7.33)	68.09 (12.16)	1.58 (0.07)	27.26 (4.63)	11.36 (4.70)	42.73 (20.86)	1.42 (0.24)	19.62 (4.81)
San Luis Potosí	405	35.18 (7.52)	67.99 (13.77)	1.55 (0.06)	28.22 (5.47)	8.47 (4.14)	33.70 (17.57)	1.29 (0.25)	18.57 (3.95)
Total	2 840	36.54 (7.47)	69.76 (13.81)	1.57 (0.06)	28.27 (5.36)	10.43 (4.50)	41.73 (21.33)	1.39 (0.24)	19.92 (5.13)

En el cuadro 3 se observan las correlaciones intraclases, tamaño de muestra y heredabilidades porcentuales madre-descendiente del IMC por estado. La h^2 total entre las cinco entidades fue de 51.6% (2^* coeficiente de correlación intraclase = $2^*0.258 \pm 0.018$) y no se encontraron diferencias entre ellas ($X^2 = 5.24$, $p = 0.263$).

Los resultados aquí hallados son similares a los de un estudio cuyo diseño fue llevado a cabo:

- 1) En 25 000 pares de gemelos y un total de 50 000 miembros de familias, en los que la OB evaluada mediante el IMC tuvo 67% de h^2 (Maes *et al.*, 1997).

Cuadro 3. Correlaciones y heredabilidades porcentuales madre-descendiente del IMC por estado

	Estado de residencia					Total	X ²	Probabilidad
	Nuevo León	Coahuila	Tamaulipas	Zacatecas	San Luis Potosí			
Correlación intraclase (b)	0.257	0.273	0.255	0.196	0.331	0.258	5.24	0.263
Tamaño de muestra	738	439	658	600	405	2 840		
Heredabilidad (h ² = 2*b)	51.4%	54.6%	51.00%	39.20%	66.20%	51.60%		
Categoría	Alta	Alta	Alta	Media	Alta	Alta		

Las heredabilidades pueden ser clasificadas como alta (>50%), media (20%-50%) o baja (<20%).

La heredabilidad obtenida corresponde al método estadístico para: un solo progenitor - un solo descendiente (2*b). (<<http://home.ubalt.edu/ntsbarsh/Business-stat/otherapplets/MultiCorr.htm>>).

- 2) En 21 familias extensas mexicanas, en las que la h^2 fue de 36% (Bastarrachea *et al.*, 2007).
- 3) En 43 núcleos familiares mexicanos, en los que la h^2 fue de 39.1% (Cerde-Flores, Dávila-Rodríguez y Garza-Chapa, 2004).

Estos resultados son diferentes a los encontrados en:

- 1) El estado de Sinaloa, donde la h^2 fue menor a 10% en familias nucleares (Peraza-González, 2010).
- 2) El estado de Campeche, donde la h^2 fue menor a 15% en 173 diadas madre-descendiente (Flores-Peña, Camal-Ríos y Cerda-Flores, 2011).
- 3) El estado de Tabasco, donde la h^2 fue 1.1% en 218 diadas madre-descendiente (Candelero-Juárez *et al.*, 2016).

En conclusión, las cinco poblaciones del noreste de México:

- 1) Son genéticamente homogéneas.
- 2) Las diadas tienen una alta prevalencia de sobrepeso-OB.
- 3) Hay homogeneidad de la alta h^2 del IMC (> 50%).

Desde un punto de vista de la epidemiología genética de las 32 entidades federativas que integran México, cualquiera de estas cinco poblaciones mestizas es ideal para la búsqueda de genes candidatos a padecer OB y otras enfermedades multifactoriales, tales como el cáncer de mama y la diabetes mellitus (Calderón-Garcidueñas *et al.*, 2008; Cerda-Flores *et al.*, 2013).

Bibliografía

- Alcalde-Rabanal, Jacqueline Elizabeth *et al.* (2018). "The complex scenario of obesity, diabetes and hypertension in the area of influence of primary healthcare facilities in Mexico". *PLoS One*, 13(1), e0187028. doi: 10.1371/journal.pone.0187028
- Barquera, Simón y White, Mariel (2018). "Treating obesity seriously in Mexico: Realizing, much too late, action must be immediate". *Obesity Research*, 26(10), pp. 1530-1531.
- Bastarrachea, Raúl *et al.* (2007). "Heritability and genetic correlations of metabolic disease-related phenotypes in Mexico: Preliminary report from the GEMM Family Study", *Human Biology*, 79(1), pp. 121-129.
- Calderón-Garcidueñas, Ana Laura *et al.* (2008). "Genetic structure of Mexican mestizo women with breast cancer based on three STR loci". *Human Biology*, 20(2), pp. 191-193.
- Candelero-Juárez, Yadira *et al.* (2016). "Mínima contribución genética de la obesidad y mínima concordancia entre la percepción materna del peso del hijo (PMPH) con el estado nutricional en Tabasco, México". *Medicina de Torreón*, 8(2), pp. 16-19.
- Center for Disease and Control Prevention. Overweight and Obesity (mayo, 2018). Recuperado de: <<https://www.cdc.gov/obesity/index.html>>.
- Cerda-Flores, Ricardo Martín *et al.* (2002). "Maximum likelihood estimates of admixture in Northeastern Mexico using 13 short tandem repeat loci", *American Journal of Human Biology*, 14(4), pp. 429-439.
- ____ (2004). "Epidemiología genética de la obesidad en el noreste de México. Estimación de la heredabilidad en adolescentes", *Revista de Investigación Clínica*, 56(6), pp. 804-805.
- ____ (2013). "Genetic structure of Mexican Mestizos with type 2 diabetes mellitus based on three STR loci", *Gene*, 525(1), pp. 41-46.
- Dávila-Rodríguez, Martha I. *et al.* (2005). "Epidemiología genética de la obesidad en el noreste de México. Búsqueda de familias nucleares informativas", *Gaceta Médica de México*, 141(3), pp. 243-246.
- Del Río-Navarro, Blanca E. *et al.* (2004). "The high prevalence of overweight and obesity in Mexican children", *Obesity Research*, 12(2), pp. 215-223.
- Di Bonaventura, Marco *et al.* (2018). "Obesity in Mexico: prevalence, comorbidities, associations with patient outcomes, and treatment experiences". *Diabetes, Metabolic Syndrome and Obesity: Targets and Therapy*, 22(11), pp. 1-10.
- Elrod, Susan L., y William D. Stansfield (2010). *Schaum's Outline of Genetics* (5ª ed.). Nueva York: Mc Graw Hill.
- Flores-Peña, Yolanda *et al.* (2011). "Evaluation of the maternal perception of her child's weight and body mass index heritability in mestizas dyads in Southeastern Mexico", *Archivos Latinoamericanos de Nutrición*, 61(4), pp. 389-395.
- ____ (2014). "Homogeneity of maternal perception of child weight in Northeastern Mexico". *The Anthropologist*, 17(3), pp. 991-1001.

- Liu, Yong-Jun *et al.* (2003). "Molecular and genetic mechanisms of obesity: implications for future management". *Current Molecular Medicine*, 3, pp. 325-340.
- Maes, Hermine H. *et al.* (1997). "Genetic and environmental factors in relative body weight and human adiposity". *Behavior Genetics*, 27, pp. 325-351.
- Mechanic, Jeffrey I. *et al.* (2017). "Adiposity-Based Chronic Disease as a new diagnostic term: The American Association of Clinical Endocrinologists and American College of Endocrinology position statement". *Endocrine Practice*, 23(3), pp. 372-378.
- Nelson, Tracy L. *et al.* (1999). "Genetic and environmental influences on waist-to hip ratio and waist circumference in an older Swedish twin population". *International Journal of Obesity and Related Metabolic Disorders*, 23, pp. 449-455.
- ____ (2002). "Genetic and environmental influences on body-fat measures among African-American twins". *Obesity Research*, 10(8), pp. 733-739.
- Peraza-González, Irma (2010). *Epidemiología genética de la obesidad en familias nucleares de Mazatlán* (tesis de maestría). Universidad Autónoma de Nuevo León, Monterrey.
- Rankinen, Tuomo *et al.* (2006). "The human obesity gene map: the 2005 update". *Obesity Research*, 14(4), pp. 529-644.
- Rose, Kathryn M. *et al.* (1998). "Genetic and behavioral determinants of waist-hip ratio and waist circumference in women twins". *Obesity Research*, 6(6), pp. 383-92.
- Sánchez-Castillo, Claudia P. *et al.* (2001). "Unusually high prevalence rates of obesity in four Mexican rural communities". *European Journal of Clinical Nutrition*, 55, pp. 833-40.
- ____ (2002). "Epidemiología de la obesidad". En Nahúm Méndez y Misael Uribe, *Obesidad, epidemiología, fisiopatología y manifestaciones clínicas* (pp. 5-31). México: El Manual Moderno.
- Secretaría de Salud (2001). *Programa Nacional de Salud 2001-2006*. México: Secretaría de Salud.
- Snyder, Emily E. *et al.* (2004). "The human obesity gene map: the 2003 update". *Obesity Research*, 12, pp. 369-439.
- Stunkard Albert J., y Thomas A. Wadden (eds.) (1993). *Obesity: theory and therapy* (2ª ed). Nueva York: Raven Press.
- Walder Ken *et al.* (2000). "An autosomal genomic scan for loci linked to plasma leptin concentration in Pima Indians". *International Journal of Obesity and Related Metabolic Disorders*, 24, pp. 559-565.

La inmunogenética más allá de la clínica: genes y patógenos que marcaron nuestra historia demográfica

Rodrigo Barquera Lozano*

ISSN: 2007-6851

p. 46-p. 58

Fecha de recepción del artículo: junio de 2018

Fecha de publicación: diciembre de 2018

Título del artículo en inglés: *Immunogenetics Beyond the Clinic: Genes and Pathogens that Marked Our Demographic History*

Resumen

Existe un número de condiciones clínicas asociadas con determinadas ancestrías, entre las cuales destaca la relación entre ciertos padecimientos autoinmunes y la ancestría nativa americana. Sin embargo, resulta lógico pensar que la presencia de estos padecimientos no fue seleccionada positivamente en el pasado y que las variantes relacionadas con estas afecciones fueron ventajosas en otro escenario. Los grupos nativos americanos tienen su origen en las poblaciones asiáticas. Tras dejar su continente de origen, viajaron a través de América y se encontraron con nuevos ambientes, animales y plantas, y por ello se expusieron a nuevos retos inmunes. La diversidad inicial en distintos genes se vio sometida a nuevas presiones selectivas al enfrentarse y adaptarse a una gran cantidad de microorganismos, muchos de los cuales posiblemente nunca habían enfrentado. Un caso particular de esta diversidad se aloja en los genes del sistema HLA, los cuales, a pesar de estar en proximidad, parecerían haber seguido historias evolutivas distintas. La pregunta obligada es: ¿la diversidad restringida en estos genes es el resultado de uno o más eventos adaptativos en América anteriores al siglo XVI, o somos testigos de uno de los más recientes ejemplos de selección natural en la historia de las poblaciones humanas?

Palabras clave: inmunogenética, genética de poblaciones, HLA, poblaciones nativas americanas, selección natural.

Abstract

There are a number of clinical conditions associated with certain ancestries, from which the relationship between specific autoimmune conditions and Native American ancestry stands out. However, it is logical to think that the presence of these conditions was not positively selected in the past and that the variants related to these conditions were advantageous in past scenarios. Native American groups have their origin in Asian populations. After leaving their continent of origin, they traveled throughout the Americas and found new environments, animals, and plants, and therefore were exposed to new immune challenges. The initial diversity in different genes was subject to new selective pressures when confronted and adapted to a large number of microorganisms, many of which they had possibly never faced before. A particular case of this diversity is in the genes of the HLA system, which, despite being in proximity, would seem to have followed different evolutionary histories. The compelling question is: Is the restricted diversity in these genes the result of one or more adaptive events in the Americas prior to the 16th century, or are we witnessing one of the most recent examples of natural selection in the history of human populations?

Keywords: immunogenetics, population genetics, HLA, Native American populations, natural selection.

* Department of Archaeogenetics, Max Planck Institute for the Science of Human History, Jena, Alemania/Laboratorio de Genética Molecular, Escuela Nacional de Antropología e Historia-INAH, Ciudad de México, México (barquera@shh.mpg.de).

La diferencia en la prevalencia y severidad de distintas condiciones autoinmunes en varias poblaciones definidas étnica o geográficamente es un fenómeno bien documentado (Peschken y Esdaile, 1999; Pons-Estel *et al.*, 2004; Ramírez Gómez *et al.*, 2008; López Herráez *et al.*, 2013). En el caso de las poblaciones nativas americanas y sus descendientes, se ha observado que existe una mayor predisposición a padecer condiciones tales como artritis reumatoide, lupus eritematoso sistémico, enfermedades del tejido conectivo y espondiloartropatías (Peschken y Esdaile, 1999; Sanchez *et al.*, 2010; Palafox *et al.*, 2016), entre otras. Sin embargo, resulta poco acertado pensar que esta alta prevalencia de enfermedades y condiciones autoinmunes ha sido una constante en la historia epidemiológica de las poblaciones nativas americanas sin que haya representado una ventaja adaptativa en algún momento. Resulta obvio pensar que, si se trata de condiciones autoinmunes con un componente genético de fondo, entonces debe haber genes de respuesta inmune involucrados y, por tanto, que las variantes que hoy representan un mayor riesgo de desarrollar un cuadro autoinmune en el pasado debieron representar una ventaja para sus portadores frente a retos inmunes. Sin embargo, más allá de estas importantes observaciones clínicas, ciertas preguntas se erigen sobre los hechos anteriormente expuestos.

¿De dónde se originan las poblaciones nativas americanas? ¿Qué tienen de particular que su genética las predispone a padecer de estas condiciones con más frecuencia que otros grupos humanos? ¿Es esta hiperreactividad inmune una forma de contrarrestar la limitada diversidad biológica en los genes de respuesta inmune observada en las poblaciones nativas de América? ¿La limitada variedad de alelos observada en los genes del sistema HLA, particularmente en los denominados genes de clase II, deriva de sendos procesos de adaptación a microorganismos presentes en un continente inmunológicamente desconocido para nuestros ancestros, o es el reflejo de las batallas biológicas a las que tuvieron que hacer frente los organismos de las poblaciones americanas cuando se expusieron por vez primera a los patógenos traídos al continente durante los procesos de conquista y colonización de América durante los siglos XVI al XVIII? Y, finalmente, ¿qué identidad biológica tenían estos patógenos?

¿De quién descienden las poblaciones nativas americanas?

Probablemente los grupos nativos americanos tienen su origen en individuos descendientes de poblaciones del este de Asia que llegaron al continente americano hace 15 000 o 30 000 años procedentes de Beringia,¹ la cual —se estima— fue poblada entre 15 000 y 60 000 años atrás. El colapso de las placas de hielo hace 14 000 o 20 000 años aisló Beringia del resto del mundo por

1. Beringia se define hoy en día como el área de tierra emergida durante el último máximo glacial, comprendida entre el río Lena (Rusia), el río Mackenzie (Canadá), el mar de Chukchi en el norte y la península de Kamchatka al sur. En esa época (hace 16 500 años), el puente de tierra formado por el descenso en el nivel del mar ocasionado por la acumulación de agua en las placas de hielo permitió el paso de plantas y animales, entre ellos nuestra especie, desde el noreste de Asia hacia Beringia y últimamente hacia el noroeste del continente americano, quizá siguiendo una ruta costera (Callaway, 2016; Pedersen *et al.*, 2016).

entre 2000 y 2600 años, en lo que se conoce como la “incubación en Beringia” (Salzano, 2002; Tamm *et al.*, 2007).

Tras dejar Beringia, posiblemente los grupos humanos siguieron una ruta costera hacia el sur, con algunos grupos migrando por el corredor libre de hielo de Alberta (Wang *et al.*, 2007). La evidencia permite observar que la singular diversidad biológica exhibida por todos los individuos nativos americanos, pasados o presentes, desciende de aquélla de los primeros humanos que llegaron al continente en una sola migración o en múltiples oleadas de una sola fuente, en vez de varias olas migratorias procedentes de distintas fuentes (Salzano, 2002; Wang *et al.*, 2007). Estos eventos podrían llevar a la conclusión de que la variabilidad biológica encontrada en las poblaciones nativas americanas se encuentra severamente restringida, pero diversos estudios a nivel de DNA mitocondrial (Bortolini y Salzano, 1996) e incluso a nivel de genoma (Moreno *et al.*, 2014) muestran que la diversidad total es del mismo orden de magnitud que la observada en otros grupos humanos, e incluso los grupos nativos americanos presentan un grado de variabilidad intrapoblacional superior al observado en cualquier otra población a nivel mundial.

Los genes de respuesta inmune: estructura y función

El sistema HLA o antígenos de leucocitos humanos (en inglés, *human leukocyte antigen*) es una familia de genes localizada en el brazo corto del cromosoma 6 humano (6p21) que codifica para proteínas de respuesta inmune, entre las cuales destacan los presentadores antigénicos de clase I y clase II. Las moléculas codificadas por los genes de clase I consisten en una cadena α unida no covalentemente a la β 2-microglobulina, mientras que las moléculas de clase II constan de cadenas α y β asociadas entre sí, también unidas no covalentemente. Ambas poseen un dominio extracelular, una porción transmembranal y una cola intracitoplásmica. Aunque su función principal es la de detonar la respuesta inmune tras la presentación de péptidos a los linfocitos T, su vasta diversidad los convierte en antígenos de interés en el trasplante tanto de órgano sólido como de precursores hematopoyéticos.

Más recientemente el sistema se ha asociado a distintas condiciones autoinmunes y reacciones adversas a fármacos, y se ha empleado como estimador de ancestría en genética de poblaciones (Barquera, 2012). Los genes de la denominada clase I poseen tres representantes bien conocidos y de importancia clínica: HLA-A, HLA-B y HLA-C. Todos ellos codifican proteínas de superficie involucradas en la presentación de antígenos endógenos (esto es, que fueron sintetizados dentro de la célula que los presenta) y son esenciales en la lucha contra infecciones virales y cáncer. Los genes de clase II son un poco más complejos en su estructura, pues cada molécula presentadora está formada —como ya se detalló— por dos cadenas, cada una de ellas codificada por un gen distinto. Así, tenemos que la cadena α se encuentra codificada por los genes A (HLA-DPA1, HLA-DQA1 y HLA-DRA1) mientras que la cadena β , la más variable, se sintetiza a partir de la información de los genes B (HLA-DPB1, HLA-DQB1 y HLA-DRB1).

En su conjunto, los genes HLA comprenden una de las regiones más diversas del genoma de nuestra especie y esto es entendible, pues de su diversidad depende el espectro de péptidos que es posible presentar al sistema inmune para comenzar una respuesta inmune; por tanto, entre más restringida se vea la diversidad del sistema, tanto más supone un riesgo para la población en términos de capacidad de hacer frente a un patógeno o a un grupo de ellos. En este sistema en particular, los nuevos alelos se generan preferentemente a partir de la recombinación de alelos existentes y no por mutaciones puntuales (Von Salomé *et al.*, 2007). Esto da lugar a la formación de una diversificación distintiva en cada linaje alélico. Es decir, alelos de grupos humanos relacionados tienden a parecerse, pues son producto de la diversificación de un acervo genético común.

El intercambio de segmentos génicos, aun si ocurre a una tasa menor que la observada en mutaciones puntuales, puede ser crucial en el desarrollo de resistencia a enfermedades infecciosas, dado que la probabilidad de que una variante adaptativa sea útil es mayor cuando el segmento intercambiado ya forma parte de una estructura validada evolutivamente, en oposición a una mutación aleatoria cuyo efecto es absolutamente desconocido.

Por su parte, tras analizar poblaciones humanas de todo el mundo se ha detectado una fuerte correlación negativa entre la presencia de variantes “activadoras” de los denominados genes KIR (*killer immunoglobulin-like receptor*, o receptor tipo inmunoglobulina de células asesinas naturales, también conocidas como NK) y sus ligandos correspondientes (moléculas HLA-B y HLA-C). Esta correlación es particularmente evidente entre las variantes BW4-80Ile² del gen HLA-B y KIR3DS1 (Single *et al.*, 2007). Por otro lado, se han encontrado algunas asociaciones positivas, aunque débiles, entre genes KIR inhibidores y sus ligandos del sistema HLA. Asimismo, se ha observado una correlación negativa entre la distancia desde el este de África y la frecuencia de genes KIR activadores y sus ligandos correspondientes, lo que ha dado lugar a la suposición de que los genes activadores del sistema KIR están más implicados en la coevolución entre los sistemas genéticos KIR y HLA (Single *et al.*, 2007).

La diversidad del sistema HLA en las poblaciones nativas americanas

El estudio de alelos específicos o característicos de determinadas poblaciones nativas americanas muestra una diversidad restringida: cuatro grupos alélicos principales de HLA-A (HLA-A*02, A*24, A*31 y A*68); siete de HLA-B (HLA-B*15, B*35, B*39, B*40, B*48, B*51 y B*52); los seis alelos de HLA-C ligados al HLA-B (HLA-C*01, C*03, C*04, C*07, C*08 y C*15); cuatro grupos alélicos del gen HLA-DRB1 (HLA-DRB1*04, DRB1*08, DRB1*14 y DRB1*16, y un quinto grupo alélico DRB1*09 en algunas poblaciones de América del Sur); tres grupos del gen HLA-DQA1 (HLA-DQA1*03, DQA1*04 y DQA1*05); y dos del gen HLA-DQB1 (HLA-DQB1*03 y DQB1*04).

2. BW4 se refiere a la superfamilia de alelos del gen *HLA-B* que posee una secuencia distintiva de aminoácidos entre las posiciones 77-83 de la secuencia de la proteína. La otra superfamilia se conoce como BW6. Por la secuencia comprendida entre estas posiciones, todos los alelos de *HLA-B* pertenecen, a la familia BW4 o BW6 [Lutz, 2014]. En este caso en particular, se refiere a los alelos de la superfamilia BW4 que poseen una isoleucina (Ile) en la posición 80.

Estos últimos tres genes son parte de la denominada clase II del sistema HLA y se encuentran en alto desequilibrio de ligamiento; debido a este hecho, su diversidad se encuentra restringida parcialmente. A pesar del limitado número de grupos alélicos, se observa una gran cantidad de alelos de cada linaje. Varios de esos alelos no se pueden encontrar en otras poblaciones, ya sea de ancestría mixta³ u otras poblaciones nativas americanas, pero de distinto origen geográfico, o incluso cuyas lenguas pertenecen a otro grupo lingüístico. Por tal razón se puede pensar que estos alelos se generaron en el continente americano o durante el tránsito, a través del estrecho de Bering, de las poblaciones que dieron origen a los grupos nativos americanos desde el noreste de Asia hacia América.

La forma en que se generó tal diversidad ha sido objeto de debate y actualmente se postula que la conversión génica pudo ser el mecanismo principal para la generación de los alelos “nativos americanos”, dado que casi todos los alelos nuevos difieren de otros alelos en el mismo linaje en mutaciones puntuales que derivan en sustituciones de aminoácidos en residuos localizados en las regiones de la proteína que forman parte del denominado sitio de unión al péptido (revisado en Barquera, 2012), lo que les brindaría nuevas capacidades de unión a péptidos, situación útil en el caso de enfrentar nuevos patógenos en ambientes novedosos (Fernández Viña *et al.*, 2012).

¿Qué tan restringida es esta diversidad comparada con otros grupos humanos? El reflejo del polimorfismo limitado en los genes HLA posiblemente sea un reflejo del número y la diversidad presente en las poblaciones que eventualmente dieron origen a los grupos nativos americanos. En estudios realizados en genes HLA de clase I (Belich *et al.*, 1992; Watkins *et al.*, 1992) se demostró que la secuencia de nucleótidos en alelos del gen HLA-B encontrados en diferentes poblaciones aisladas lingüística y culturalmente eran distintos a cualquier otra población estudiada hasta el momento. No es sorprendente que el mismo gen presente importantes huellas evolutivas tras su entrada al continente y particularmente después de su introducción al subcontinente sudamericano (Watkins *et al.*, 1992). Al estudiar poblaciones nativas de América del Norte y América del Sur se observó un fenómeno tan interesante como inesperado. Al parecer, la estrategia del sistema no es la de incorporar nuevas variantes a la diversidad existente, sino el reemplazo con variantes nuevas; debido a esto la diversidad total no se vería incrementada con la generación de nuevos alelos, sino más bien completamente sustituida con el paso del tiempo (Parham *et al.*, 1997).

Algunos patógenos candidatos

Distintos patógenos fueron responsables de la diversidad genética observada hoy en día en los grupos nativos americanos. Entre los que pudieron definir la diversidad característica de las poblaciones nativas americanas se encuentran algunos patógenos “clásicos” como el complejo

3. Poblaciones descendientes de los procesos de mestizaje entre las poblaciones nativas americanas y las que llegaron al continente americano tras el inicio de los procesos coloniales de los siglos XVI al XVIII.

Mycobacterium tuberculosis, que ha acompañado a la humanidad desde su salida del este de África (Wirth *et al.*, 2008). A pesar de que la infección por tuberculosis en América ocurre hoy principalmente por cepas europeas (Hershberg *et al.*, 2008), la micobacteria ya existía en épocas prehispánicas y causaba el mismo cuadro clínico que en la actualidad, aunque no pertenecía al mismo clado que las cepas modernas. La recuperación de secuencias de *M. tuberculosis* a partir de restos momificados y esqueletos del Perú prehispánico (Salo *et al.*, 1994; Bos *et al.*, 2014) permitió no sólo determinar la presencia del patógeno con anterioridad al contacto con europeos en el siglo XVI, sino establecer la especie que la causaba: *Mycobacterium pinnipedii* (Bos *et al.*, 2014), la cual no es la misma que la causante del cuadro clínico actual.

En el periodo de contacto, una gran cantidad de patógenos, a los que posiblemente las poblaciones nativas americanas no habían enfrentado hasta la llegada de los conquistadores europeos, son sospechosos de haber causado la debacle de las poblaciones indígenas y, en consecuencia, los hipotéticos cambios en la estructura (inmuno)genética de estas poblaciones. Entre los principales candidatos se cuentan los virus causantes de la viruela, el sarampión, las paperas y la influenza (Crosby, 1976; Acuña-Soto *et al.*, 2004).

Trabajos recientes han colocado nuevos nombres en la lista. Tal es el caso de *Salmonella enterica* Paratyphi C, que fue encontrada en un cementerio posterior al contacto en Oaxaca, específicamente en Teposcolula Yucundaa, y coincide temporalmente con una epidemia que azotó el centro de la naciente Nueva España hacia 1545-1550 (Vågene *et al.*, 2018). La recuperación de genomas completos de esta bacteria a partir del análisis de diez esqueletos, posiblemente de individuos mixtecos, enterrados en la Gran Plaza en Teposcolula en el periodo posterior al contacto, pero su ausencia en cinco esqueletos de la época prehispánica encontrados en la misma región, así como en muestras de suelo para descartar contaminación ambiental, prueba que si bien la *Salmonella enterica* Paratyphi C podría no ser el agente patógeno al que se denominaba *cocoliztli*,⁴ ésta se encontraba en circulación durante la misma época en que se presentó esa epidemia. Si partimos del supuesto de que una epidemia de las proporciones vistas durante el comienzo de la Colonia debería haber sido causada por un patógeno extraño para los pobladores nativos, entonces *S. enterica* Paratyphi C debería haber llegado junto con los españoles y no estar presente en América antes del periodo de contacto. La posibilidad de volverse un portador asintomático en la infección crónica por *S. enterica* (Monack *et al.*, 2004) y la presencia de la bacteria (específicamente, de *S. enterica* Paratyphi C) en Europa antes del periodo de contacto (ca. 1200 d. C.) (Zhou *et al.*, 2017), apuntan al hipotético viajero trasatlántico en la contienda por un puesto en la lista de patógenos que moldearon nuestra estructura genética a nivel de sistema inmune.

4. El *cocoliztli* (en español, enfermedad, mal, peste, epidemia) fue una enfermedad que afectó a las poblaciones nativas de la Nueva España, tras la llegada de los conquistadores españoles. Debido a epidemias de diversas enfermedades, entre ellas la viruela, el sarampión y el *cocoliztli* las poblaciones nativas sufrieron un colapso demográfico. Se ha propuesto que el *cocoliztli* era una fiebre hemorrágica viral de origen desconocido. Estudios recientes han lanzado la hipótesis de que la *Salmonella enterica* Paratyphi C fue el agente patógeno causal de esta enfermedad.

Sin embargo, el principal causante de la relativamente baja diversidad observada en los grupos nativos americanos, al menos para el caso de México, podría ser un desconocido. El ya mencionado *cocoliztli*, *Huey cocoliztli* o “gran pestilencia” arrasó con las poblaciones nativas de México entre los siglos XVI y XVIII, sobre todo durante el primer siglo de la época colonial. Tal vez la epidemia más letal jamás registrada en el territorio que hoy ocupa México, el *cocoliztli* acabó con la vida de entre 12 y 15 millones de personas, de las cerca de 20 millones que había al momento de la llegada de los conquistadores (Acuña-Soto *et al.*, 2002). Tres factores hacen de esta enfermedad el secreto mejor guardado de la paleoepidemiología hasta nuestros días: *a)* al momento de las primeras epidemias, tanto para los españoles como para los grupos indígenas la enfermedad era desconocida, y el escaso conocimiento y una incipiente metodología médica en la época hacen muy difícil establecer un diagnóstico basado en las descripciones de ambos grupos que se encuentran en los códices indígenas y en los relatos de los médicos de la Colonia (Hernández, *ca.* 1576, citado por Somolinos, 1956); *b)* las actuales aproximaciones analíticas para la recuperación de material biológico que permita establecer la identidad del patógeno se ven oscurecidas por la dificultad de recuperar material genético analizable que permita establecer la posibilidad de que fuera un virus con material genético constituido por RNA o la opción de que fuera un consorcio microbiano en vez de un único patógeno; *c)* sea cual sea la identidad de el o los patógenos, estamos ante una enfermedad que devastó a una gran proporción del territorio nacional y acabó con la mayoría de sus habitantes, para después desaparecer sin dejar rastro, y no regresar en más de 200 años, aparentemente sin presentar ningún otro brote en otras partes del mundo, dejando como único vestigio de su existencia algunos documentos y entierros masivos en los lugares afectados. ¿Cómo es que tan eficiente patógeno causó una epidemia de semejantes proporciones para después extinguirse? Algunos autores aseguran que éste no es el final de la historia y que, en algún lugar, el misterioso patógeno está esperando pacientemente, en búsqueda de una oportunidad para reemerger (Acuña-Soto *et al.*, 2000, 2002 y 2004).

Aunque haya existido una gran cantidad de patógenos causantes de infecciones de transmisión sexual desde principios de la Colonia y durante todo ese periodo de nuestra historia (Conde-González *et al.*, 1993; Márquez y Meza, 2015), parece poco probable que éstos hayan sido un factor fundamental en la actual diversidad observada en las poblaciones nativas americanas, aunque no se puede descartar su participación.

El panorama completo

Como hemos visto, la diversidad exhibida en los genes de respuesta inmune es un reflejo de las complejas historias demográficas y epidemiológicas de los habitantes del continente antes de la Conquista, durante ésta y a través de toda la Colonia. Las poblaciones nativas americanas sufrieron la mencionada disminución demográfica tras el contacto con las poblaciones europeas y africanas

durante la Conquista e inicios de la Colonia. Esta caída en el número de pobladores nativos americanos se debió a un conjunto de factores que involucraron las guerras de conquista, los profundos cambios en la estructura social y los modos y medios de producción introducidos por los colonizadores, las hambrunas provocadas por los cambios mencionados y fenómenos climatológicos, y el contacto con una gama extraordinaria de patógenos que llegaron desde el denominado Viejo Mundo, que tomaron por sorpresa a los sistemas inmunes americanos (Thornton, 1997; Marr y Kiracofe, 2000; Acuña-Soto *et al.*, 2004; Lindo *et al.*, 2016).

Pero poco sabemos de los procesos que ocurrían u ocurrieron antes de la llegada de los europeos a América. Se puede especular razonablemente que una gran cantidad de patógenos moldearon la diversidad de las poblaciones nativas americanas antes de la llegada de los denominados patógenos del Viejo Mundo, pero más allá de la evidencia presentada por la recuperación de micobacterias a partir de restos óseos de contextos prehispánicos, poco podemos asegurar. Posiblemente los cambios en los modos de producción y las alteraciones a la estructura social hayan sido los impactos más importantes que provocaron o facilitaron las epidemias que diezmaron a las comunidades indígenas. Como se observa en el estudio de Teposcolula (Vågene *et al.*, 2018), luego del empleo de la misma metodología para dos grupos de individuos antes y después del contacto europeo de inicios del siglo XVI, no se aprecia una cantidad importante de patógenos antes de la conquista, o al menos no los hemos encontrado aún.

Con la llegada de los análisis de asociación a nivel de genoma completo (*genome-wide association study*, GWAS; o *whole genome association study*, WGAS), muchas asociaciones previamente reportadas para los genes HLA se han confirmado y otras más se han refutado o relocalizado dentro del mismo contexto genómico, pero en una posición distinta. En uno de esos estudios, Sarah Dunstan *et al.* (2014) encontraron una asociación entre el SNP⁵ rs7765379 y la resistencia a padecer fiebre entérica, enfermedad ocasionada por infección sistémica provocada por *Salmonella enterica* Typhi o Paratyphi, serovariedades A, B o C (Buckle *et al.*, 2012). El estudio, realizado por triplicado en tres observaciones independientes, mostró que el alelo HLA-DRB1*04:05, en fuerte desequilibrio de ligamiento con rs7765379, explicaba los casos de resistencia, posiblemente a través del mecanismo de presentación antigénica. Este resultado adquiere relevancia cuando se analiza a la luz de la distribución de los alelos del grupo DRB1*04 a nivel mundial (figura 1), los cuales muestran un pico de frecuencia en las zonas afectadas por las epidemias en América, seguidos de las zonas del sureste de Asia que coinciden con el estudio de Sarah Dunstan *et al.* (2014) y frecuencias menores pero aún destacables en Europa. La presencia del alelo de resistencia a la infección por *S. enterica* en alta frecuencia en las zonas afectadas por el *cocoliztli* suena como una tentadora opción para explorar más contextos, alelos y mecanismos que permitan declarar culpable a la enterobacteria como agente causal de la devastadora epidemia.

5. SNP son las siglas en inglés de polimorfismo de un solo nucleótido, que hace referencia a mutaciones que son únicamente un cambio en uno de los nucleótidos con respecto a una secuencia consenso.

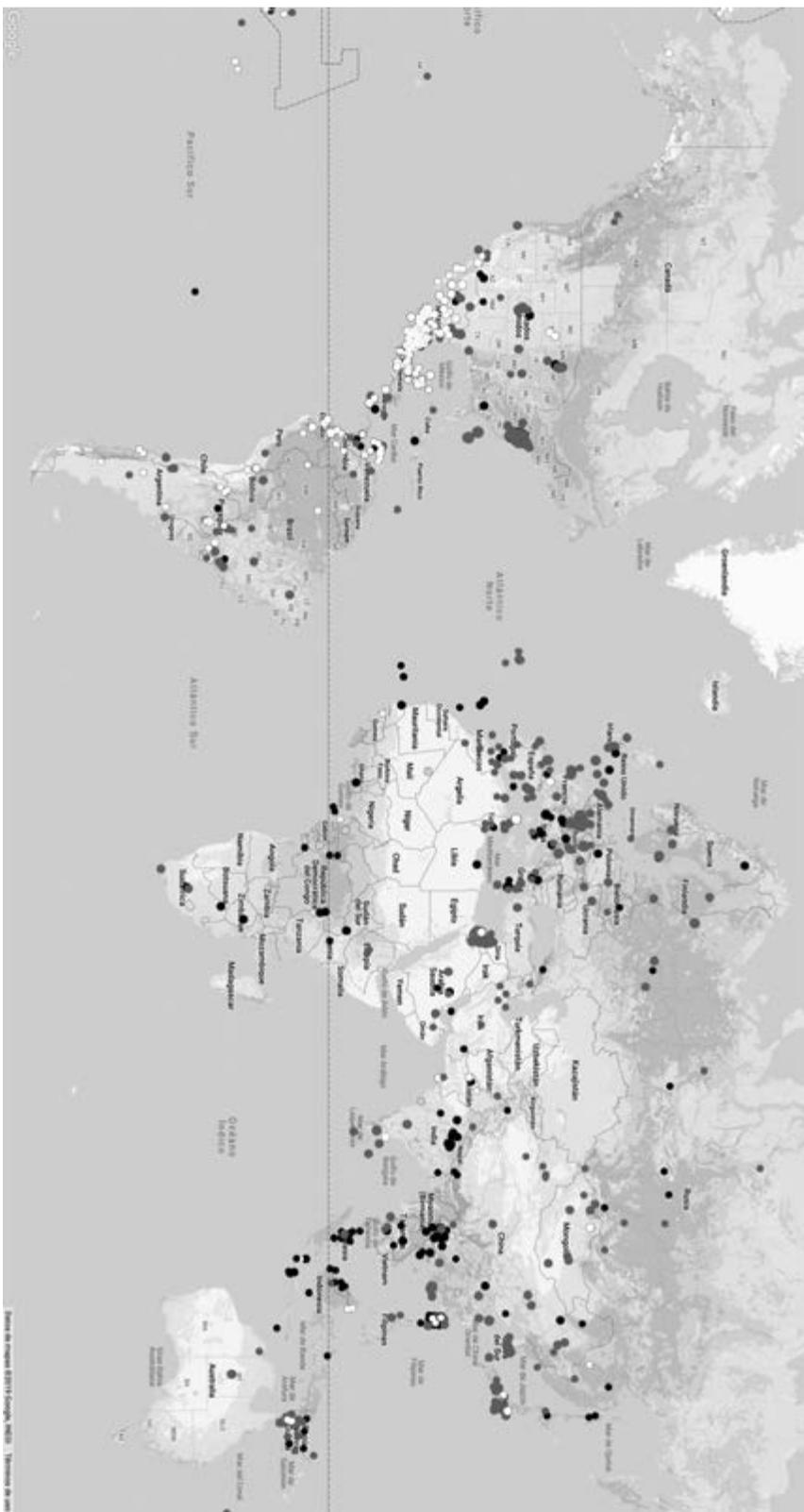


Figura 1. Distribución de los alelos del grupo HLA-DRB1*04 a nivel mundial. En negro se denotan las poblaciones muestreadas para las que la frecuencia fluctúa entre 0 y 10%, en gris las poblaciones en las que los alelos se encuentran presentes entre 10 y 25% de la población y en blanco para aquellas poblaciones en las que la frecuencia supera 25% y alcanza valores cercanos a 100% (con datos de González-Galarza et al., 2015).

Empero, el caso de la elevada presencia de alelos del grupo HLA-DRB1*04 entre las poblaciones nativas americanas también podría explicarse por la asociación de este grupo alélico, en conjunto con HLA-DRB1*08 y DQB1*04:02 (en desequilibrio de ligamiento con DRB1*08) con la resistencia a la infección pulmonar por *M. tuberculosis* y la infección por *M. leprae* en pacientes mexicanos (Terán-Escandón *et al.*, 1999; Escamilla-Tilch *et al.*, 2013). Si bien no hay un mecanismo molecular propuesto para tal elevación en la frecuencia, esto podría deberse a una mejor presentación de péptidos de la bacteria, pero también a la disminución de alelos de susceptibilidad en las poblaciones nativas americanas en respuesta a la presencia de micobacterias en el medio ambiente. Resulta interesante observar que existen numerosos estudios que demuestran que un grupo alélico DRB1*15 y un alelo DQB1*05:03 de la clase II han sido asociados con la susceptibilidad a la infección por micobacterias no sólo del complejo *M. tuberculosis*, sino también de *M. leprae* (Bothamley *et al.*, 1989; Khomenko *et al.*, 1990; Goldfeld *et al.*, 1998; Terán-Escandón *et al.*, 1999; Delgado *et al.*, 2006; Krause-Kyora *et al.*, 2018) y ambos son bastante frecuentes en el este de Asia (González-Galarza *et al.*, 2015). Esto supondría que bacterias del complejo *M. tuberculosis* ejercieron presión selectiva sobre los alelos de HLA de clase II tras la entrada de seres humanos al continente americano, pero a lo largo de varias generaciones todo rastro de estos alelos pudo haberse desvanecido en las poblaciones nativas americanas.

Sin embargo, no podemos asegurar que esta variabilidad en la clase II esté definida exclusivamente por la respuesta a bacterias, puesto que las moléculas de clase II también se han encontrado asociadas a la capacidad de respuesta humoral (es decir, mediante la secreción de anticuerpos específicos) contra virus comunes y no tan comunes, tales como Chikungunya, influenza A, Epstein-Barr y poliomavirus (Chaaithanya *et al.*, 2013; Hammer *et al.*, 2015), lo que no descarta que las señales observadas a partir del análisis de los genes HLA de clase II sean resultado de la presión selectiva ejercida por infecciones virales, como las que hipotéticamente pudieron haber causado las grandes epidemias durante los primeros años de la época colonial (Marr y Kiracofe, 2000).

Para concluir, debemos decir que futuros trabajos deberán enfocarse en aproximaciones metodológicas novedosas y abordajes completos antes de emitir un veredicto sobre la o las causas de la (aparentemente) reducida diversidad en el sistema inmune de los grupos nativos americanos. Es posible que un abordaje desde la coevolución de un grupo de patógenos (Spyrou *et al.*, 2019), en conjunto con análisis exhaustivo en los genes de respuesta inmune en su contexto genómico, sea de más utilidad para entender los procesos de salud-enfermedad en las poblaciones nativas americanas y la forma en que conquistaron un nuevo continente, sobrevivieron a la colonización de patógenos importados del Viejo Mundo y atravesaron la época colonial para llegar hasta nuestros días con tan limitada diversidad inmune.

Bibliografía

- Acuña-Soto, Rodolfo *et al.* (2000). "Large epidemics of hemorrhagic fevers in Mexico 1545-1815". *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 62(6), pp. 733-739.
- ____ (2002). "Megadrought and megadeath in 16th century Mexico". *Emerging Infectious Diseases*, 8(4), pp. 360-362.
- ____ (2004). "When half of the population died: The epidemic of hemorrhagic fevers of 1576 in Mexico". *FEMS Microbiology Letters*, 240(1), pp. 1-5.
- Barquera, Rodrigo (2012). "El papel de la genética de poblaciones en la inmunología del trasplante en México". *Gaceta Médica de México*, 148(1), pp. 52-67.
- Belich, Mônica P. *et al.* (1992). "Unusual HLA-B alleles in two tribes of Brazilian Indians". *Nature*, 357(6376), pp. 326-329.
- Bortolini, Maria Cátira, y Francisco M. Salzano (1996). "mtDNA diversity analysis in Amerindians and other human populations – how different are they?" *Revista Brasileira de Genética*, 19(3), pp. 527-534.
- Bos, Kirsten I. *et al.* (2014). "Pre-Columbian mycobacterial genomes reveal seals as a source of New World human tuberculosis". *Nature*, 514(7523), pp. 494-497.
- Bothamley, Graham H. *et al.* (1989). "Association of tuberculosis and *M. tuberculosis*-specific antibody levels with HLA". *Journal of Infectious Diseases*, 195(3), pp. 549-555.
- Buckle, Geoffrey C. *et al.* (2012). "Typhoid fever and paratyphoid fever: Systematic review to estimate global morbidity and mortality for 2010". *Journal of Global Health*, 2(1), p. 10401.
- Callaway, Ewen (2016). "Plant and animal DNA suggests first Americans took the coastal route". *Nature*, 536(7615), p. 138.
- Chaaithanya, Itta Krishna *et al.* (2013). "HLA class II allele polymorphism in an outbreak of chikungunya fever in Middle Andaman, India". *Immunology*, 140(2), pp. 202-210.
- Conde-González, Carlos J. *et al.* (1993). "Historical account of venereal diseases in Mexico". *Genitourinary Medicine*, 69(6), pp. 462-466.
- Crosby, Alfred W. (1976). "Virgin soil epidemics as a factor in the aboriginal depopulation in America". *The William and Mary Quarterly*, 33(2), pp. 289-299.
- Delgado, Julio C. *et al.* (2006). "Aspartic acid homozygosity at codon 57 of HLA-DQ beta is associated with susceptibility to pulmonary tuberculosis in Cambodia". *The Journal of Immunology*, 176(2), pp. 1090-1097.
- Dunstan, Sarah J. *et al.* (2014). "Variation at *HLA-DRB1* is associated with resistance to enteric fever". *Nature Genetics*, 46(12), pp. 1333-1336.
- Escamilla-Tilch, Mónica *et al.* (2013). "Association of genetic polymorphism of *HLA-DRB1* antigens with the susceptibility to lepromatous leprosy". *Biomedical Reports*, 1(6), pp. 945-949.
- Fernández Viña, Marcelo A. *et al.* (2012). "Tracking human migrations by the analysis of the distribution of HLA alleles, lineages and haplotypes in closed and open populations". *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 367, pp. 820-829.

- Goldfeld, Anne E. *et al.* (1998). "Association of an HLA-DQ allele with clinical tuberculosis". *Journal of the American Medical Association*, 279(3), pp. 226-228.
- González-Galarza, Faviel F. *et al.* (2015). "Allele frequency net 2015 update: New features for HLA epitopes, KIR and disease and HLA adverse drug reaction associations". *Nucleic Acids Research*, 43, (núm. especial de bases de datos), pp. D784-D788.
- Hammer, Christian *et al.* (2015). "Amino acid variation in HLA class II proteins is a major determinant of humoral response to common viruses". *The American Journal of Human Genetics*, 97(5), pp. 738-43.
- Hershberg, Ruth *et al.* (2008). "High functional diversity in *Mycobacterium tuberculosis* driven by genetic drift and human demography". *PLOS Biology*, 6(12), p. e311.
- Khomenko, A. G. *et al.* (1990). "Tuberculosis in patients with various HLA phenotypes". *Tubercle*, 71(3), pp. 187-192.
- Krause-Kyora, Ben *et al.* (2018). "Ancient DNA study reveals HLA susceptibility locus for leprosy in medieval Europeans". *Nature Communications*, 9(1), p. 1569.
- Lindo, John *et al.* (2016). "A time transect of exomes from a Native American population before and after European contact". *Nature Communications*, 7, p. 13175.
- López Herráez, David *et al.* (2013). "Rheumatoid arthritis in Latin Americans enriched for Amerindian ancestry is associated with loci in chromosomes 1, 12, and 13, and the HLA class II region". *Arthritis & Rheumatology*, 65(6), pp. 1457-1467.
- Lutz, Charles T. (2014). "HLA BW4 and BW6 epitopes recognized by antibodies and Natural Killer cells". *Current Opinion in Organ Transplantation*, 18(4), pp. 436-441.
- Márquez Morfín, Lourdes, y Margarita Meza Manzanilla (2015). "Sífilis en la Ciudad de México: análisis osteopatológico". *Cuicuilco*, 22, pp. 89-126.
- Marr, John S., y James B. Kiracofe (2000). "Was the *huey cocoliztli* a haemorrhagic fever?". *Medical History*, 44(3), pp. 341-362.
- Monack, Denise M. *et al.* (2004). "Persistent bacterial infections: The interface of the pathogen and the host immune system". *Nature Reviews Microbiology*, 2(9), pp. 747-765.
- Moreno-Estrada, Andrés *et al.* (2014). "The genetics of Mexico recapitulates Native American substructure and affects biomedical traits". *Science*, 344(6189), pp. 1280-1285.
- Palafox, Damián *et al.* (2016). "Determinación de HLA en pacientes con Síndrome de Parry Romberg atendidos en el Servicio de Cirugía Plástica y Reconstructiva del Hospital General 'Dr. Manuel Gea González'". *Cirugía Plástica Ibero-Latinoamericana*, 42(2), pp. 115-120.
- Parham, P. *et al.* (1997). "Episodic evolution and turnover of HLA-B in the indigenous human populations of the Americas". *Tissue Antigens*, 50(3), pp. 219-232.
- Pedersen, Mikkel W. *et al.* (2016). "Postglacial viability and colonization in North America's ice-free corridor". *Nature*, 537(7618), pp. 45-49.
- Peschken, Christine A., y John M. Esdaile (1999). "Rheumatic diseases in North America's indigenous peoples". *Seminars in Arthritis and Rheumatism*, 28(6), pp. 368-391.

- Pons-Estel, Bernardo A. *et al.* (2004). "The GLADEL multinational Latin American prospective inception cohort of 1,214 patients with systemic lupus erythematosus: ethnic and disease heterogeneity among 'Hispanics'". *Medicine*, 83(1), pp. 1-17.
- Ramírez Gómez, L. A. *et al.* (2008). "Childhood systemic lupus erythematosus in Latin America. The GLADEL experience in 230 children". *Lupus*, 17(6), pp. 596-604.
- Salo, Wilmar L. *et al.* (1994). "Identification of *Mycobacterium tuberculosis* DNA in a pre-Columbian Peruvian mummy". *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 91(6), pp. 2091-2094.
- Salomé, Jenny von *et al.* (2007). "Full-length sequence analysis of the *HLA-DRB1* locus suggests a recent origin of alleles". *Immunogenetics*, 59(4), pp. 261-271.
- Salzano, Francisco M. (2002). "Molecular variability in Amerindians: Widespread but uneven information". *Anais da Academia Brasileira de Ciências*, 74(2), pp. 223-263.
- Sanchez, Elena *et al.* (2010). "Genetically determined Amerindian ancestry correlates with increased frequency of risk alleles for systemic lupus erythematosus". *Arthritis & Rheumatology*, 62(12), pp. 3722-3729.
- Single, Richard M. *et al.* (2007). "Global diversity and evidence for coevolution of KIR and HLA". *Nature Genetics*, 39(9), pp. 1114-1119.
- Somolinos d'Ardois, Germán (1956 / 2015). "El manuscrito sobre el cocoliztli". En *Francisco Hernández [Obras completas, t. IV]* pp. 475-480. México: UNAM.
- Spyrou, Maria A. *et al.* (2019). "Ancient pathogen genomics as an emerging tool for infectious disease research". *Nature Reviews Genetics*, 20, pp. 323-340.
- Tamm, Erika *et al.* (2007). "Beringian standstill and spread of Native American founders". *PLoS One*, 2(9), p. e829.
- Terán-Escandón, David *et al.* (1999) "Human leukocyte antigen-associated susceptibility to pulmonary tuberculosis: Molecular analysis of class II alleles by DNA amplification and oligonucleotide hybridization in Mexican patients. *Chest*, 115(2), pp. 428-433.
- Thornton, Russell (1997). "Aboriginal North American population and rates of decline, ca. a.d. 1500-1901". *Current Anthropology*, 38, pp. 310-315.
- Vågene, Åshild J. *et al.* (2018). "Salmonella enterica genomes from victims of a major sixteenth-century epidemic in Mexico". *Nature Ecology & Evolution*, 2(3), pp. 520-528.
- Wang, Sijia *et al.* (2007). "Genetic variation and population structure in Native Americans". *PLOS Genetics*, 3(11), p. e185.
- Watkins, David I. *et al.* (1992). "New recombinant HLA-B alleles in a tribe of South American Amerindians indicate rapid evolution of MHC class I loci". *Nature*, 357(6376), pp. 329-333.
- Wirth, Thierry *et al.* (2008). "Origin, spread and demography of the *Mycobacterium tuberculosis* complex". *PLOS Pathogens*, 4(9), p. e1000160.
- Zhou, Zhemin *et al.* (2017). "Millennia of genomic stability within the invasive Para C lineage of *Salmonella enterica*". Recuperado de <<https://www.biorxiv.org/content/early/2017/02/14/105759>>

¿Dónde están los genomas de los mexicanos afrodescendientes?

Raúl Cuauhtémoc Baptista Rosas* / Alma Aurora Arreola Cruz** /

Ana Sofía Torres Menchaca*** / Citlalli Quecha Reyna****

ISSN: 2007-6851

p. 59-p. 81

Fecha de recepción del artículo: julio de 2018

Fecha de publicación: diciembre de 2018

Título del artículo en inglés: *Where Are the Genomes of Afro-Mexicans?*

Resumen

Se estima que en América Latina 24 de cada cien individuos son afrodescendientes. En México se calcula que viven cerca de 1 381 853 personas de este grupo poblacional, lo que representa 1.2% de la población total. Su distribución varía en las diferentes regiones geográficas del país, agrupándose principalmente en el Estado de México, Veracruz, Guerrero, Oaxaca y Jalisco, donde se concentra la mayor parte, con cerca de 80% de la población afrodescendiente. Sin embargo, estas estadísticas no se ven reflejadas en los acervos de información biológica públicos de libre acceso. La disponibilidad de secuencias completas de genoma mitocondrial de la población mexicodescendiente recabados de la base de datos Genbank del Nucleotide del National Center for Biotechnology Information (NCBI), hace evidente que existe una pobre representación de afrodescendientes, lo cual no responde a la muestra poblacional de un país que cuenta con extensas regiones geográficas con grandes concentraciones de este grupo humano en particular. En este trabajo se discute esta problemática e hipótesis para explicar el fenómeno y algunos de sus impactos potenciales. La discrepancia observada puede ser producto de patrones migratorios característicos recientes, o bien representar evidencia física de un mestizaje asimétrico relacionado con la organización social durante la época virreinal, caracterizada predominantemente por varones afrodescendientes con mujeres indígenas o de otros grupos poblacionales, sin descartar la posibilidad de sesgos metodológicos (voluntarios o involuntarios) que limitan la investigación y la inclusión de estos grupos en las políticas de salud pública. De esta manera, con una historia claramente marcada por las diferencias y la desigualdad entre distintos grupos humanos, el presente artículo busca hacer una aproximación a la realidad mexicana, considerando cómo estos antecedentes de injusticia social del pasado pudieran relacionarse con sesgos en la investigación y en el desarrollo de la agenda en temas de salud poblacional y políticas públicas del país.

Palabras clave: genoma mitocondrial, afrodescendientes, mestizaje.

Abstract

In Latin America it is currently estimated that 24 of every 100 individuals are of African descent. In Mexico, it is estimated that about 1,381,853 people are Afro-Mexican, which represents 1.2% of the total population. Their distribution varies in the different geographic regions of the country, mainly in the State of Mexico, Veracruz, Guerrero, Oaxaca, and Jalisco, where about 80% of the Afro-Mexican population is concentrated. However, these demographic statistics are not reflected in freely accessible public biological data collections. The availability of complete mitochondrial genome sequences of the Afro-Mexican population collected from the Nucleotide database of the National Center for Biotechnology Information (NCBI) makes it clear that Afro-Mexicans are poorly represented, which does not respond to the population sample of a country that has extensive geographic regions with large concentrations of this particular human group. In this paper we discuss this issue and offer hypotheses to explain this phenomenon and some of its potential impacts. This discrepancy may be the result of recent characteristic migration patterns or represent physical evidence of asymmetric miscegenation (mestizaje) related to social organization during the viceregal period, characterized predominantly by Afro-Mexican men with indigenous women or of other castes, without ruling out the possibility of (voluntary or involuntary) methodological biases that limit research and the inclusion of these groups in public health policies. Thus, with a history clearly marked by differences and inequality between different human groups, this article seeks to gain insight into the Mexican reality, considering how this background of past social injustice could be related to biases in research and in the development of the country's agenda on population health issues and public policies.

Keywords: mitochondrial genome, Afro-Mexicans, miscegenation.

* Centro Universitario de Tonalá, Universidad de Guadalajara (raul.baptista@cutonala.udg.mx).

** Escuela de Ciencias de la Salud, Universidad Autónoma de Baja California (aurora.arreola@uabc.edu.mx).

*** Departamento de Estudios Sociopolíticos y Jurídicos, Instituto Tecnológico y de Estudios Superiores de Occidente (anasofia@iteso.mx).

**** Instituto de Investigaciones Antropológicas, UNAM (quechary@unam.mx).

Los mexicanos son, como la mayor parte de poblaciones latinoamericanas, descendientes de una mezcla de indígenas, europeos, y en menor proporción, africanos. En estudios iniciales, las estimaciones identifican la variación genética indígena, europea y afrodescendiente en todas las regiones y grupos humanos del territorio mexicano analizados (Lisker *et al.*, 1996). Sin embargo, a diferencia de otras regiones del mundo donde el colonialismo europeo dio lugar a una disminución significativa (o en algunos casos total) de la población nativa, en México la población indígena y afrodescendiente no sólo contribuyeron en grandes proporciones al proceso de mestizaje, sino que constituyen un segmento importante del total de habitantes hoy en día (Bryc *et al.*, 2010).

Más adelante, usando marcadores mitocondriales en poblaciones residentes en el norte de la República mexicana, 89% de los individuos muestreados están asociados a haplotipos nativos americanos, 5% se identificaron como europeos y 4.5% como afrodescendientes (Green *et al.*, 2000). En otros trabajos empleando polimorfismos de un solo nucleótido, los mexicanos muestran los niveles más bajos en Latinoamérica de descendencia africana, con 6% de la población estudiada con una desviación estándar de 2%; así como los porcentajes más altos de ancestría asociada a nativos americanos, con 50.1% de la población con una desviación estándar 13% (Bryc *et al.*, 2010). Más recientemente, con el esfuerzo coordinado interinstitucional, además de emplear marcadores moleculares más robustos y una estrategia de muestreo con mayor cobertura, aunque insuficiente para representar la complejidad del genoma mexicano, los porcentajes reportados alcanzaron 59% de origen europeo, 31% de origen asiático relacionado con los grupos indígenas y sólo menos de 10% de origen africano (Silva-Zolezzi *et al.*, 2009; López Beltrán y Vergara, 2011).

La manera de explicar esta divergencia de porcentajes es que depende del tipo de marcador molecular empleado y del lugar geográfico donde los diferentes grupos humanos son muestreados. La tendencia es que hacia el norte del país la proporción de descendencia europea se incrementa y disminuye gradualmente al desplazarse hacia el sur, y la descendencia indígena se encuentra concentrada en el sur y centro del país y disminuye gradualmente al desplazarse hacia el norte (Rangel *et al.*, 2008; Rangel *et al.*, 2009; Martínez Cortés *et al.*, 2012; Martínez Cortés *et al.*, 2013; Moreno *et al.*, 2014).

De la misma manera, los valores de descendencia africana, a pesar de ser constantemente menores, se encuentran en mayores proporciones en estados costeros como Veracruz, Guerrero y Oaxaca, donde, dependiendo de la fuente consultada, las poblaciones alcanzan hasta 20 y 30% de ancestría africana (Silva-Solezzi *et al.*, 2009; Moreno y Sandoval, 2013; Moreno *et al.*, 2014). Sin embargo, dado que el componente africano es relativamente constante a lo largo de casi todas las regiones (por debajo de 1% de la población), son el componente indígena y el europeo los que dictan los principales patrones de mestizaje en nuestro país.

Dentro de los linajes de descendencia indígena, el haplogrupo A se mantiene con mayor frecuencia, con una distribución que, de acuerdo con la proporción relacionada con los otros haplogrupos, va desde 33 hasta 53% en población mestiza, y hasta cerca de 60% en algunos gru-

pos indígenas; el haplogrupo B de 20.0 a 33.3%; el haplogrupo C de 6.7 a 23.3% y por último el haplogrupo D de 2.9 a 5.8% (Guardado *et al.*, 2008), e información que apoya estudios empleando otros marcadores moleculares diferentes a los obtenidos de mitocondria (Buentello *et al.*, 2008). Estudios genéticos en restos humanos precolombinos originarios de México central reportan con mayor frecuencia el subclado A2 entre 40 y 48%, principalmente asociado a poblaciones descendientes de aztecas (Torrioni *et al.*, 1992, Torrioni *et al.*, 1996, Mahli *et al.*, 2003, Mata-Míguez *et al.*, 2012, Kemp *et al.*, 2005, 2010).

Los haplogrupos no indígenas cuyo porcentaje es menor a 10%, corresponden al flujo genético materno inmigrante dentro de la población mexicana (Green *et al.*, 2000; Martínez Marignac *et al.*; 2007). Una de las fuentes de este flujo genético corresponde a España, donde el haplogrupo H es el más común, con frecuencias por arriba de 40% en ese país (Torrioni *et al.*, 1996). También podemos encontrar otros orígenes europeos con frecuencias menores como los haplogrupos K, J, V, U; y los de origen africano, representado por los haplogrupos L1 y L2, cuya frecuencia en el África subsahariana es de 70 hasta 100% (Guardado *et al.*, 2008). De acuerdo con Ngou-Mve (1994) y Aguirre Beltrán (2005), la mayor parte de esclavos africanos traídos a la Nueva España durante la Colonia provenían en una primera etapa de Mauritania al final del siglo XV; durante la mayor parte del siglo XVI procedían de Nigeria y Ghana, a los cuales los portugueses y españoles llamaban inadecuadamente “sudaneses”. Frederic Mauro, en su libro *Le Portugal l' et Atlantic au XVIIe. Siecle 1570-1670*, menciona que los africanos traídos a América eran llamados “sudaneses” (Navarrete, 2005). La tercera y última ola migratoria se estableció a partir del siglo XVII, conformada por grupos de habla bantú procedentes del norte de Camerún (Schroeder *et al.*, 2015).

En general, el tráfico de esclavos se concentró para su embarque hacia las costas de América desde África, en lo que se conoce como el área cultural de la costa de Guinea. Es por tal razón que a esta región se le llamó entonces como la Nigricia, y actualmente contempla una vasta región de África central que comprende la región occidental de Senegal, el Congo hacia el sur y Guinea hacia la costa del Atlántico. Esto complica la interpretación del análisis del genoma mitocondrial, ya que estos grupos humanos tienen una gran diversidad y podrían dificultar la interpretación de resultados.

Con esto en mente, decidimos explorar la presencia de individuos de origen mexicano y la estructura de la población usando genomas mitocondriales completos disponibles en base de datos públicas de libre acceso. Se decidió emplear Genbank de la National Center of Biotechnology Information (NCBI por sus siglas en inglés) <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide>>, trabajando en el diseño de la estrategia de búsqueda de las secuencias disponibles. Se llevó a cabo la recopilación de secuencias completas de cromosomas mitocondriales sin tomar en consideración fragmentos menores a 15 400 pares de bases de nucleótidos, y debido a que la mayor parte de trabajos previos sobre el tema sólo amplifican la región control del cromosoma mitocondrial con tamaños menores a mil pares de bases, por lo que la mayor parte de información en

las bases de datos sólo contienen estos fragmentos de ADN mitocondrial y no secuencias del cromosoma mitocondrial completo.

Para la búsqueda de información se tomaron en cuenta cinco consideraciones: la primera, definiendo el tamaño de las secuencias de interés (*SLEN* de acuerdo con el comando empleando en el buscador: *Sequence LENgt*), comprendidas entre 15 400 y 16 700 nucleótidos (el ADN del cromosoma mitocondrial completo tiene 16 569 bases); la segunda consideración, delimitando el organismo de interés la especie *Homo sapiens* empleando el comando [*Organism*]; la tercera consideración, empleando el comando [*FILT*] para seleccionar sólo el término *mitochondrion* en los metadatos de los archivos; la cuarta, delimitando la búsqueda mediante el empleo de booleanos *NOT* y *OR*, descartando en la búsqueda restos humanos antiguos (*ancient human remains*), y confusores como *New Mexico*; y, finalmente, la quinta consideración, empleando *AND* para las palabras clave *Mexico* o *Mexican*.

De acuerdo con esta estrategia, se introdujo la solicitud en el buscador de la base de datos de siguiente manera:

```
(015400[SLEN]:016700[SLEN]) AND Homo [Organism] AND mitochondrion [FILT]
AND Homo NOT (ancient human remains OR New Mexico) AND (Mexico OR Mexican).
```

Una vez identificadas las secuencias en la base de datos, se procedió a revisar la información en los metadatos acompañantes en cada una de ellas, con dos objetivos principales como criterios de selección: el primero, para validar el lugar de origen del individuo a partir del cual se obtuvo la información, descartando las secuencias que correspondían a grupos humanos del pasado o no especificar el grupo étnico. Por otro lado, el segundo objetivo de esta revisión fue la conformación de los grupos de análisis indígenas y mestizos.

De las secuencias seleccionadas se obtuvo la referencia de la cita del trabajo para evaluar el fin del muestreo y sus objetivos en el diseño experimental de cada trabajo en particular y se descargaron en archivos en formato FASTA. Con estos archivos como insumo, se exploraron las secuencias en conjunto empleando el navegador genómico de la Universidad de California Santa Cruz, el cual puede consultarse en <<http://genome.ucsc.edu/>> tomando como referencia la secuencia *Revised Cambridge Reference Sequence* (rCRS) con la última versión disponible (*GRCh38/hg38 Assembly*). Este paso nos permite identificar, mediante una interfase gráfica, los polimorfismos en las secuencias analizadas con respecto a la secuencia de referencia.

A partir de los archivos en formato FASTA se llevó a cabo la haplotipificación de las secuencias obtenidas empleando la aplicación *MITOMASTER*,¹ construyendo una base de datos en una hoja de cálculo .xlsx (Excel Microsoft) para su tabulación y análisis estadístico de las frecuencias.

1. Consultar: <<https://www.mitomap.org/foswiki/bin/view/MITOMASTER>>.

Tabla 1. Resumen de los principales haplogrupos encontrados en la población mexicana contemporánea

Haplogrupo	Frecuencia	%
A2	90	36.0
B2	65	26.0
C1	68	27.2
D	19	7.6
I5a	1	0.4
L2d	1	0.4
T2e	4	1.6
U6a	2	0.8
<i>Total</i>	250	100

Los criterios para clasificación de los diferentes haplogrupos pueden encontrarse en la base de datos *Phylotree*² (Van Oven y Kayser, 2009). Para mayores detalles técnicos puede consultarse el trabajo de Baptista *et al.* (2019).

A partir de esta estrategia de trabajo se obtuvieron 226 secuencias de mestizos y 42 secuencias de indígenas mexicanos contemporáneos para su análisis, quedando finalmente sólo 250 secuencias después de evaluar y seleccionar conforme a los criterios de selección antes mencionados. Los resultados del haplotipado demostraron 113 diferentes clados y subclados distribuidos de manera general en ocho haplogrupos, donde el grupo dominante es el haplogrupo A representando 36%, seguido del haplogrupo B representando 26% del muestreo. Los haplogrupos L asociados a población afrodescendiente sólo se encontraron en dos individuos, contribuyendo únicamente con 0.8% (tabla 1), el cual constituye el haplogrupo menos representado en el universo estudiado, al tomar en cuenta la gran proporción de población afrodescendiente que actualmente radica en México. Marcadores asociados a poblaciones europeas no fueron encontrados en el análisis. Una explicación de este hallazgo es que históricamente el varón europeo engendraba hijos con la mujer indígena, la mayor parte de la evidencia genómica de este mestizaje se encuentra en el cromosoma Y que se transmite exclusivamente por vía paterna y no por el cromosoma mitocondrial, que es de transmisión exclusivamente materna.

¿Dónde están los que deberían estar?

Grandes extensiones del territorio mexicano, principalmente en las costas del sureste del Pacífico y el Golfo de México están habitadas por individuos con un marcado fenotipo afrodescendiente, lo que

2. La base de datos *Phylotree* puede consultarse en <<http://www.phylotree.org/>>.

habla de la falta de cobertura en los estudios poblacionales hasta ahora realizados. Las secuencias que pudieron identificarse en el acervo de la base de datos consultada se han obtenido de poblaciones de mexicoamericanos en California y Texas, con alguna cobertura de población mestiza del centro, occidente y norte del país, y algunos grupos indígenas. Es evidente que, tal como mencionan autores previos, las poblaciones afrodescendientes en México han sido poco exploradas (Green *et al.*, 2000).

En los primeros estudios del Proyecto Genoma Mexicano, explorando otros marcadores moleculares basados en polimorfismos puntuales para construir mapas de haplotipos, se incluyeron en el análisis dos de los estados con altas prevalencias de población afrodescendiente entre la población mestiza: Veracruz y Guerrero (Silva-Zolezzi *et al.*, 2009; Moreno *et al.*, 2014). Aunque de manera general estos trabajos mostraron que la contribución ancestral afrodescendiente es menor a 10% y en su mayoría homogénea entre las subpoblaciones, se observó la presencia de individuos con una contribución ancestral afrodescendiente particularmente alta en los estados distribuidos en las costas del Pacífico y del Golfo de México. Esto se apega a los registros históricos que señalan a Veracruz y a Guerrero como el principal lugar de residencia de afrodescendientes desde la época colonial (Aguirre Beltrán, 1946).

Algunas hipótesis que planteamos para explicar este fenómeno en el que los grupos afrodescendientes están por debajo de las frecuencias esperadas son las siguientes:

- 1) Al muestrear poblaciones en regiones con alta prevalencia de grupos afrodescendientes, el diseño de muestreo sesga (voluntaria o involuntariamente) a estos grupos humanos. Por ejemplo, la mayor parte de los estudios están enfocados a indígenas, evitando obtener muestras biológicas en grupos mestizos y/o afrodescendientes.
- 2) La mayor parte de los estudios bioantropológicos realizados en México no suben su información a bases de datos públicas, por lo que no se refleja la realidad del estado del arte en esta área del conocimiento.
- 3) La mayor parte de las secuencias de genomas mitocondriales analizadas proviene de grupos descendientes de mexicanos radicados en Estados Unidos de América, por lo que probablemente se relacionan con patrones de migración característicos. De 268 secuencias empleadas en el estudio, el origen de 215 fueron individuos mexicoamericanos radicados en California y Texas (Kumar *et al.*, 2011). De acuerdo con la Encuesta Nacional de Ocupación y Empleo presentada por el Instituto Nacional de Estadística y Geografía (INEGI), la pérdida de población en el bienio 2014-2015 en los estados de la República mexicana que aportan migrantes con mayor proporción son predominantemente ocupados por poblaciones mestizas, con una proporción de grupos afrodescendientes por debajo de la media nacional de 1.2% (tabla 2), por lo que se infiere que los estados en nuestro país con mayores tasas de migración tienen una pobre representación de grupos afrodescendientes. Por otro lado, en otras regiones de Estados Unidos se puede observar que la población afro-

Tabla 2. Tabla comparativa entre las tasas de migración en estados con mayor pérdida de población en el bienio 2014-2015 y la proporción de población afrodescendiente

<i>Estado de la República</i>	<i>Tasa de migración por 100 000 habitantes</i>	<i>Porcentaje de afrodescendientes por entidad federativa</i>
Michoacán	136.1	0.1
Zacatecas	115.8	0
Guanajuato	108.0	0
Durango	108.8	0
Baja California	75.5	0.2
Tamaulipas	72.9	0.3
Aguascalientes	60.4	0

Fuentes: Encuesta Nacional de Ocupación y Empleo 2017 y Encuesta Intercensal 2015 realizadas por el INEGI

descendiente tiene una movilidad muy similar a la de la población mestiza no afrodescendiente y quizá hasta ligeramente superior (Quiroz, 2001; Barnett, 2011). La característica que destaca en la población afrodescendiente es un mayor arraigo a su entidad de origen, ya que las tasas de retorno igualan o superan a las de salida (Fernández y Melesio, 2016). En conclusión, una posibilidad es que los mestizos migran más que los afrodescendientes debido a que estos últimos probablemente, pero no necesariamente, están más arraigados a su cultura y sociedad local, contribuyendo a una menor proporción por debajo de lo esperado en la muestra analizada. Sin embargo, recientemente la región de la Costa Chica de Guerrero y Oaxaca se ha convertido en zona de migración internacional, y más que por apego, su poca movilidad se debe a que los flujos migratorios se iniciaron con mayor solidez en los noventa, y con la crisis económica de 2008, las salidas se detuvieron y el retorno de individuos a México aumentó, lo que también podría explicar la baja prevalencia de grupos afrodescendientes en la muestra estudiada.

- 4) De manera similar al mestizaje asimétrico entre europeos e indígenas, el patrón dominante en este caso es el mestizaje entre individuos varones africanos y mujeres autóctonas mexicanas, por lo que la evidencia deberá explorarse en los haplogrupos de cromosoma Y, ya que en genoma mitocondrial predomina la herencia indígena.
- 5) Los grupos africanos traídos durante la Colonia son muy diversos, por lo que podrían pasar desapercibidos en estudios de población con muestras pequeñas de universos de estudio poblacionales. Por ejemplo, investigaciones del genoma mitocondrial en la costa occidental de África contemporánea han encontrado que existe una gran diversidad (Fendt *et al.*, 2012) acorde con poblaciones afrodescendientes estudiadas tanto en Norteamérica como en el Caribe (Ely *et al.*, 2006; Johnson *et al.*, 2015; Schroeder *et al.*, 2015). Si tomamos esto en consideración, en nuestro estudio tendríamos, además del haplogrupo de origen africano L2d, el haplogrupo U6 originario del norte de África y distribuido en hasta

17% de individuos procedentes de Mauritania (González *et al.*, 2006), el área geográfica de procedencia de la primera ola de esclavos durante el final del siglo XVI (Ngou-Mve, 1994; Aguirre Beltrán, 2005). Este mismo haplogrupo U6 se distribuye en España hasta la costa occidental de África y el Cercano Oriente donde tiene su mayor diversidad (Behar *et al.*, 2012). Este haplogrupo exótico en nuestra población se puede interpretar como una probable evidencia de los rastros de hibridación de los europeos de la Península Ibérica colonizados por grupos musulmanes del norte de África y Medio Oriente durante cerca de siete siglos, es en realidad de origen africano. De ser esto cierto, la suma de los porcentajes de los haplogrupos L2d y U6a representa 1.2% de la muestra estudiada, prácticamente la proporción media de la población afrodescendiente en México (tabla 1). Análisis recientes muestran que cuando se emplean otros marcadores moleculares diferentes al genoma mitocondrial o cromosoma Y, el análisis centrado en las poblaciones de la cuenca del mediterráneo muestra que los primeros habitantes de los países del norte de África y el sur de Europa —específicamente España y la Bretaña francesa— tienen un acervo paterno y materno común (Arnaiz-Villena *et al.*, 2017; Hajje *et al.*, 2018). Esta información es evidencia física de una relación prehistórica estrecha entre el oeste del Mediterráneo, África y la Península arábiga, donde los individuos están relacionados genéticamente, complicando la interpretación de un solo marcador como es el caso de nuestro análisis.

Afrodescendientes en México: ¿dónde están y cuántos son?

Históricamente la proporción de población afrodescendiente no se conoce del todo y se basa en gran medida en estimaciones obtenidas a partir de estudios censales periódicos realizados en el pasado. Aunque de acuerdo con investigaciones como las emprendidas por Gonzalo Aguirre Beltrán, se ha calculado que ingresaron alrededor de 250 000 personas de origen africano por Acapulco, Campeche y Veracruz, y desde estos sitios se distribuyeron en diversos puntos geográficos del entonces territorio novohispano. Es importante señalar que en diferentes momentos históricos de la etapa virreinal la población de origen africano ocupó el segundo lugar en densidad de población, y que “en 1570 del total de la población 98.7% era indígena, 0.2% europea y 0.6 africana. Hacia mediados del siglo XVIII las personas indígenas representaban un 74.6%, las africanas y sus descendientes el 2% mientras que los europeos el 0.8%” (Velázquez, 2006: 30). Algunos autores señalan que durante la segunda mitad del siglo XVI y aún a principios del siglo XVII, la población africana en México era la más grande de todo el continente americano (Palmer, 1976; Palmer, 2005).

Otros investigadores señalan que entre 1580 y 1640 ingresaron casi 70 000 esclavos de origen africano, hombres y mujeres (Vila, 1977; Ngou-Mve, 1994). El primer censo documentado se llevó a cabo durante el virreinato en 1753, cuando por instrucciones del primer conde de

Revillagigedo, Juan Francisco de Güemes, se levantó el censo de población en la Ciudad de México, proporcionando información por sexo, estado civil, etnia y tipo de vivienda. Posteriormente, en 1789, el visitador del virrey, José Menéndez Valdés, inicia la *Descripción y censo general de la intendencia de Guadalajara, 1789-1793*; y para 1791 tiene lugar la recolección de información del primer Censo de Población de la Nueva España, o de Revillagigedo, y que al concluirse contabiliza 4 636 074 habitantes (INEGI, 2009). Datos disponibles sobre la época muestran que los grupos afrodescendientes representaron inicialmente 0.1 % de la población colonial y las estimaciones señalan que el número de los introducidos por la trata de esclavos no fue mayor a 250 000 individuos en el curso de tres siglos (Vázquez, 2008). Para 1646, al término de la etapa de la unión dinástica de España y Portugal —de auge de la trata transatlántica—, el número de africanos en la Nueva España era de 2% del total de la población, el doble del número de españoles radicados en el virreinato, que apenas sumaba 0.8% de la población, por lo que consideramos que este grupo contribuyó de manera definitiva a la integración de una nueva sociedad (Aguirre Beltrán, 1946).

En cambio, los mestizos producto de las diferentes castas, tanto de “negros” como de españoles, sí fueron considerables, ya que al finalizar la dominación extranjera en México representaban 40% de la población, y de esa proporción, 10% era considerado como “afromestizo” (Rojas, 1996). Sin embargo, este tópico aún es motivo de discusiones metodológicas debido a la dudosa calidad de los censos y la manera de clasificar los diferentes grupos humanos “de color” (Vinson y Restall, 2009; Velázquez, 2011a). Los descendientes de estos grupos, aunque tuvieron variaciones con el paso del tiempo, dieron origen a las actuales poblaciones que se encuentran distribuidas en todo el territorio nacional ubicadas sobre todo en las principales ciudades del país, lo cual es un rasgo característico compartido con el resto de la población latinoamericana (CEPAL, 2017). Antes de 2015, en los censos poblacionales en la República mexicana no preguntaban sobre origen afrodescendiente, por lo que no existía información oficial respecto a este grupo poblacional (Castro, 2008). De acuerdo con la información oficial disponible hasta el momento, se contabilizan cerca de 1 381 853 personas autoadscritas como afrodescendientes en México, poco más de 1.2% de la población (INEGI, 2015). Sin embargo, consideramos que estas cifras son subvaloradas, ya que históricamente este grupo ha sido invisible tanto para la sociedad en general como para ellos mismos (Velázquez, 2011b); inclusive, al cuestionar a la población muchos de ellos no se autoadscriben como afrodescendientes o utilizan otros términos para identificarse (Suárez, 1999; García, 2011; Castillo, 2016).

Otro problema que subvalora la verdadera proporción de población afromexicana es el diseño de los censos en México. Para poner esto en perspectiva, planteamos el ejemplo de los censos de Costa Rica: en el año 2001 el censo arrojó que 1.9% de la población era afrodescendiente; y para el año 2011 la cifra era de casi 8%. ¿Aumentó seis puntos en una década? No. Lo que cambió fue la manera de preguntar. En 2001 sólo había una pregunta sobre si era afrodescendiente o indígena, con posibles respuestas “sí” o “no”. Diez años después, se ofreció a los entrevistados una serie

Tabla 3. Estados de la República mexicana con mayor proporción de población afrodescendiente

<i>Estado de la República</i>	<i>Afrodescendientes (%)</i>
México	22.0
Veracruz de Ignacio de la Llave	19.3
Guerrero	16.6
Oaxaca	14.2
Jalisco	6.6
Puebla	5.2
Resto de los estados	60.5
<i>Total</i>	100

Fuente: CEPAL, 2017. *Situación de las personas afrodescendientes en América Latina y desafíos de políticas* (pp. 189). Santiago: ONU.

de opciones en las que podían incluirse: blanco, mestizo, indígena, afro o asiático. El 95% de la población se identificó con algún grupo y el número de los que se reconocieron afrodescendientes se incrementó de manera notable. De ahí la importancia de registrar las autoadscripciones étnicas en esos instrumentos.

A pesar de esto, y tomando en cuenta la información oficial disponible hasta el momento, sólo cuatro estados de la República agrupan más de 70% de la población afrodescendiente en México (tabla 3). Aunque el Estado de México y Veracruz tienen las mayores poblaciones (304 274 y 266 163 individuos, respectivamente), la mayor proporción con respecto a sus habitantes se encuentra en los estados de Oaxaca y Guerrero (6.5 y 4.9%, respectivamente). Esta distribución coincide con los indicadores de pobreza extrema y marginación (Fernández y Mellesio, 2016; CEPAL, 2017), por lo que más de dos tercios de los hogares afrodescendientes de México reciben ingresos monetarios por programas como Prospera u Oportunidades (INEGI, 2017). La situación de marginación en este grupo es muy similar a otros grupos afrodescendientes de Latinoamérica (CELADE/CEPAL, 2013), lo cual puede atribuirse a la invisibilidad de los afrodescendientes en las políticas públicas y en la agenda de México como nación (Domínguez, 2011; Weltman-Cisneros y Méndez, 2013). Por tanto, es necesario combatir la invisibilidad estadística que afecta las formas de vida de las poblaciones de origen africano.

La problemática histórica de la segregación de una minoría

Las poblaciones afrodescendientes mexicanas son consideradas como una *minoría*, entendiendo como *minoría* no aquellos grupos humanos que serían forzosamente menores en número, sino más bien aquellos que en una sociedad están en estado de menor poder, sea este poder económico, jurídico, político y genético (Colette, 2016; González Martín, 2002). Es importante aclarar aquí que el poder genético hace referencia a los individuos con un fenotipo definido que dominan una población determinada, mantienen su genotipo sin mezclarse con otros genotipos dife-

rentes, y donde las poblaciones dominadas son usualmente minorías. Este fenómeno se observa a lo largo de la historia en las diversas formas de segregación.

En el texto de los “Derechos colectivos y reconocimiento constitucional de las poblaciones afromexicanas” se sugiere que:

[...] en la mayoría de los casos de la región, las poblaciones afrodescendientes cumplen con los criterios para ser consideradas una minoría étnica. Son un grupo numéricamente menor que el resto de la población, generalmente se encuentran en una posición no dominante, comparten características étnicas y preservan su cultura e identidad, por lo que se encontrarían en condiciones de exigir los derechos consagrados en la Declaración sobre los Derechos de las Personas Pertenecientes a Minorías Nacionales o Étnicas, Religiosas y Lingüísticas, así como la protección de su existencia, de la no exclusión, de la no discriminación y de su no asimilación. En México, las poblaciones afrodescendientes cumplen con los elementos para ser consideradas como minorías, ya que algunas personas pertenecientes a esta población se autoidentifican como tales. Adicionalmente, las características étnicas y la conservación de la cultura de la población afrodescendiente son diferentes a las características sociales de la demás población (Conapred, 2015: 85).

Desde los primeros tratados internacionales de derechos humanos, firmados y ratificados por los estados miembros de la Organización de las Naciones Unidas, incluido México, se ha consagrado como principio y derecho la igualdad y no discriminación de las personas, particularmente protegiendo las diferencias por etnia, color, sexo, idioma, religión, opinión política o de cualquier otra índole, origen nacional o social, posición económica, nacimiento o cualquier otra condición (ONU, 1948a, 1948b, 1966).

Además, se han adoptado instrumentos internacionales específicos para erradicar la discriminación racial y pugnar por la inclusión de las diferencias, como es la Convención para la Prevención y la Sanción del Delito de Genocidio, la Declaración de las Naciones Unidas sobre la eliminación de todas las formas de discriminación racial, la Convención Internacional sobre la Eliminación de Todas las Formas de Discriminación Racial, la Convención sobre la Eliminación de Todas las Formas de la Discriminación contra la Mujer, o la Convención sobre los Derechos del Niño (ONU, 1948a, 1948b, 1963, 1965, 1979, 1989).

Tanto la Declaración de las Naciones Unidas sobre la eliminación de todas las formas de discriminación racial, como la Convención Internacional sobre la Eliminación de todas las Formas de Discriminación Racial tienen como propósito la condena del colonialismo y todas las prácticas de segregación y discriminación que lo acompañan, así como destacar que “toda doctrina de diferenciación o superioridad racial es científicamente falsa, moralmente condenable, socialmente injusta y peligrosa, y que nada permite justificar la discriminación racial, ni en la teoría ni en la práctica” (ONU, 1963, 1965).

La Convención Internacional sobre la Eliminación de todas las Formas de Discriminación Racial define como “discriminación racial” toda distinción, exclusión, restricción o preferencia basada en motivos de raza, color, linaje u origen nacional o étnico que tenga por objeto o por resultado anular o menoscabar el reconocimiento, goce o ejercicio, en condiciones de igualdad, de los derechos humanos y libertades fundamentales en las esferas política, económica, social, cultural o en cualquier otro ámbito de la vida pública (ONU, 1965).

En 1977, Francesco Capotorti, relator especial de la Subcomisión de Prevención de Discriminaciones y Protección a las Minorías, señaló que una minoría es un grupo numéricamente inferior al resto de la población de un Estado, que se encuentra en una posición no dominante y cuyos miembros, que son nacionales del Estado, poseen características étnicas, religiosas o lingüísticas diferentes de las del resto de la población y manifiestan, aunque sólo sea implícitamente, un sentimiento de solidaridad para preservar su cultura, sus tradiciones, su religión o su idioma (OHCHR, 2010).

En 1992, la Asamblea General de la ONU aprobó la resolución 47/135 que contiene la Declaración sobre los Derechos de las Personas Pertencientes a Minorías Nacionales o Étnicas, Religiosas y Lingüísticas (OHCHR, 1992). En ella se destaca la importancia de reconocer la protección e identidad de las minorías, cuyos derechos incluyen participar en la vida cultural, religiosa, social, económica y pública, sin sufrir ninguna desventaja, por ejemplo, por su origen étnico. Sin embargo, no existe ninguna definición internacionalmente acordada sobre qué grupos constituyen minorías (OHCHR, 2010).

Cabe destacar, como se indica en el Manual de los Derechos de las Minorías de Naciones Unidas (OHCHR, 2010), que la mayoría de veces un grupo minoritario constituirá una minoría numérica, pero en otros una mayoría numérica puede encontrarse en una posición similar a la de una minoría o en una posición no dominante, como ocurrió con los afrodescendientes en el régimen de *apartheid* en Sudáfrica. En algunas situaciones, un grupo que constituye una mayoría en el Estado puede encontrarse en una posición no dominante dentro de una región dada del Estado de que se trate (OHCHR, 2010). En atención a ello, actualmente, a las minorías —que muchas veces no lo son— se les ha denominado también “grupos en situación de vulnerabilidad” o “vulnerabilizados”, precisamente a partir de los impactos que generan las múltiples discriminaciones de las que son objeto por encontrarse en una posición no dominante.

En el caso que nos ocupa, los sesgos —voluntarios o involuntarios— en el muestreo de información en relación con los grupos afrodescendientes en México ocasionan la invisibilización de este grupo humano, lo que a su vez acarrea consecuencias en términos de las políticas públicas y de la agenda pública con enfoques diferenciados, lo cual a su vez tiene un impacto en la protección y garantía de derechos de este grupo humano, así como en múltiples discriminaciones que les pueden colocar en situación de vulnerabilidad.

En estas circunstancias, y de acuerdo con el artículo 7 de la Declaración Internacional sobre los Datos Genéticos Humanos, debe garantizarse que los datos genéticos humanos incorporen la

diversidad humana, a efecto de no discriminar y generar una situación de vulnerabilidad en algún grupo humano en particular, ya que la segregación de una persona, una familia, un grupo o comunidades, derivada de las conclusiones de los estudios de genética de poblaciones y sus interpretaciones, acarrea importantes consecuencias para el respeto de sus derechos humanos y las libertades fundamentales.

En atención a la discriminación histórica, así como a la vulneración de derechos de los grupos minoritarios o en situación de vulnerabilidad, se comienza a observar en diversos ordenamientos nacionales e internacionales la tendencia a regular los avances genéticos no como un mecanismo para impedir el desarrollo de la investigación científica, sino para prevenir que dicho desarrollo pueda vulnerar derechos fundamentales y producir nuevos fenómenos de discriminación.

Junto a la inclusión de estos nuevos criterios, como son las características genéticas, es fundamental considerar dos temas importantes que todavía no figuran explícitamente en el texto de la Constitución mexicana y que sin embargo sin duda gravitan en el debate contemporáneo sobre la igualdad y la no discriminación: los temas de la *discriminación indirecta* e *igualdad sustancial*. Ambos temas están incluidos de forma indirecta mediante el bloque de constitucionalidad. El artículo 1 constitucional, en su párrafo quinto así lo dispone: “Queda prohibida toda discriminación motivada por origen étnico o nacional, el género, la edad, las discapacidades, la condición social, las condiciones de salud, la religión, las opiniones, las preferencias sexuales, el estado civil o cualquier otra que atente contra la dignidad humana y que tenga por objeto anular o menoscabar los derechos y libertades de las personas”.

Los principales tratados internacionales en materia de derechos humanos, que son parte integral de la Constitución Política de los Estados Unidos Mexicanos, de conformidad con el bloque de constitucionalidad establecido en el artículo primero, son coincidentes en establecer el principio de igualdad y no discriminación, cuyo alcance incluye la igualdad de las personas ante la ley, que no debe permitir discriminación alguna. Precisamente, uno de los principales aportes del derecho internacional de los derechos humanos a los sistemas jurídicos contemporáneos fue la incorporación del principio de igualdad y no discriminación, como una actualización del principio de igualdad impulsado en la Ilustración. Verónica Martínez Marignac (2007) señala que los conceptos de igualdad y de no discriminación están estrechamente vinculados, pero no son idénticos.

El Protocolo para Juzgar con Perspectiva de Género de la Suprema Corte de Justicia de la Nación (SCJN, 2013) indica que la igualdad concentra las luchas reivindicatorias por la titularidad universal de los derechos y el acceso real a los bienes considerados indispensables para el diseño y ejecución del proyecto de vida de las personas. En ese mismo sentido, la igualdad puede ser entendida como principio y como derecho. Como principio en tanto fundamenta y da sentido a todo el andamiaje jurídico, como derecho en tanto es una herramienta para acceder a la justicia, pues otorga a los titulares de derechos la posibilidad de reclamar la realización efectiva de la igualdad en el ejercicio de los derechos (SCJN, 2013).

Bajo la óptica de nuestro caso de estudio, las condiciones de igualdad con que se realicen los muestreos de información en relación con los grupos afrodescendientes en México permitirán la igualdad en el ejercicio de derechos derivados del aprovechamiento de los beneficios resultantes de la utilización de datos genéticos, genómicos y/o proteómicos humanos obtenidos a partir de muestras biológicas obtenidas con fines de investigación médica y científica.

De acuerdo con el artículo 19 de la Declaración Internacional sobre los Datos Genéticos Humanos (UNESCO, 2003), dichos beneficios deben compartirse con la sociedad en su conjunto y con la comunidad internacional, de conformidad con la legislación o la política interna y con los acuerdos internacionales. Estos beneficios pueden traducirse en la asistencia especial a las personas y los grupos que hayan tomado parte de la investigación, el acceso a la atención médica, nuevos diagnósticos, instalaciones y servicios para dispensar nuevos tratamientos o medicamentos obtenidos gracias a la investigación, apoyo a los servicios de salud, instalaciones y servicios destinados a reforzar las capacidades de investigación, incremento y fortalecimiento de la capacidad de los países en desarrollo de obtener y tratar datos genéticos humanos, tomando en consideración sus problemas específicos. Ello, a su vez, se traduce en la protección y garantía de derecho, en particular el derecho a la salud, a la vida y al acceso a la justicia.

La idea de la “igualdad sustancial” parte de la afirmación de Aristóteles en el sentido de que la justicia consiste en tratar igual a los iguales y desigual a los desiguales. Es decir, no sería justo tratar como iguales a quienes no lo son y no lo pueden ser porque carecen de las posibilidades para alcanzar una situación igualitaria (Carbonell, 2009). Un enfoque jurídico o programático puramente formal no sería suficiente para lograr la igualdad de facto, o la mencionada “igualdad sustantiva”. Por tanto, es imperativo conseguir una “igualdad de resultados” mediante una estrategia eficaz y suficiente encaminada a corregir la representación insuficiente de una minoría, así como la redistribución de los recursos y el poder en favor de la protección y garantía de derechos para todas y todos (SCJN, 2013).

Podríamos suponer que los mestizos y las afrodescendientes son, en principio, iguales para el efecto de su tratamiento por la ley, pero si acudimos a las estadísticas comprobaremos que esa igualdad jurídica se materializa en severas desigualdades fácticas, lo cual significa, por ejemplo, que los afrodescendientes están relegados en muchos ámbitos no porque la ley les prohíba ingresar en ellos, sino porque las formas de convivencia social y muchos prejuicios se los impiden. Ello incluye los sesgos metodológicos, voluntarios o involuntarios, en el muestreo de información en relación con los grupos afrodescendientes en México.

Cualquier trato diferenciado que no sea objetivo y razonable constituye discriminación, la cual, como se ha dicho previamente, puede ser de tipo “racial”. Atendiendo al Protocolo para Juzgar con Perspectiva de Género, la discriminación es *directa* cuando tiene por objeto dar un trato diferenciado ilegítimo, en tanto que la *indirecta* se genera como resultado de leyes, políticas o prácticas que en apariencia son neutrales, pero que impactarán adversamente en el ejercicio de los de-

rechos de ciertas personas o grupos (SCJN, 2013), como es el caso de los grupos afrodescendientes en México en el muestreo de información de datos genéticos.

La Corte Interamericana de Derechos Humanos en el Caso Baldeón García vs. Perú (CoIDH, 2006) estableció que la presencia de condiciones de desigualdad real obliga a adoptar medidas de compensación que contribuyan a reducir o eliminar los obstáculos y deficiencias que impidan o reduzcan la defensa eficaz de los propios intereses. Si no existieran esos medios de compensación, difícilmente se podría decir que quienes se encuentran en condiciones de desventaja disfrutan de un verdadero acceso a la justicia en condiciones de igualdad con quienes no afrontan esas desventajas.

Aunado a lo anterior, en el caso Atala Riffo vs Chile, la CoIDH (2012) estableció que los estados deben abstenerse de realizar acciones que de cualquier manera vayan dirigidas, directa o indirectamente, a crear situaciones de desigualdad de derecho o de facto. Por tanto, los estados están obligados a adoptar medidas positivas para revertir o cambiar situaciones discriminatorias existentes en sus sociedades en perjuicio de determinado grupo de personas. Esto implica un deber especial de protección por parte del Estado respecto a las prácticas que terceros, bajo su tolerancia o aquiescencia, puedan crear, mantener o favorecer situaciones de discriminación.

En la legislación de nuestro país, en la Ley Federal para Prevenir y Eliminar la Discriminación, reformada el 20 de marzo de 2014, en su artículo 15 *Séptimus* se contempla que las acciones afirmativas son las medidas especiales, específicas y de carácter temporal a favor de personas o grupos en situación de discriminación, cuyo objetivo es corregir situaciones patentes de desigualdad en el disfrute o ejercicio de derechos y libertades, aplicables mientras subsistan dichas situaciones; entendiendo por acciones afirmativas las medidas para favorecer el acceso, permanencia y promoción de personas pertenecientes a grupos en situación de discriminación y subrepresentados en espacios educativos, laborales y cargos de elección popular a través del establecimiento de porcentajes o cuotas. La ley establece que estas acciones afirmativas serán prioritariamente aplicables a personas pertenecientes a grupos indígenas, además de mujeres, niñas, niños y adolescentes, personas con discapacidad, personas adultas mayores y, por supuesto, a los pueblos afrodescendientes.

En ese sentido, el Estado mexicano tiene la obligación de adoptar medidas de acción afirmativa para que por sí mismo, por conducto de sus propias autoridades, o mediante la actuación o práctica de terceros, proteja y garantice una igualdad de resultados para los grupos afrodescendientes en México; en particular mediante metodologías de investigación para la obtención de datos genéticos, así como el desarrollo de políticas de salud pública que incluyan a esos grupos. Ello les permitiría beneficiarse de la información genética, como lo prevé la Declaración Internacional sobre los Datos Genéticos Humanos (UNESCO, 2003), lo que también se traduce en la protección y garantía de derechos en particular, como el derecho a la salud, a la vida y al acceso a la justicia de las personas afrodescendientes en nuestro país.

Los problemas de la discriminación no se resolverán con los recursos de la tolerancia ni las libertades individuales porque son problemas que, desde el punto de vista jurídico y político, ponen en juego derechos colectivos, pero sobre todo porque plantean el problema clásico del acceso al poder y a la riqueza (González Martín, 2002). En términos generales, el problema surge cuando estos grupos tratan de definirse de acuerdo con criterios difíciles de conceptualizar y limitarse. Por ejemplo, aunque desde la perspectiva biológica el concepto de *raza* suele englobar grupos singularizados por características genéticas que son transmisibles mediante herencia, no existen en términos biológicos “razas humanas” y no puede establecerse una definición científica moderna aceptable de este concepto (Lipko y Di Pasquo, 2018; Sánchez, 2008), y hasta hoy en día es motivo de acalorados debates (Reich, 2018; Kahn *et al.*, 2018). Sin embargo, el método de relacionar las características genotípicas con la nacionalidad o el lugar de nacimiento es una herramienta usualmente empleada en estudios antropológicos y filogeográficos, ya que la información genética y genómica puede sustentar la conformación de grupos a los que puede correlacionarse una mayor prevalencia de determinado polimorfismo o variante genética (Feria, 2015).

Los principales estándares éticos para la aplicación de investigación genética en comunidades y poblaciones se basan en maximizar el beneficio, minimizar el daño, respetar la privacidad y la autonomía y garantizar la equidad (WHO, 1998 y 2006; Ten Kate *et al.*, 2010), además de contemplar los principios de justicia y autonomía de modo que se tenga en cuenta la asignación justa de los recursos públicos para que los servicios genéticos lleguen a todos los necesitados, así como el respeto por la diversidad humana, cultural y social (WHO, 2011).

Conclusiones

La genética y la genómica son ejemplos de disciplinas científicas de mayor desarrollo y que mayores dilemas bioéticos presenta (Beckwith, 2002; Penchaszadeh, 2006; Penchaszadeh, 2016). De acuerdo con la Organización Mundial de la Salud, el objetivo de la genética y la genómica en el campo de la salud es “ayudar a la gente con una desventaja de origen genético a vivir y reproducirse lo más normalmente posible” (WHO, 2003).

A nivel mundial se están desarrollando bases de datos genéticos y genómicos con fines en investigación, y es aquí donde los problemas éticos de esos proyectos están relacionados fundamentalmente con la obtención, contenido, propiedad y utilización de la información genética de los individuos y poblaciones incluidas en la base de datos. Existen cuestionamientos acerca de cómo y quién consiente ser incluido en una base de datos y qué tipo de consentimiento otorga.

Un segundo aspecto ético es que muchas poblaciones están subrepresentadas en los diversos repositorios de información, por lo que no es una problemática exclusiva de nuestra nación (Bustamante *et al.*, 2011; Popejoy y Fullerton, 2016). El tercer aspecto a destacar es que siempre

debe considerarse que en tales bases de datos existe el riesgo potencial de discriminación y estigmatización de individuos y comunidades por sus características genéticas, y en nuestro caso particular, la ausencia de su representación en las bases de datos públicas, ya sea por omisión consciente o inconsciente se genera una invisibilidad que repercute en beneficios en el diseño de estrategias preventivas, inclusión en los avances de la atención médica personalizada o en la planeación de políticas públicas de salud, por mencionar algunos aspectos relevantes. Para prevenir e impedir la discriminación es necesario respetar la privacidad de la información genética y promulgar medidas legislativas apropiadas (UNESCO, 2003). Sin embargo, aunque estas declaraciones proclaman que las bases de datos genéticos deben ser consideradas bienes públicos, no abordan explícitamente el problema de segregación de la información o, como es nuestro caso —y el principal tema en que pretendemos incidir con este trabajo—, la ausencia de información de minorías.

Finalmente, una vez que se incremente el esfuerzo de muestreo para establecer mayores coberturas a grupos humanos poco representados y mejores diseños experimentales para trabajo de campo de poblaciones representativas de diversos grupos indígenas, mestizos y afrodescendientes, tanto del pasado como contemporáneas, ello ofrecerá una mejor perspectiva al compararse con la información disponible hoy en día.

Bibliografía

- Aguirre Beltrán, Gonzalo (ed.) (1946). *La población negra de México. Estudio etnohistórico*. México: Fondo de Cultura Económica.
- Aguirre Beltrán, Gonzalo (2005). "La presencia del negro en México". *Revista del CESLA*, 7, pp. 351-367.
- Arnaiz-Villena *et al.* (2017). "HLA genes in Atlantic Celtic populations: are Celts Iberians?". *International Journal of Modern Anthropology*, 10, pp. 50-72.
- Baptista Rosas, Raúl Cuauhtémoc *et al.* (2019). "The Utility of Genomic Public Databases to Mitochondrial Haplotyping in Contemporary Mestizo Population of Mexican Origin." *Mitochondrial DNA Part A: DNA Mapping, Sequencing, and Analysis* 30(3), pp. 567-572.
- Barnett, Elizabeth (2011). "Somos costeños": Afro-Mexican Transnational Migration and Community Formation in Mexico and Winston-Salem, NC". History Honors Papers. Connecticut College, New London, Connecticut. Consultado en: <<https://digitalcommons.conncoll.edu/histhp/11>> el 2 de febrero de 2019.
- Beckwith, Jon (2002). "Geneticists in Society, Society in Genetics". En Alper J. S. *et al.*, *The Double-Edged Helix. Social Implications in a Diverse Society* (pp. 39-57). Baltimore: The Johns Hopkins University Press.
- Behar, Doron M. *et al.* (2012). "A 'Copernican' Reassessment of the Human Mitochondrial DNA Tree from its Root". *American Journal of Human Genetics*, 90(4), pp. 675-684.
- Bryc, K., Véléz C. *et al.* (2010). "Genome-Wide Patterns of Population Structure and Admixture Among Hispanic/Latino populations". *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 107 (supl. 2), pp. 8954-8961.
- Buentello Malo, Leonor *et al.* (2008). "Genetic Admixture of Eight Mexican Indigenous Populations: Based on Five Polymarker, HLA-DQA1, ABO, and RH Loci". *American Journal of Human Biology*, 20 (6), pp. 647-650.
- Bustamante, Carlos *et al.* (2011) "Genomics for the world". *Nature*, 475, pp. 163-165.
- Carbonell, Miguel (2009). *La igualdad insuficiente. Propuesta de reforma constitucional en materia de no discriminación*. Instituto de Investigaciones Jurídicas-UNAM / Comisión Nacional de los Derechos Humanos / Consejo Nacional para Prevenir la Discriminación.
- Castillo Figueroa, Giovanni (2016). *Afrodescendencias plurales. Mirada etnográfica a las narrativas de la identidad afrodescendiente en la costa chica de Guerrero*. México: Trama.
- Castrí, Loredana *et al.* (2009). "mtDNA Variability in Two Bantu-Speaking Populations (Shona and Hutu) from Eastern Africa: Implications for Peopling and Migration Patterns in Sub-Saharan Africa". *American Journal of Physical Anthropology*, 140, pp. 302-311.
- Castro Lucic, Milka (2008). "América Latina y la diversidad cultural del siglo XXI". *Revista del CESLA*, 11, pp. 19-33.
- Colette, G. (2016). "Femmes et théories de la société: remarques sur les effets théoriques de la colère des opprimés". *Sexe, race et pratique du pouvoir*. París: Coté-femmens.
- Comisión Económica para América Latina y el Caribe (CEPAL) (2017). *Situación de las personas afrodescendientes en América Latina y desafíos de políticas para la garantía de sus derechos*. Santiago de Chile: CEPAL.

- Corte Interamericana de Derechos Humanos (CoIDH) (2006). Caso Baldeón García vs. Perú. Sentencia de 6 de abril de 2006. Párr. 202.
- ____ (2012) Caso Attala Rifo y niñas vs Chile. Sentencia de 24 de febrero de 2012. Párr. 80.
- Centro Latinoamericano y Caribeño de Demografía / CEPAL (2013). *La salud de los pueblos indígenas y afrodescendientes en América Latina*. Washington, D.C.: Organización Panamericana de la Salud.
- Consejo Nacional para Prevenir y Eliminar la Discriminación (Conapred) (2015). *Derechos colectivos y reconocimiento constitucional de las poblaciones afromexicanas* Colección Legislar sin Discriminación, tomo VII. México: Secretaría de Gobernación / Cámara de Diputados LXII legislatura / Conapred.
- Di Lipko, Paula y Pasquo, F. (2008). "De cómo la biología asume la existencia de razas en el siglo xx". *Scientiæ Zudia*, 6 (2), pp. 219-33.
- Domínguez Domínguez, Citlalli (2011). "El mestizaje y la 'invisibilidad' de los Afrodescendientes en Veracruz: Reflexiones desde la historia regional". En *Afrodescendencia: aproximaciones contemporáneas desde América Latina y el Caribe* (pp. 143-149). Ciudad de México: Centro de Información de las Naciones Unidas para México, Cuba y República Dominicana.
- Ely, Bert et al. (2006). "African-American mitochondrial DNAs often match mtDNAs found in multiple African ethnic groups". *BMC Biology*, 4: 34.
- Fendt, Liane et al. (2012). "Mtdna diversity of Ghana: a forensic and phylogeographic view". *Forensic Science International: Genetics*, 6 (2), pp. 244-249.
- Feria Basilio, Iluminada del Rocío (2015). "Antesala al tratamiento jurídico de la enfermedad como elemento diferenciador: la discriminación por causa genética". *Revista Internacional y Comparada de Relaciones Laborales y Derecho del Empleo*, 3 (1), pp. 2-30.
- Fernández Ham, Patricia, y Melesio Nolasco, Marisol (2016). *Estudio especial de la CNDH sobre la situación de la población afrodescendiente de México a través de la encuesta intercensal 2015*. México: Comisión Nacional de los Derechos Humanos.
- García Mundo, Octavio (2011). "La 'identidad negra' de habitantes de Coyolillo, Veracruz: aproximación inicial". En *Afrodescendencia: Aproximaciones contemporáneas desde América Latina y el Caribe* (pp. 166-175). México: Centro de Información de las Naciones Unidas para México, Cuba y República Dominicana.
- Green, Lance D. et al. (2000). "mtDNA affinities of the peoples of North-Central Mexico". *American Journal of Human Genetics*, 66, pp. 989-998.
- González Martín, N. (2002). "Igualdad y discriminación genética". En *Temas selectos de salud y derecho*. México: Instituto de Investigaciones Jurídicas-UNAM., pp. 139-151.
- González, Ana María et al. (2006). "Mitochondrial DNA Variation in Mauritania and Mali and their Genetic Relationship to Other Western Africa Populations." *Annals of Human Genetics*, 70, pp. 631-657.
- Guardado Estrada, Mariano et al. (2008). "A great diversity of Amerindian mitochondrial DNA ancestry is present in the Mexican mestizo population". *Journal of Human Genetics*, 54 (12), pp. 695-705.
- Hajje, Abdelhafidh et al. (2018). "The genetic heterogeneity of Arab populations as inferred from HLA genes." *Public Library of Science ONE (PLoS ONE)*, 13 (3), pp. e0192269.

- Instituto Nacional de Estadística y Geografía (INEGI) (2009). *Cronología de la estadística en México (1521-2008)*. México: INEGI.
- ____ (2015). *Encuesta intercensal 2015*. México: INEGI.
- ____ (2017). *Perfil sociodemográfico de la población afrodescendiente en México*. México: INEGI.
- Johnson, Derek et al. (2015). "Mitochondrial DNA diversity in the African American Population". *Mitochondrial DNA A: DNA Mapping, Sequencing, and Analysis*, 26 (3), pp. 445-451.
- Kahn, Jonathan et al. (2018) "How not to Talk about Race and Genetics". BuzzFeed News, 30 de marzo. Recuperado de: <https://www.buzzfeed.com/bfopinion/race-genetics-davidreich?utm_term=.sg2OO97pO#.lyDyyzmay>.
- Kemp, Brian M. et al. (2005). "An Analysis of Ancient Aztec mtDNA from Tlatelolco: Pre-Columbian Relations and the Spread of Uto-Aztecan". En *Biomolecular archaeology: genetic approaches to the past* (pp. 22-46). Reed D. M. (ed.) Carbondale: Center for Archaeological Investigations / Southern Illinois University.
- ____ (2010). "Evaluating the Farming/Language Dispersal Hypothesis with genetic variation exhibited by populations in the Southwest and Mesoamerica". *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 107 (15), pp. 6759-6764.
- Kumar, Satish et al. (2011). "Large scale mitochondrial sequencing in Mexican Americans suggests a reappraisal of Native American origins". *BMC Evolutionary Biology*, 11, p. 293.
- Lisker, R. et al. (1996). "Genetic Structure of Autochthonous Populations of Meso-America: Mexico". *Human Biology*, 68, pp. 395-404.
- López Beltrán, Carlos, y Vergara, Silva F. (2011). "Genómica nacional: el Inmegen y el genoma del mestizo". En López Beltrán, C. (coord.), *Genes (&) mestizos. Genómica y raza en la biomedicina mexicana* (pp. 9-142). México: Ficticia.
- Malhi, Ripan S. et al. (2003). "Native American mtDNA prehistory in the American Southwest". *American Journal of Physical Anthropology*, 120 (2), pp. 108-24.
- Mata-Míguez, Jaime et al. (2012) "The Genetic Impact of Aztec Imperialism: Ancient Mitochondrial DNA Evidence from Xaltocan, Mexico". *American Journal of Physical Anthropology*, 149, pp. 504-516.
- Martínez Cortés, Gabriela et al. (2012) "Admixture and population structure in Mexican-Mestizos based on paternal lineages." *Journal of Human Genetics*, 57(9), pp. 568-574.
- ____ (2013). "Maternal Admixture and Population Structure in Mexican-Mestizos Based on mtDNA Haplogroups". *American Journal of Physical Anthropology*, 151, pp. 526-537.
- Martínez Maignac, Verónica et al. (2007) "Admixture in Mexico City: Implications for admixture mapping of type 2 diabetes genetic risk factors". *Human Genetics*, 120 (6), pp. 807-819.
- Moreno, Andrés, y Sandoval K. (2013). "Diversidad genómica en México. Pasado indígena y mestizaje". *Cuicuilco*, 58, pp. 249-275.
- ____ et al. (2014). "The Genetics of Mexico Recapitulates Native American Substructure and Affects Biomedical Traits". *Science*, 344 (6189), pp. 1280-1285.
- Navarrete, María Cristina (2005). *Génesis y desarrollo de la esclavitud en Colombia siglos XVI y XVII*. Cali: Universidad del Valle.

- Ngou-Mve, Nicolás (1994). *El África bantú en la colonización de México (1595-1640)*, Madrid: Consejo Superior de Investigaciones Científicas / Agencia Española de Cooperación Internacional.
- Organización de las Naciones Unidas (ONU) (1948a). Declaración Universal de los Derechos Humanos. Resolución de la Asamblea General 217 A (III), 10 de diciembre de 1948.
- ____ (1948b). Convención para la Prevención y la Sanción del Delito de Genocidio. Resolución 260 (III) de la Asamblea General, 9 diciembre de 1948.
- ____ (1963). Declaración Universal de los Derechos Humanos. Resolución 1904 (XVIII) de la Asamblea General, 20 de noviembre de 1963.
- ____ (1965). Convención Internacional sobre la Eliminación de todas las Formas de Discriminación Racial. Resolución 2106 A (XX) de la Asamblea General, 21 de diciembre de 1965.
- ____ (1966). Pacto Internacional de Derechos Civiles y Políticos. Resolución 2200 A (XXI) de la Asamblea General, del 16 de diciembre de 1966.
- ____ (1979). Convención sobre la Eliminación de todas las formas de Discriminación contra la Mujer. Asamblea General, 18 de diciembre de 1979.
- ____ (1989). Convención sobre los Derechos del Niño. Resolución 44/25 de la Asamblea General, del 20 de noviembre de 1989.
- ____ (1993). Declaración sobre los derechos de las personas pertenecientes a minorías nacionales o étnicas, religiosas y lingüísticas. Resolución 47/135 del 18 de diciembre de 1992.
- ____ (2010). *Derechos de las minorías: Normas internacionales y orientaciones para su aplicación*. Nueva York / Ginebra: ONU.
- Osborne, Raquel (1997). "Grupos minoritarios y acción positiva: las mujeres y las políticas de igualdad". *Papers. Revista de Sociología*, 53, pp. 65-76.
- Oven, Mannis van, y Kayser, Manfred (2009). "Updated comprehensive phylogenetic tree of global human mitochondrial DNA variation". *Human Mutation*, 30, pp. E386-E394.
- Palmer, Colin A. (1976). *Slaves of the White God: Blacks in Mexico 1570-1650*, Cambridge: Harvard University.
- ____ (2005). "México y la diáspora africana: algunas consideraciones metodológicas". En *Poblaciones y culturas de origen africano en México* (pp. 65-84). México: INAH.
- Penchaszadeh, Víctor B. (2006). "Ética de la investigación en genética humana". En *Ética de la investigación en seres humanos y políticas de salud pública* (pp. 87-111). Bogotá: UNESCO / Universidad Nacional de Colombia.
- ____ (2016). "Bioética y tecnociencia". *Escritos*, 24 (53), pp. 447-466.
- Popejoy, Alice B., y Fullerton, S. M. (2016). "Genomics is failing on diversity". *Nature*, 13; 538 (7624), pp. 161-164.
- Quiroz Malca, Haydée (2001). "Las nuevas diásporas de los afromexicanos y algunos de sus efectos en las culturales locales". *Diásporas Afroamericanas. Memoria & Sociedad*, 7 (15), pp. 229-237.
- Rangel Villalobos, Héctor et al. (2008). "Genetic Admixture, Relatedness, and Structure Patterns Among Mexican Populations Revealed by the Y-Chromosome". *American Journal of Physical Anthropology*, 135 (4), pp. 448-461.

- ____ (2009). "South to North Increasing Gradient of Paternal European Ancestry throughout the Mexican Territory: Evidence of Y-linked short tandem repeats". *Forensic Science International: Genetics Supplement Series 2*, pp. 448-450.
- Reich, David (30 de marzo de 2018). "How to Talk About 'Race' and Genetics". *New York Times*. Recuperado de <<https://www.nytimes.com/2018/03/30/opinion/race-genetics.html>> el 1 abril de 2018.
- Rojas, D. (1996). "Los negros en México, investigación: Gonzalo Aguirre Beltrán hecha en 1948 y 1949". Recuperado de <www.folklorico.com/peoples/negros.html> el 9 julio de 2006. El vínculo no funciona
- Sánchez Arteaga, J. M. (2008). "La biología humana como ideología: el racismo biológico y las estructuras simbólicas de dominación racial a fines del siglo XIX". *Theoria*, 61, pp. 107-124.
- Schroeder H. et al. (2015). "Genome-wide Ancestry of 17th-Century Enslaved Africans from the Caribbean". *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 112 (12), pp. 3669-3673.
- Silva-Zolezzi, I. et al. (2009). "Analysis of Genomic Diversity in Mexican Mestizo Populations to Develop Genomic Medicine in Mexico." *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 106 (21), pp. 8611-8616.
- Suárez Blanch, Claudia (1999). "La reconstrucción de la identidad de los grupos negros de México: un recorrido histórico". *Dimensión Antropológica*, 16, pp. 127-168. Recuperado de <<http://www.dimensionantropologica.inah.gob.mx/?p=1211>> el 31 marzo 2018.
- Suprema Corte de Justicia de la Nación (SCJN) (2013). *Protocolo para juzgar con perspectiva de género. Haciendo realidad el derecho a la igualdad*. México: Suprema Corte de Justicia de la Nación.
- Ten Kate, Leo et al. (2010). "Community genetics. Its definition 2010". *Journal of Community Genetics* 1, pp. 19-22.
- Torroni, Antonio et al. (1992) "Native American mitochondrial DNA analysis indicates that the Amerind and the Nadene populations were founded by two independent migrations". *Genetics*, 130 (1), pp.153-162.
- ____ (1996). "Classification of European mtDNAs from an analysis of three European populations". *Genetics*, 144 (4), pp. 1835-1850.
- UNESCO (2003). Declaración Internacional sobre los Datos Genéticos Humanos. 32 periodo de sesiones de la Conferencia General, 16 de octubre de 2003.
- Vázquez Fernández, Salvador (2008). "Las raíces del olvido. Un estado de la cuestión sobre el estudio de las poblaciones de origen africano en México". En Gladys Lechini (comp.) *Los estudios afroamericanos y africano en América Latina: herencia, presencia y visiones del otro* (pp. 185-209). Córdoba: Ferreyra Editor/ Centro de Estudios Avanzados: Programa de Estudios Africanos/ Consejo Latinoamericano de Ciencias Sociales.
- Velázquez, María Elisa (2006). *Mujeres de origen africano en la capital novohispana, siglos XVII y XVIII*, México: Instituto Nacional de Antropología e Historia/ Programa Universitario de Estudios de Género-UNAM.
- ____ (2011a). "Africanos y afrodescendientes en México: premisas que obstaculizan entender su pasado y presente". *Cuicuilco*, 51, pp. 11-22.

- ____ (2011b). "Aportes y debates: reciente publicación estadounidense sobre africanos y afrodescendientes en México". *Cuicuilco*, 51, pp. 233-239.
- Vila Vilar, Enriqueta (1977). *Hispanoamérica y el comercio de esclavos*. Sevilla: Escuela de Estudios Hispano Americanos.
- Vinson, Ben, y Restall, Matthew (eds.) (2009). *Black Mexico. Race and Society from Colonial to Modern Times*. Albuquerque: University of New Mexico.
- Weltman-Cisneros et al. (2013). "Negros-afromexicanos: Recognition and the Politics of Identity in Contemporary Mexico". *Journal of Pan African Studies*, 6 (1), pp. 140-156.
- World Health Organization (WHO) (1998). *Proposed international guidelines on ethical issues in medical genetics and genetic services: Report of who meeting on ethical issues in medical genetics*. Ginebra: World Health Organization.
- ____ (2003). *Genetic databases: assessing the benefits and the impact on human and patient rights*. Ginebra, World Health Organization.
- ____ (2006). Medical genetic services in developing countries: The ethical, legal, and social implication of genetic testing and screening. World Health Organization. Recuperado de <<https://apps.who.int/iris/handle/10665/43288>>.
- ____ (2011). Community genetics services. Report of a WHO Consultation on community genetics in low- and middle-income countries. World Health Organization. Recuperado de <<https://apps.who.int/iris/handle/10665/44532>>.

Genética y genómica de poblaciones en México. ¿Dónde estamos y hacia dónde vamos? Entrevista con Héctor Rangel Villalobos

Raúl Cuauhtémoc Baptista Rosas*

El doctor Héctor Rangel Villalobos es profesor investigador adscrito al Centro Universitario de la Ciénega, de la Universidad de Guadalajara. Es director del Instituto de Investigación en Genética Molecular. Fue delegado de nuestro país ante la Sociedad Latinoamericana de Genética Forense y secretario del Grupo Hispano-Portugués de la International Society of Forensic Genetics. Sus principales líneas de investigación son la antropología molecular y la genética forense. Para tener una perspectiva general de los avances y las problemáticas a que se enfrenta el desarrollo de la genética y genómica de poblaciones, en esta entrega de *Diario de Campo* hicimos cinco preguntas simples a un investigador líder en este campo de investigación en nuestro país. Esperamos que esta breve entrevista revele el panorama al que se enfrenta el empleo de herramientas tecnológicas obtenidas de las ciencias genómicas y la genética molecular para el estudio antropológico del México contemporáneo y del pasado.

¿Cuál es su opinión sobre el estado del arte de la genética y genómica de poblaciones en México?

Se han logrado avances significativos en este campo del conocimiento. Estos avances incluyen el análisis de marcadores genéticos usados en identificación humana y el análisis de marcadores genéticos de importancia biomédica con diferentes tipos de herencia (autosómicos, del cromosoma Y, ADNmt y el cromosoma X), SNPs genómicos y recientemente *whole genome sequencing*, donde se han incluido tanto poblaciones mestizas como indígenas mexicanas.

¿Dónde estamos actualmente?

Se han podido estimar diversos grados de diversidad y relaciones genéticas entre las poblaciones mexicanas, así como patrones de estructura y mestizaje. Estas esti-

* Centro Universitario de Tonalá, Universidad de Guadalajara (raul.baptista@academicos.udg.mx).

maciones y patrones han resultado muy interesantes, pues ayudan a representar la genómica de poblaciones en el periodo prehispánico, en diversos periodos históricos y en la actualidad, después de 500 años del contacto europeo.

¿Hacia dónde nos dirigimos?

El desarrollo de nuevas técnicas de secuenciación masiva y técnicas de análisis informativo puede ayudar a desentrañar más historias particulares, que consideren a individuos, comunidades pequeñas y grandes poblaciones. Una de las direcciones de estos avances genómicos gira en torno al análisis de material genómico de importancia biomédica, cuyo impacto no sea sólo sobre la diversidad y origen de individuo o poblaciones, sino que incluya riesgos potenciales relacionados con algunas enfermedades, sobre todo con aquéllas prevenibles.

En el campo de la identificación humana, el análisis genómico ha incluido genes que permiten predecir el posible fenotipo de un individuo, pero su aplicación práctica se estará aterrizando en la próxima década, una vez que sus alcances y limitaciones se hayan establecido claramente.

De forma similar, la epigenética o epigenómica tiene un papel importante para profundizar en el impacto de la regulación de la expresión génica en nuestra población. Debido a procesos contemporáneos que atraviesan por acelerados cambios, como los relacionados con el ambiente, creo que la epigenética será relevante en los próximos años.

¿Qué nos hace falta?

Indiscutiblemente, una mayor cantidad de personal calificado para operar equipos e instrumental técnico, y para analizar información genómica, ya que sólo un puñado de instituciones en México cuenta con la infraestructura y ha desarrollado recursos humanos altamente calificados para este fin.

¿Podría comentarnos cuáles son los principales retos a superar?

En cuanto a la formación de recursos humanos, el reto es aumentar de forma significativa la cantidad de ellos en el país. Dado que las plazas y recursos para hacerlo en México son limitadas, las estancias en el extranjero suelen ser la mejor opción para lograrlo. En cuanto a la infraestructura, es un reto aumentar la infraestructura disponible para investigación genómica. Sin duda, el aspecto económico es el reto que debemos superar. No obstante, hay un factor a nuestro favor: aunque las técnicas genómicas en la actualidad son muy costosas, la tendencia, como en muchos otros campos del conocimiento y la vida cotidiana, es que conforme pase el tiempo los costos se hagan más accesibles.

El reto de analizar genomas en México. Entrevista con Andrés Moreno Estrada

Raúl Cuauhtémoc Baptista Rosas*

El doctor Andrés Moreno Estrada es investigador principal del Laboratorio Nacional de Genómica para la Biodiversidad (Langebio), que pertenece al Centro de Investigación y de Estudios Avanzados (Cinvestav) del Instituto Politécnico Nacional (IPN).

¿Cuál es su opinión personal sobre el estado del arte de la genética y genómica de poblaciones en México?

La genética de poblaciones es un campo de profunda tradición en México. La genética de poblaciones en México se desarrolla desde los años 60 del siglo XX, en gran parte por la trascendental obra del Dr. Rubén Lisker, que reconoció la importancia de la diversidad indígena de México en el estudio de la composición genética de la población. Medio siglo después estamos viviendo una transformación tecnológica con herramientas que nos permiten analizar la diversidad de genomas completos de un creciente rango de poblaciones y especies.

México ha hecho un gran esfuerzo por mantenerse a la vanguardia durante la vertiginosa era genómica. Esto se expresa en la creación de grandes centros de investigación en genómica en los últimos 15 años, como el Centro de Ciencias Genómicas (CCG) y el Laboratorio Internacional de Investigación sobre el Genoma Humano (LIIGH), de la Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM); el Instituto Nacional de Medicina Genómica (Inmegen); y el Laboratorio Nacional de Genómica para la Biodiversidad (Langebio), del Centro de Investigación y de Estudios Avanzados (Cinvestav), que pertenece al Instituto Politécnico Nacional (IPN).

Gracias a estas iniciativas, además del fortalecimiento de programas de enseñanza en ciencias genómicas, el estado del arte de la genómica poblacional en México tiene un nivel que en muchos casos es altamente competitivo y reconocido a nivel internacional. Sin embargo, seguimos careciendo de los recursos y la organización suficientes para hacer frente de manera colectiva al acelerado y competitivo ritmo de la genómica, que se ha convertido en una ciencia de grandes datos y que sigue fuera del alcance de una fracción importante de laboratorios de investigación en México y el resto de América Latina.

* Centro Universitario de Tonalá, Universidad de Guadalajara (raul.baptista@academicos.udg.mx).

¿Dónde estamos actualmente?

Creo que México goza de una posición excepcional en el desarrollo de las ciencias genómicas, se ha consolidado como uno de los líderes en este campo del conocimiento dentro de América Latina y está fuertemente vinculado a los avances científicos y tecnológicos en genómica que ocurren en Estados Unidos, Europa y el resto del mundo. De hecho, México es el único país que cuenta con una licenciatura en Ciencias Genómicas, que se imparte en la UNAM, y sus egresados son altamente competitivos y reconocidos a nivel internacional.

Por otra parte, en México estamos frente a una oportunidad única, dada la gran riqueza biológica, étnica y cultural que tenemos en nuestro país. Podemos estudiar esa gran riqueza biológica con nuestras propias herramientas genómicas y con nuestros propios recursos humanos, en vez de ser observadores de investigaciones extranjeras que utilizan nuestra diversidad biológica con escasa participación de los grupos de investigación locales. Dadas las fortalezas actuales de la genómica poblacional en México, podemos y tenemos la responsabilidad de revertir esta tendencia.

¿Hacia dónde nos dirigimos?

Creo que en los próximos años veremos una mayor popularización de los conceptos y herramientas utilizados en genómica poblacional, que hasta ahora siguen siendo considerados como algo limitado a un grupo selecto de especialistas. Incluso a nivel coloquial, términos como *genoma* y *ancestría* genética están permeando cada vez más en la sociedad. Esto, gracias al impacto mundial que han tenido los grandes proyectos de genética de poblaciones y, más recientemente, los atractivos estudios de ADN antiguo; y también por el impacto popular que han tenido los servicios comerciales de análisis genéticos —directos al consumidor—, como los que ofrecen las empresas 23andMe o Ancestry.com. Este sector de la industria, en el que convergen la genómica poblacional y la iniciativa privada, está presente en México y América Latina, y seguirá creciendo. Por ello, creo que veremos empresas similares dirigidas a poblaciones latinas en un futuro. A su vez, este proceso que vincula a la industria y a nuestra disciplina científica representará una alternativa laboral para especialistas en genómica, ya que creará empleos más allá de las siempre insuficientes plazas de investigación existentes en las instituciones académicas.

También creo que el campo de investigación y la tecnología para abordar el estudio de ADN antiguo avanzarán para hacer posible la recuperación de suficiente material genético de muestras provenientes de regiones templadas e incluso tropicales, con lo cual veremos más estudios de este tipo que aborden poblaciones de México y América Latina, así como de África y la región del Pacífico. Aquí el reto será evitar el saqueo de muestras por grupos extranjeros habituados a buscar acceso a especímenes exóticos, pero con poco interés en el entrenamiento y desarrollo de capacidades locales que favorezcan a los colaboradores que aportan las muestras.

¿Qué nos hace falta? ¿Cuáles son los principales retos a superar?

Hace falta que las autoridades gubernamentales apliquen políticas de desarrollo de la ciencia y la tecnología, que las consideren una verdadera prioridad y que destinen los recursos suficientes para aprovechar este potencial. Por ejemplo, a pesar del gran interés de México en sumarse a iniciativas poblacionales como HapMap, 1000 Genomas y, recientemente, a los biobancos de cohortes biomédicas de cientos de miles de individuos, sigue sin existir una iniciativa colectiva y coordinada para destinar recursos de gran volumen que permitan un estudio a nivel nacional de escala semejante.

Pero también hace falta considerar que con los recursos actuales, aun siendo insuficientes, se podría tener mayor impacto con una distribución diferente. Por ejemplo, dado el alto número de solicitudes y los bajos recursos, en gran parte de las convocatorias del CONACYT se acaban financiando cientos de proyectos con presupuestos para cada uno que rondan los 25 mil dólares al año. Con estos montos poco se puede hacer en estudios de genómica poblacional, ya que los costos de secuenciación siguen siendo elevados y la naturaleza poblacional de los estudios requiere secuenciar o genotipar un gran número de individuos, generalmente cientos o miles. Creo que una distribución de más recursos en menos proyectos aumentaría el impacto de las investigaciones apoyadas.

Por otro lado, también hace falta una regulación del acceso a muestras arqueológicas para estudios de ADN antiguo. Dada la riqueza precolombina de México y la desproporción de recursos entre grupos de investigación extranjeros y nacionales, creo que la falta de un marco regulatorio que favorezca la participación y entrenamiento de grupos locales pone al país en una posición vulnerable y favorece prácticas colonialistas en la ciencia. No se trata de aislarnos y negarnos a colaborar internacionalmente, sino de hacerlo a la par y en condiciones justas.

Una última entrevista: el seguimiento molecular a una pieza ósea de un contexto prehispánico

Rodrigo Barquera Lozano*

La metamorfosis que sufre un fragmento óseo, desde su salida del microambiente en el que se encontraba en su contexto arqueológico hasta convertirse en parte de la discusión de un artículo o libro publicado, es muchas veces ajena no sólo al público general, sino a participantes de los equipos académicos que custodian, analizan o estudian los resultados derivados de los individuos de contextos arqueológicos. Con la intención de acercar a todos los actores y espectadores a estas transformaciones de la pieza arqueológica, tanto materiales como conceptuales, el autor se dio a la tarea de realizar un seguimiento a través de todos los pasos analíticos, complementando con material fotográfico para hacer accesible la experiencia del DNA antiguo más allá de los artículos y reportes, esto con el fin de exponer el trayecto que une a la pieza ósea con su participación en la discusión científica. El DNA antiguo (aDNA) es el término con el que se designa al material genético recuperado a partir de organismos, o partes de ellos, que perecieron tiempo atrás y que posee una serie de cambios característicos en su estructura fisicoquímica que son producto de los procesos tafonómicos relacionados con su ambiente inmediato. Aunque el estudio en el campo de las moléculas antiguas es relativamente reciente —1984 marca su inicio con la primera recuperación de aDNA a partir de un espécimen de museo—, se ha reinventado en varias ocasiones y para estudiar el pasado ha echado mano de los avances tecnológicos asociados a la biología molecular, la genética de poblaciones y, más recientemente, la genómica y la proteómica. Primero en materiales de otras especies, y luego en restos humanos, los estudios de aDNA han transformado la forma de aproximarnos al estudio del pasado y también han evolucionado con el tiempo para adaptarse a las exigencias de las nuevas preguntas de investigación en el área.

* Department of Archaeogenetics, Max Planck Institute for the Science of Human History (MPI-SHH), Jena, Alemania (barquera@shh.mpg.de). Agradezco a Oana del Castillo Chávez, Diana Iraíz Hernández Zaragoza, Laura Ramírez Vázquez, Ana Ruiz, Sylvia Arnold-El Fehri, Beate Kerpen, Anke Trinkler, Vanessa Villalba, Susanna Sabin, Theas Lamnidis, James Fellows Yates, Eirini Skourtanioti, Cosimo Posth, Maria Spyrou, Stephen Clayton, Chuan-Chao Wang, Franziska Aron, Marta Burri, Cäcilia Freund, Rita Radzeviciute, Raphaela Stahl, Antje Wissgott, Guido Brandt, Stephan Schiffels, Christina Warinner, Wolfgang Haak y Johannes Krause por su invaluable apoyo en distintas partes de este proyecto. El trabajo en este material se encuentra aprobado por el Consejo de Arqueología del Instituto Nacional de Antropología e Historia (No. de oficio 401.1S.3-2017/482, oficio de exportación 401-3-6194, número de expediente de exportación AA-39-17 A). Dedico el presente trabajo a la memoria de Jorge Balbuena.

Con la recuperación de material genético a partir de muestras de un *quagga* (*Equus quagga*), miembro extinto de la familia de los equinos (Higuchi *et al.*, 1984), se demostró por primera vez que la obtención de aDNA era posible. Sin embargo, las posibles aplicaciones en el estudio de la historia y de la prehistoria dejaron de ser anecdóticas y se volvieron prioridad en el campo con la primera extracción de material genético a partir de restos humanos momificados con una antigüedad de 2 500 años (Pääbo, 1985a; 1985b), que demostró que este tipo de análisis no necesariamente estaba restringido a ejemplares de museo y que podrían usarse eficientemente para el estudio de restos humanos del pasado distante. Han pasado 34 años desde aquellos estudios pioneros en el área y se han sucedido revoluciones tecnológicas que han impactado en los alcances y limitaciones en este campo. El advenimiento de las técnicas de secuenciación masiva paralela y el uso de estrategias de enriquecimiento selectivo han generado una mejora sustancial en la cantidad y calidad de los datos obtenidos, por lo que con técnicas menos invasivas o a partir de materiales novedosos se pueden responder preguntas que hasta hace poco hubiera sido inimaginable siquiera esbozar.

Sin embargo, entre mayor sea la complejidad de la herramienta, más restringido su acceso a la comunidad en general e incluso a la misma comunidad académica. Es con esta limitación que nace la idea del presente trabajo, en el que se expone el *seguimiento* a un fragmento óseo desde su incorporación a la línea de trabajo hasta su presentación como parte de una figura en un trabajo de investigación. Es, por decirlo de cierta forma, el seguimiento a las técnicas empleadas para realizar una última entrevista al individuo del que alguna vez formó parte, y que nos permitirá acercarnos a la historia de su vida, de sus ancestros, de sus enfermedades e incluso de su muerte, y asimismo puede relatarnos algunas cuestiones en torno a la organización social, a los rituales, a la estructura poblacional y a los procesos de migración y/o mestizaje de los que su comunidad fue partícipe.

El inicio del viaje (figura 1)

Poco podemos imaginarnos acerca de los contextos arqueológicos de donde provienen los individuos que estudiamos antes de comenzar con los análisis. ¿Quiénes eran? ¿Qué hacían ahí? ¿Cómo llegaron a ese momento y a ese lugar? ¿Por qué terminaron en esas circunstancias? No todo lo que nos preguntamos puede ser respondido, sin importar si se aborda con “técnicas clásicas” o con el uso de las llamadas “herramientas moleculares”. Pero entre las cuestiones que sí podemos responder, y tal vez las que causan más expectativa, son aquellas que tienen que ver con la causa de muerte y el estilo de vida de esos antepasados distantes. Ya decía Ernest Hemingway que “la vida de cada hombre termina de la misma manera. Son sólo los detalles de cómo vivió y cómo murió lo que distingue a un hombre de otro” (Hotchner, 1966). Y son precisamente esos detalles los que tratamos de conocer a partir de los análisis moleculares. Generalmente no se realiza el análisis a



Figura 1. El inicio del viaje, MPI-SHH, 2018. Fotografía © R. Barquera.

una única pieza, sino que, para tener una idea más completa del panorama, se trabaja con varios individuos que provienen del mismo contexto arqueológico.

En esta imagen podemos apreciar una gran cantidad de piezas óseas (54 para ser exactos), que son fragmentos del hueso temporal izquierdo a los que se encuentra unida la porción petrosa, la cual ha demostrado ser de las unidades anatómicas en las que podemos encontrar DNA en mayor abundancia y mejor estado de preservación (Pinhasi *et al.*, 2015). Cada pieza ha sido limpiada con cloro diluido y agua destilada, irradiada por 15 minutos con luz ultravioleta, empacada individualmente y registrada. Se le ha asignado ahora un número que la une inequívocamente con su identificación arqueológica y que la acompañará por el resto de los procedimientos analíticos. Las dimensiones que por ahora ocupan nuestros *entrevistados* son aproximadamente 5 litros de volumen y 686.6 gramos. Estos datos se obtienen posteriormente a la limpieza de cada pieza ósea, en la que se retiran restos de tierra y, en algunos casos, consolidantes y otros materiales.

Dimensiones del lote: 54 piezas, 5 L (V), 686.6 g (M).

Dimensiones del entrevistado: aprox. 7.4 cm, 14.98 g.

Nuestro entrevistado (figura 2)

¿Qué preguntas podremos hacer, y cómo hacerlas, a nuestro pequeño viajero en el tiempo? Con base en el contexto arqueológico, los datos previamente obtenidos mediante el estudio del microambiente, de los materiales acompañantes, de la determinación de la naturaleza (primaria o secundaria) del entierro, datos sobre marcas de corte, mutilaciones u otras modificaciones *ante, peri o post mortem* ayudan a refinar el tipo de preguntas que deseamos realizar. Nuestro entrevistado tenía una edad de entre 4 y 8 años, estimación derivada a partir del estudio de huesos largos, aunque el contexto no permite trazar inequívocamente una relación entre un hueso largo particular y la porción petrosa de nuestro invitado. A falta de datos sobre su identidad, se le ha asignado un nombre: Chultún 01. Chultún 01 fue encontrado dentro de una estructura subterránea semejante a una cueva, pero de origen artificial, denominada precisamente "Chultún". De acuerdo con lo que se sabe de su contexto, Chultún 01 fue depositado ahí tiempo después de su muerte en una modalidad conocida como entierro secundario colectivo u osario (Márquez, 2010). Dado el tipo de depósito de los huesos, es extremadamente complicado encontrar relaciones entre los distintos huesos que pertenecen a cada individuo, por lo que la única estrategia para asegurar que sólo estamos *entrevistando* una vez a cada individuo es tomar una pieza ósea que pueda ser identificada como única para cada individuo. En este caso, decidimos que esa pieza sería el hueso temporal izquierdo de cada individuo, el cual es fácilmente lateralizable y por tanto nos permite garantizar que cada porción petrosa proviene de un individuo distinto. Las piezas óseas fueron empacadas individualmente, registradas, inventariadas y reportadas ante el Consejo de

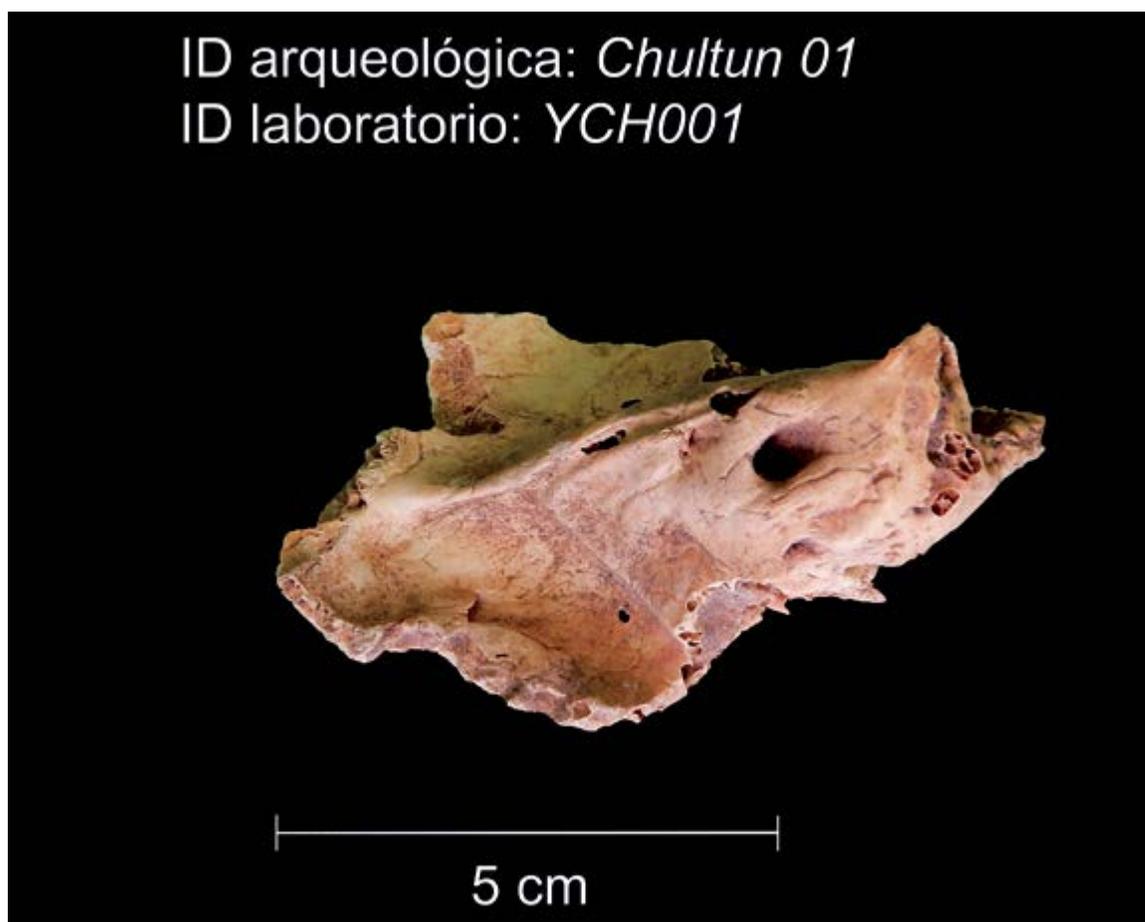


Figura 2. *Nuestro entrevistado*, MPI-SHH, 2018. Fotografía © R. Barquera.

Arqueología antes de volar a Alemania, donde el proceso de análisis molecular se llevó a cabo en las instalaciones del Instituto Max Planck de Ciencias de la Historia Humana en Jena. A su llegada, se les recibió con un distintivo especial que consiste en tres letras y un número de tres dígitos que será su identificación durante su trayecto por el instituto.

Nuestro primer *entrevistado* fue identificado como *YCH001* y a partir de este momento nos referiremos a él con este “nombre”. Tras haber tomado una serie de fotografías que permiten preservar una imagen de la pieza antes de proceder al muestreo, se introduce en una bolsa nueva y se coloca en una caja de transferencia donde la bolsa es irradiada con luz UV para inutilizar cualquier cadena de DNA externa y evitar así la contaminación con DNA moderno. La caja de transferencia se abre desde dentro de las instalaciones del laboratorio de DNA antiguo, también conocido como *cuarto limpio*, y se traslada al cuarto de muestreo. Este cuarto limpio está acondicionado para el trabajo con material antiguo y alberga una serie de implementaciones que contribuyen a minimizar la posibilidad de contaminación con DNA moderno, tales como un número determinado de horas diarias de irradiación UV en todas las instalaciones, áreas especializadas

destinadas a una única operación unitaria (cuarto de muestreo, cuarto de extracción de DNA, etcétera) y un sistema de filtración de aire y agua que impide la entrada de material genético contaminante del exterior. Dentro, se siguen rigurosos procesos para minimizar la contaminación por parte del equipo científico y para evitar la contaminación entre muestras, como el uso de sistemas de exclusas, uso de ropa exclusiva para el trabajo dentro del laboratorio, cambio de calzado entre exclusas, trajes de cuerpo entero, tres pares de guantes, lentes protectores, mascarillas para cubrir nariz y boca, cofias para el cabello y protocolos para vestirse, ingresar y transferir elementos desde el mundo exterior hasta el corazón del laboratorio.

Dimensiones del lote: 54 piezas, 5 L (V), 686.6 g (M)

Dimensiones del entrevistado: aprox. 7.4 cm, 14.98 g

Preguntas invasivas (figura 3)

Para poder realizar las preguntas de manera adecuada y obtener respuestas claras, es necesario retirar todo aquello que pueda crear confusión, falsos resultados o minimizar la cantidad de información de YCH001 con respecto al resto de DNA que podemos encontrar en la muestra ana-

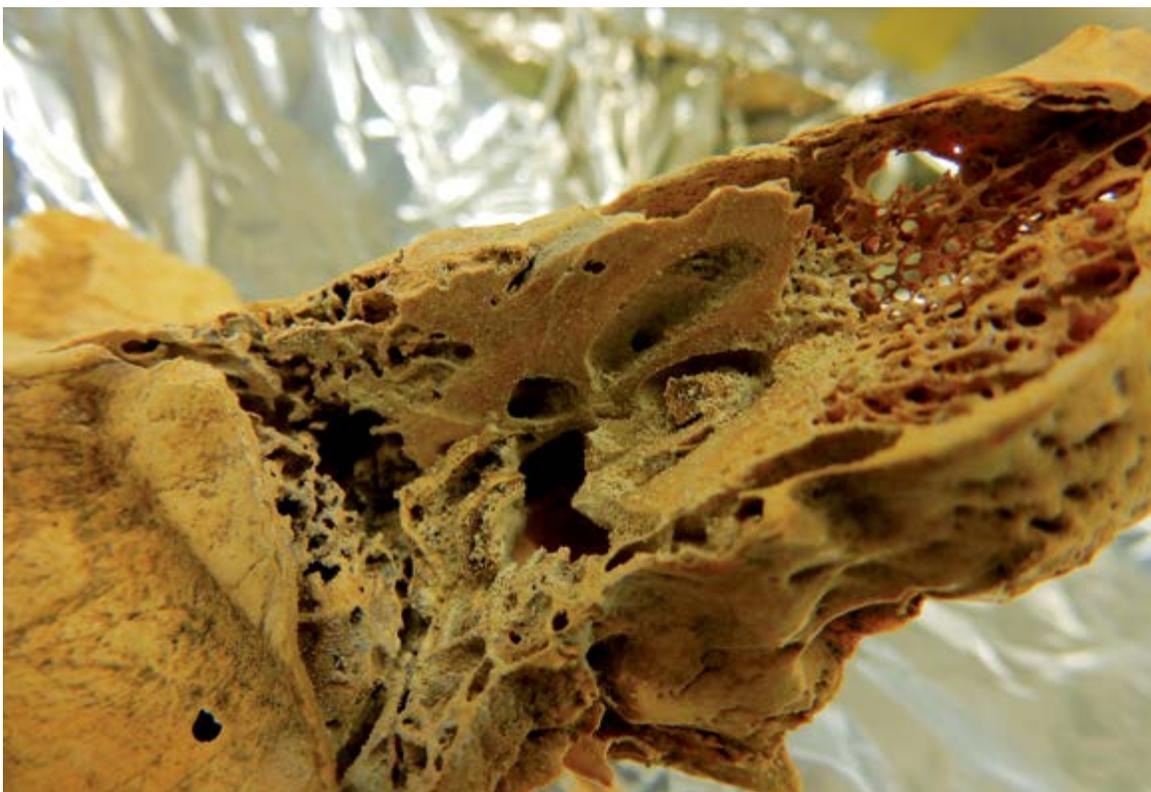


Figura 3. Preguntas invasivas, MPI-SHH, 2018. Fotografía © R. Barquera.

lizada. Tras seguir el protocolo de limpieza y descontaminación de superficies en el cuarto de muestreo, es hora de comenzar nuestra entrevista. Con ayuda de una sierra circular realizamos un corte longitudinal a través de la porción petrosa con la intención de dejar al descubierto el área más densa del hueso, que es la que contiene más material genético y también el mejor preservado. Debemos evitar las partes porosas porque no sólo no contienen tanto material genético como la región más densa, sino que pueden albergar partículas de tierra o polvo, restos vegetales o animales, y otro tipo de sustancias que, si son procesadas junto con el hueso de nuestro entrevistado, disminuirán la cantidad de DNA propio de la muestra (denominado *DNA endógeno*) y dificultará más el proceso para obtener la información genética necesaria. Todo este procedimiento se lleva a cabo dentro de una campana que minimiza la posibilidad de contaminación al mantener condiciones controladas en el ambiente inmediato a la pieza ósea.

Dimensiones del lote: 54 piezas, 5 litros (V), 686.6 gramos (M)

Dimensiones del entrevistado: aprox. 7.4 cm, 14.98 g

Hecho polvo (figura 4)

Con la ayuda de una broca con punta de diamante, se taladra la porción más densa del hueso para obtener un polvo fino que contiene nuestro material genético. Este polvo se pesa (se trabaja a partir de entre 50 y 100 mg de polvo) y se coloca en un tubo de plástico en preparación para las siguientes fases analíticas. Entre cada muestreo de distintos individuos se debe seguir un riguroso protocolo de descontaminación que asegure que no haya material genético en la campana de trabajo de muestras previas al momento de muestrear cada individuo. Si llegara a existir alguna partícula de polvo o tierra, se retira con ayuda de material de muestreo exclusivo para cada pieza (pinzas o espátulas), mismo que es lavado con cloro, enjuagado e irradiado antes de poder ser utilizado en otra muestra. El polvo de hueso está ahora listo para la extracción de su material genético y esperará en un congelador a -20°C hasta que ese paso ocurra. El resto de la pieza ósea también se almacena a esa temperatura para garantizar la mejor preservación del material genético en caso de ser necesario repetir un muestreo. Algunas veces puede elegirse una porción del material óseo para realizar otros análisis complementarios, como la datación con ^{14}C (radiocarbono), el análisis de isótopos estables o extracción de proteínas para análisis proteómicos. Cada muestra es un mundo particular, por lo que no existe un procedimiento único estándar para decidir en qué región muestrear, o qué pieza debe ser la indicada. La preservación depende del microambiente de cada pieza, el cual puede variar de manera significativa de entierro en entierro, de individuo en individuo e incluso entre distintos huesos del mismo individuo. El criterio de la persona que realiza el muestreo es fundamental para maximizar las probabilidades de obtener material genético analizable en nuestra muestra de polvo de hueso.



Figura 4. Hecho polvo, MPI-SHH, 2018. Fotografía © R. Barquera.

Dimensiones del lote: 63 piezas más controles y blancos, aprox. 12 ml (V), 6.006 gramos (M)

Dimensiones del entrevistado: aprox. 200 μ l, 90 mg

La historia de una vida en un susurro (figura 5)

A pesar de todas las precauciones y el empleo de tecnología de punta, la norma indica que la cantidad de DNA antiguo a obtener de cada muestra será baja. Por ello suelen realizarse varias extracciones de una misma pieza, o de varias, para maximizar la cantidad de DNA obtenido de cada individuo. El proceso de extracción comienza con la descalcificación de la muestra, lo que permite liberar el DNA de la matriz ósea en una solución acuosa. Esta solución acuosa contendrá todo el material genético de la muestra, sea del individuo, de algún patógeno que haya estado presente en la pieza al momento de su muerte, de microbiota acompañante, de microorganismos u otros seres vivos en el entorno inmediato al momento de la muerte o después de la misma, o de la o las personas que hayan entrado en contacto con la pieza ósea desde la excavación hasta su ingreso al laboratorio. Tras un incubado prolongado con sustancias que retiran el calcio de los huesos y enzimas que degradan



Figura 5. *La historia de una vida en un susurro*, MPI-SHH, 2018. **Fotografía** © R. Barquera.

las proteínas del hueso, el DNA se purifica con ayuda de columnas de silicato a las que el material genético recuperado se une y permite realizar lavados para retirar la mayoría de los posibles contaminantes. Al terminar los lavados, el DNA se eluye (es decir, se separa de la columna) con ayuda de una disolución que además de recuperarlo, ayudará a que no se degrade por cambios en el pH del medio. Entre mayor sea la cantidad de DNA “propio” de la muestra, mayor cantidad de preguntas moleculares podremos realizar a nuestro “entrevistado”. Algunas veces la cantidad de DNA endógeno de una muestra en particular es tan bajo que no se le pueden formular preguntas en lo absoluto.

Dimensiones del lote: 30 tubos, aprox. 3 ml (V)

Dimensiones del entrevistado: 100 μ l

Varias versiones del mismo relato (figura 6)

Como ya se ha mencionado, a veces es mejor realizar una encuesta para conocer el contexto general, en lugar de levantar una única entrevista. En el caso del entierro del chultún de Chichén

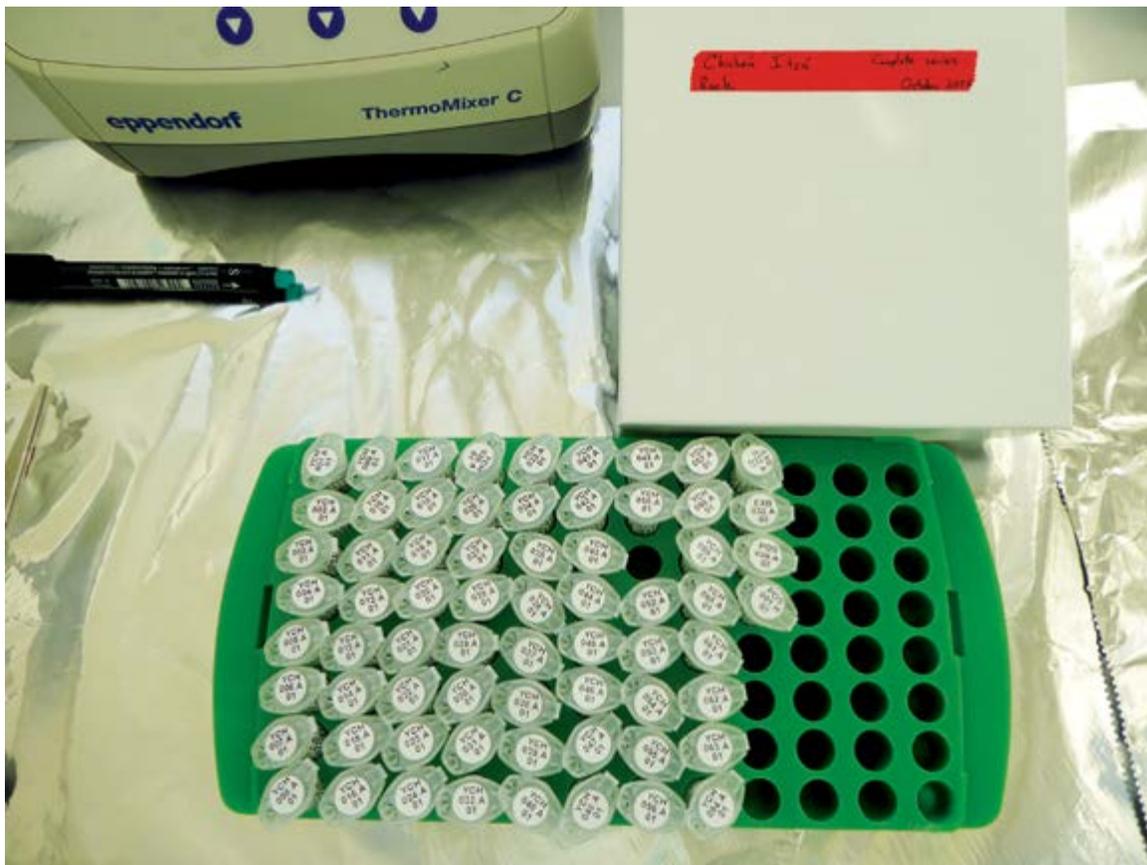


Figura 6. Varias versiones del mismo relato, MPI-SHH, 2018. Fotografía © R. Barquera.

Itzá, ésta es la estrategia empleada. Además de YCH001, “entrevistamos” a otros 63 individuos acompañantes que nos permitirán conocer con más detalle lo ocurrido en ese contexto y, posiblemente, responder algunas preguntas de interés arqueológico y/o antropológico. En la imagen podemos apreciar la colección entera, cada muestra en su tubo, así como blancos de extracción y controles positivos. Los blancos de extracción son tubos en los que se ha seguido el mismo proceso que con cualquiera de las muestras, excepto que no se agregó ningún tipo de muestra. El blanco sirve para evaluar si nuestros métodos de muestreo, extracción y purificación fueron adecuados, pues si en los blancos encontráramos DNA significaría que se ha transferido material genético de alguna fuente a estos tubos y, por lo tanto, corremos el riesgo de que todo nuestro lote de muestras esté igualmente contaminado. El control positivo, por otro lado, es polvo de un hueso largo de oso de las cavernas (*Ursus spelaeus*) del que se sabe que contiene DNA. Al procesarse de la misma manera que las muestras, debemos obtener DNA en concentraciones consistentes mediante los distintos lotes de extracción. Si en un determinado lote ninguna muestra posee DNA detectable, pero nuestro control positivo sí, entonces quiere decir que esa colección de muestras no posee material genético analizable. Si el control positivo tampoco presenta DNA, quiere decir

que hemos hecho algo mal durante el proceso y por tanto debemos buscar la causa del problema y repetir el análisis del lote entero.

Dimensiones del lote: 30 tubos, aprox. 3 ml (V)

Dimensiones del entrevistado: 100 μ l

Edición (figura 7)

El material genético antiguo auténtico posee ciertas características que derivan del daño esperado ocurrido a lo largo de las decenas, centenas o millares de años en que el DNA estuvo expuesto a condiciones ambientales poco adecuadas para su preservación. Incluso en los mejores escenarios, se espera la presencia de daño en las moléculas de DNA producto de reacciones químicas características, tales como la ruptura de las cadenas de DNA, la pérdida de ciertas partes de la molécula —como los grupos amino ($-\text{NH}_2$) en las bases nitrogenadas— y daños oxidativos. Todo esto hace que la molécula típica de DNA antiguo tenga un tamaño más bien corto, con alta presencia de transiciones

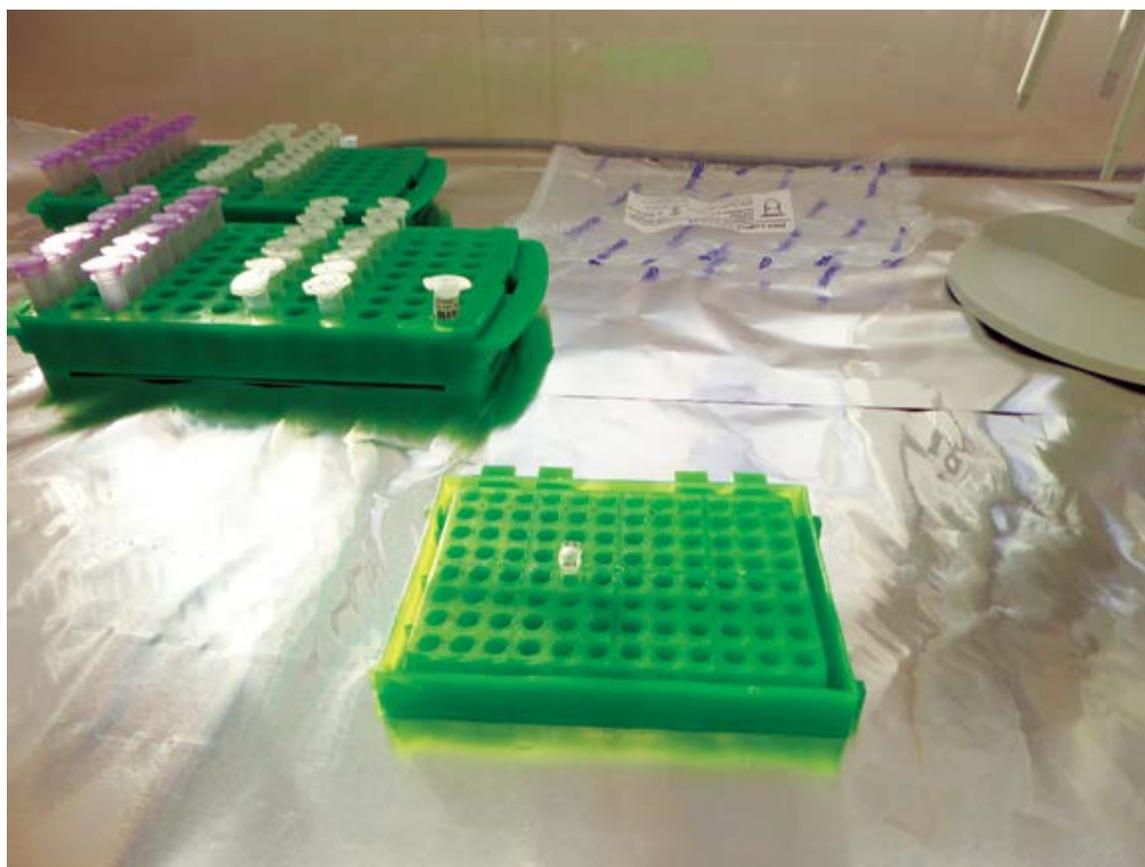


Figura 7. Edición, MPI-SHH, 2018. Fotografía © R. Barquera.

(cambio de citosinas por uracilo o hidroxipuracilo, por ejemplo), lo que genera sustituciones aparentes de citosinas por timinas (Hofreiter *et al.*, 2001) y daños en los extremos de la cadena. Aunque pudiera parecer algo negativo, en realidad estas características nos permiten distinguir al DNA antiguo del DNA moderno y, por lo tanto, contar con criterios de autenticidad al momento de analizar los resultados obtenidos. Sin embargo, para poder analizar las moléculas de DNA de nuestros entrevistados debemos “repararlas”. La reparación del DNA se realiza como parte de la generación de las denominadas bibliotecas genómicas, que no son otra cosa sino la totalidad del material genético obtenido de nuestra muestra, aún sin distinguir si pertenece de forma exclusiva al individuo analizado o no. Los pasos incluyen la remoción enzimática de uracilos de la cadena, la restauración de cadenas sencillas en cadenas dobles y la adición de adaptadores, necesarios para los procesos de secuenciación masiva de las bibliotecas genómicas en una serie de incubaciones sucesivas acompañadas de pasos de purificación para remover las enzimas empleadas en el paso anterior (Briggs *et al.*, 2010).

Dimensiones del lote: 63 tubos, aprox. 2.4 ml (V)

Dimensiones del entrevistado: 38 μ l en un tubito de 200 μ l

Etiquetas (figura 8)

Para poder continuar con el proceso, cada palabra, es decir, cada fragmento de DNA, debe ser identificado como parte de esa única entrevista. Para ello se colocan índices, que son pequeños fragmentos de DNA sintético con una secuencia única que de manera particular identificará a cada biblioteca genómica. Todos los fragmentos de DNA obtenidos a partir de la muestra de hueso de YCH001 contienen las mismas secuencias de identificación en sus extremos, sin importar su origen. De esta manera, la biblioteca genómica ahora posee dos características: resulta en extremo difícil contaminarla, y es *inmortal*. Contaminarla es complicado porque necesitaríamos más DNA con esa combinación de índices de una fuente distinta para lograrlo. Es inmortal porque a partir de este punto pueden realizarse tantas copias *in vitro* como sean necesarias por medio de la reacción en cadena de la polimerasa, o PCR por sus siglas en inglés. A partir de este punto no sólo no son necesarias las instalaciones del cuarto limpio, sino que no se debe realizar la síntesis de DNA *in vitro* dentro de éste, pues cualquier contaminación con un número elevado de moléculas dentro de estas instalaciones sería difícil de contener. Cabe mencionar que esta síntesis *in vitro* de DNA se conoce también como *amplificación*. Por ello se sacan los tubos con las reacciones listas para correr y en tubos perfectamente sellados, pero el proceso —que se lleva a cabo en un termociclador— ocurre fuera del cuarto limpio en instalaciones físicamente separadas. En ellas se introducirán los índices por medio de una reacción enzimática mediada por ciclos de temperaturas (Meyer y Kircher, 2010). Dado que cada par de índices se incorpora a una molécula de DNA, la



Figura 8. Etiquetas, MPI-SHH, 2018. Fotografía © R. Barquera.

cantidad de índices que debemos colocar en la reacción es directamente proporcional a la cantidad de DNA presente en la biblioteca genómica. Empero, incrementar el volumen para permitir la incorporación de suficientes índices por reacción sólo haría menos eficiente la misma. En cambio, la estrategia que se sigue es partir la biblioteca en un número razonable de reacciones, cada una con una cantidad similar de índices. Esto puede llevar a números teóricos elevados de reacciones. En la fotografía podemos apreciar el número de reacciones a las que se elevaron nuestras bibliotecas para este lote: ¡son más de 800!

Dimensiones del lote: 828 tubos, aprox. 82.8 ml (V)

Dimensiones del entrevistado: 800 μ l en ocho tubos de 200 μ l

Amplificar los detalles (figura 9)

Una vez indizadas las bibliotecas genómicas, es necesario purificar de nuevo las bibliotecas y volver a colocar todas las reacciones en su contenedor respectivo. Es decir, reunir todas las re-



Figura 9. Amplificar los detalles, MPI-SHH, 2018. Fotografía © R. Barquera.

acciones que corresponden a una biblioteca en un solo tubo. Una vez reunidas, se realiza una cuantificación y se determina la eficiencia de la reacción; generalmente se incrementó la cantidad de DNA en la reacción, en un rango de decenas, a cientos de veces. Estas bibliotecas genómicas ahora están listas para sus últimos ajustes antes de entrar al secuenciador. Para poder secuenciarse juntas (una ventaja característica de la secuenciación de siguiente generación o NGS por sus siglas en inglés) es necesario ajustar todas las muestras a la misma concentración. Gracias a la lectura anterior sabemos la cantidad de DNA presente en cada biblioteca y podemos calcular el número de ciclos necesarios para alcanzar diez billones (1×10^{13}) de copias de DNA indizado por biblioteca. Esto lo hacemos nuevamente con el uso de la PCR, y volvemos a purificar y reunir las bibliotecas en sus respectivos tubos. Estas bibliotecas *reamplificadas* son el material a partir del cual trabajaremos de aquí en adelante, tanto para la secuenciación como para las demás técnicas analíticas.

Dimensiones del lote: 63 tubos, aprox. 1.4 ml (V)

Dimensiones del entrevistado: 22 μ l, en un tubo de 1.5 ml

Todos juntos (figura 10)

Una última cuantificación de las bibliotecas genómicas reamplificadas basta para asegurarse que todas se encuentran en el mismo rango de concentraciones. A partir de esta medición se estima la cantidad de cada biblioteca que deberá ir en el concentrado final, o *pool*, de muestras. Este *pool* contiene una fracción de cada biblioteca genómica de nuestro lote de muestras procesadas. Un



Figura 10. Todos juntos, MPI-SHH, 2018. Fotografía © R. Barquera.

podremos ver la secuencia de cada uno de los fragmentos de DNA analizados durante la corrida de secuenciación para cada biblioteca, aun cuando es sólo una parte de la biblioteca genómica de cada individuo. Éstos son algunos de los segmentos de nuestro entrevistado YCH001. En el caso del primero, se trata de un fragmento de DNA mitocondrial, concretamente el inicio de la secuencia del genoma mitocondrial con respecto a la secuencia de referencia (NC_012920.1). La información de la primera línea, que empieza con una @, es el encabezado de la lectura, que contiene información acerca de las celdas y la corrida. Después viene la secuencia de esa lectura en el característico formato A, T, C, G.¹ Finalmente, tenemos los *scores* de calidad de cada base en formato ASCII, que nos dice la calidad de cada base en la secuencia. Esto se repite tantas veces como lecturas tengamos. Y este archivo lo podemos emplear para generar genotipos para cada individuo, lo que nos permitirá obtener nuestras respuestas: qué variantes genéticas tenía, si tenía alguna propensión a padecer alguna enfermedad, si tenía algunas características fenotípicas, y en caso de haberlas, qué patógenos se encontraban en su organismo al momento de fallecer. ¿YCH001, estás ahí? ¡Sí! ¡Oh! ¡Qué bien! ¿Y qué eres? *Un varón, señor.*

Dimensiones del lote: 9772 archivos, 26.62 GB

Dimensiones del entrevistado: 156 archivos, 378.6 MB

La autenticidad del relato (figura 12)

Pero ¿cómo saber si lo que obtenemos es en realidad la respuesta a la pregunta que nos hacemos? Una de las maneras de averiguarlo es con el uso de gráficos de daño de bases. Con éstos podemos ver la frecuencia con la que aparecen los daños característicos de las moléculas de DNA antiguo en nuestras lecturas. Tras mapear nuestras lecturas contra los genomas de referencia adecuados, podemos autenticar que nuestro material es “antiguo” si las lecturas presentan mayor cantidad de daño hacia los extremos de la molécula. Esto genera los denominados “gráficos de sonrisa” o *smiley plots* en inglés. En el caso de las moléculas tratadas enzimáticamente, la frecuencia del daño disminuye en la porción interna de cada lectura pero prevalece en los nucleótidos terminales, lo que da patrones más abruptos, pero aun así retienen la tendencia antes mencionada. Si, por el contrario, analizáramos de la misma manera moléculas modernas, el gráfico sería totalmente lineal, pues no presenta daños y, por lo tanto, los cambios en las bases nitrogenadas con respecto a la secuencia de referencia serían poco frecuentes.

Dimensiones del lote: 63 archivos PDF, 873.1 KB

Dimensiones del entrevistado: 1 archivo PDF, 13.7 KB

1. Las letras hacen referencia a las iniciales de las moléculas adenina (A), timina (T), citosina (C) y guanina (G), las bases nitrogenadas de cuya secuencia depende el material genético para preservar las instrucciones codificadas en el DNA.

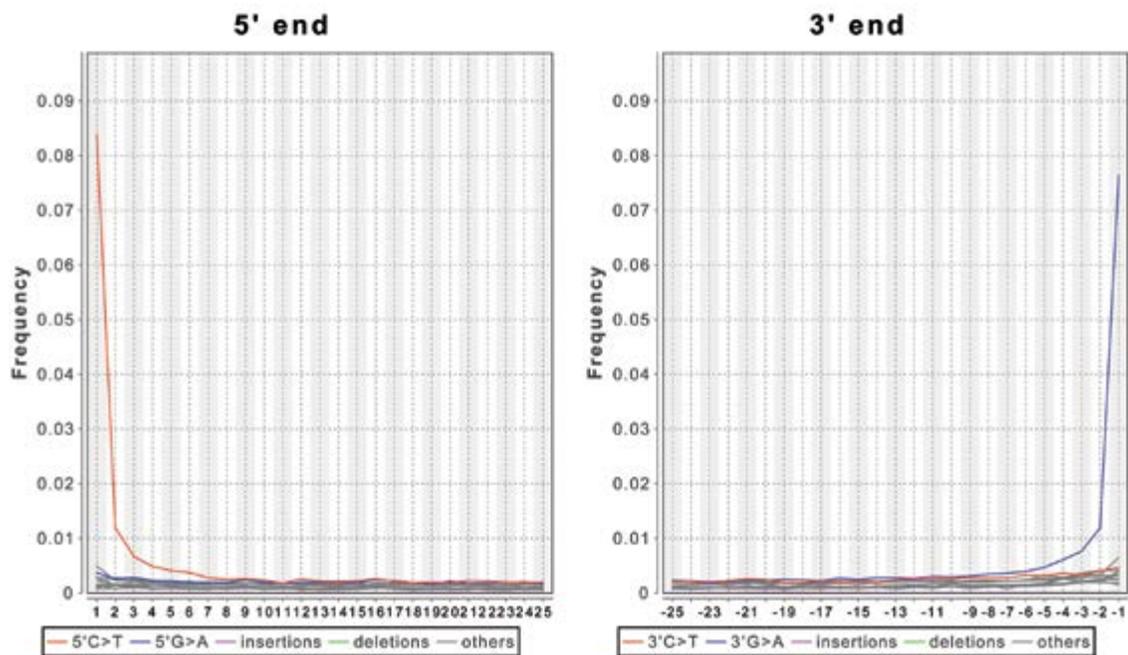


Figura 12. La autenticidad del relato, “gráficos de sonrisa” usados para verificar la autenticidad de la antigüedad del material genético analizado © MPI-SHH (Jena, Alemania).

Enfocarse en lo importante (figura 13)

A pesar de todo el esmero puesto en nuestro trabajo, difícilmente encontraremos muestras que posean altos contenidos de DNA endógeno. La mayor parte de las ocasiones nos toparemos con muestras con proporciones minúsculas de DNA auténtico procedente de la muestra, lo cual es de esperarse pues su origen estuvo enterrado por cientos o miles de años. El DNA extraído a partir de dientes y huesos humanos generalmente es una mezcla de DNA de diversos organismos (la mayoría de ellos ni siquiera antiguos, pues proceden del medio ambiente inmediato al entierro) en la que el DNA humano rara vez representa una proporción mayoritaria y la mayoría de las veces no representa más de 5% del total de las moléculas aisladas. Una estrategia posible sería secuenciar a mayor profundidad (es decir, incrementar el número de lecturas recuperadas en la corrida) pero por lo general esto no es económico ni práctico, y tal aproximación dejaría fuera a la inmensa mayoría de nuestros potenciales individuos (Allentoft *et al.*, 2015). Con la intención de incrementar la abundancia relativa de moléculas de interés se han diseñado colecciones de sondas² que se alinean y “atrapan” las cadenas complementarias a sus secuencias en las bibliotecas genómicas. Esto incrementa el número de segmentos de DNA de interés al mismo tiempo que disminuye cantidad de DNA exógeno. A continuación, las bibliotecas “capturadas” son secuenciadas como suele

2. Fragmentos de DNA sintéticos de secuencia conocida.

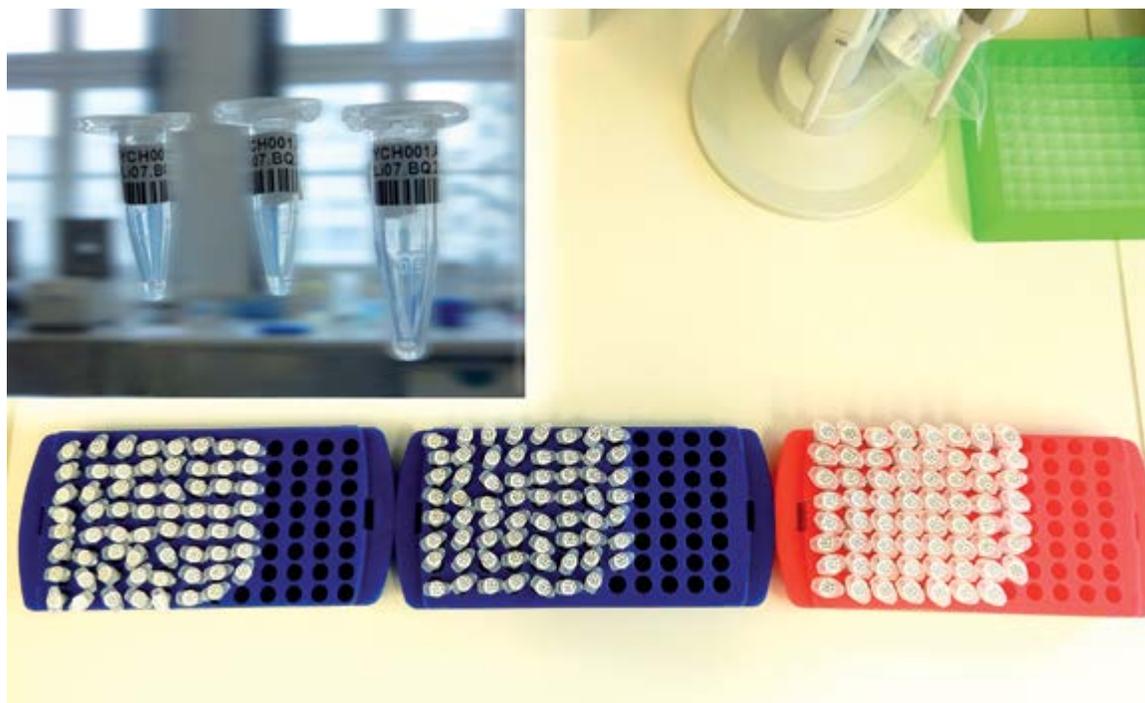


Figura 13. *Enfocarse en lo importante*, MPI-SHH (Jena, Alemania), 2018. Fotografía © R. Barquera.

hacerse, con la diferencia de que en esta ocasión contaremos con una gran cantidad de fragmentos específicos de nuestra muestra con las mismas condiciones de secuenciación. Arreglos específicos de estas sondas de captura han sido diseñados para atrapar DNA humano a nivel de genoma, enriquecido para ciertos genes o regiones genómicas de interés, patógenos o DNA mitocondrial (mtDNA). En este caso, la biblioteca genómica de YCH001 fue capturada para mtDNA, genes de respuesta inmune y una colección de 1 240 000 sitios genómicos.

Dimensiones del lote (pre captura): 189 tubos, aprox. 1.6 ml (V)

Dimensiones del lote (post captura): 29101 archivos, 95.07 GB

Dimensiones del entrevistado (pre captura): 3 tubos, 75 μ l

Dimensiones del entrevistado (post captura): 461 archivos, 1.51 GB

La historia de mamá (figura 14)

¿De dónde es tu mamá, YCH001? *De esta misma tierra, señor ¿Cuánto tiempo llevan viviendo aquí? Pues... unos 14 mil-15 mil años en este continente* (De Saint Pierre *et al.*, 2012; Brandini *et al.*, 2018). *No me acuerdo bien*. El subtipo mitocondrial presente en YCH001 pertenece al subclado mitocondrial B4b, parte a su vez, de la diversidad correspondiente al haplogrupo mitocondrial B. Este haplogrupo surge quizá en Asia cerca de 50 000 años atrás, y se diversificó en el este o sureste

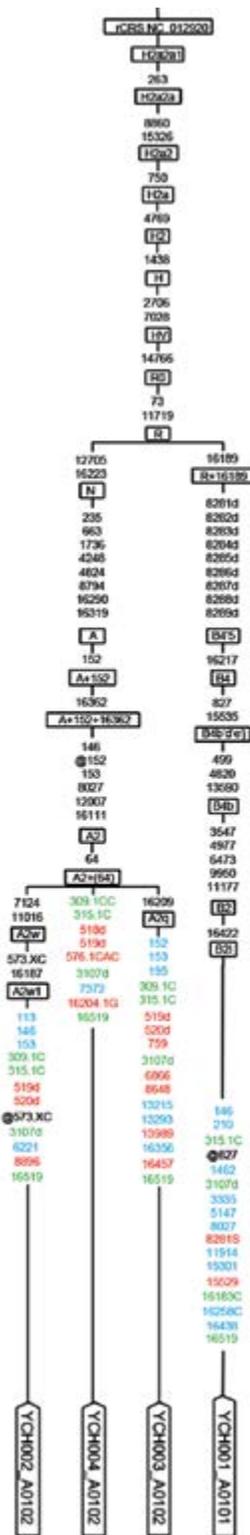


Figura 14. La historia de mamá, representación secuencial de las mutaciones diagnósticas de los linajes mitocondriales de cuatro individuos del contexto de Chichén Itzá © MPI-SHH .

asiáticos. B2 deriva de esta diversidad y más tarde, hace cerca de 15 mil años, se escinde en un subgrupo específico que es B2l, presente en poblaciones de México y del norte de Sudamérica. Cerca de la mitad de la figura, verticalmente, podemos ver a B4b. Hacia abajo están las posiciones en las que hay mutaciones características que definen al siguiente linaje, B2. Una única mutación adicional es requerida para definir al linaje B2l, al cual pertenecen YCH001, su madre, su abuela y tal vez varias generaciones de ascendencia femenina. Hacia atrás eventualmente llegamos al haplogrupo R, distribuido hoy en día sobre todo en Europa, sur y sureste de Asia y el norte de África. Este haplogrupo R es parte, a su vez, de un macrohaplogrupo conocido como N, distribuido por todo el mundo y descendiente del clado L3, el cual representa el linaje materno más común entre los pobladores fuera de África, aunque también se pueden encontrar ahí.

Dimensiones del lote: 63 archivos .bam.fq, 719.4 MB

Dimensiones del entrevistado: un archivo .bam.fq, 18.3 MB

Líneas de defensa (figura 15)

Las mutaciones que dan origen a los linajes de DNA mitocondrial son neutras, es decir, no afectan de ninguna forma el fenotipo del portador de dichos linajes, por lo cual lo único que muestran son las historias relacionadas con el movimiento de poblaciones y de personas, no su resistencia, susceptibilidad o adaptación al ambiente. Algunas de las preguntas que podemos hacer van relacionadas con cómo se adaptaban los individuos a su entorno, pero esas preguntas no pueden responderse con mutaciones neutras. Las respuestas yacen en las regiones codificantes de los genes, que en su conjunto (a nivel genómico) se les conoce como *exoma*. Las variantes génicas que YCH001 portaba transitaban desde nuestra cuna (a nivel de especie) en África, atravesaron desiertos, llanuras, estepas, tundras, bosques tropicales y se asentaron en la península de Yucatán. Esas variantes sobrevivieron a un número inimaginable de patógenos, desde virus causantes de fiebres hemorrágicas hasta parásitos intestinales, incluidas bacterias que causan infecciones agudas severas como las del género *Salmonella*, hasta las que coexisten por años sin manifestarse o cuyo cuadro clínico es una infección crónica como el complejo *Mycobacterium tuberculosis*. Son estos genes, por tanto, ganadores en la carrera de la coevolución entre los agentes infecciosos y *Homo sapiens*. Ganadores temporales. Ganadores para ese tiempo, ese lugar y ese contexto. Las variantes de YCH001 se pueden encontrar hoy en día en varias poblaciones nativas americanas, particularmente en la región del sureste de México y Guatemala, donde representantes modernos de las culturas mayas habitan hoy en día.

Dimensiones del lote: 63 archivos PDF, 55.25 MB

Dimensiones del entrevistado: 1 archivo PDF, 898 KB

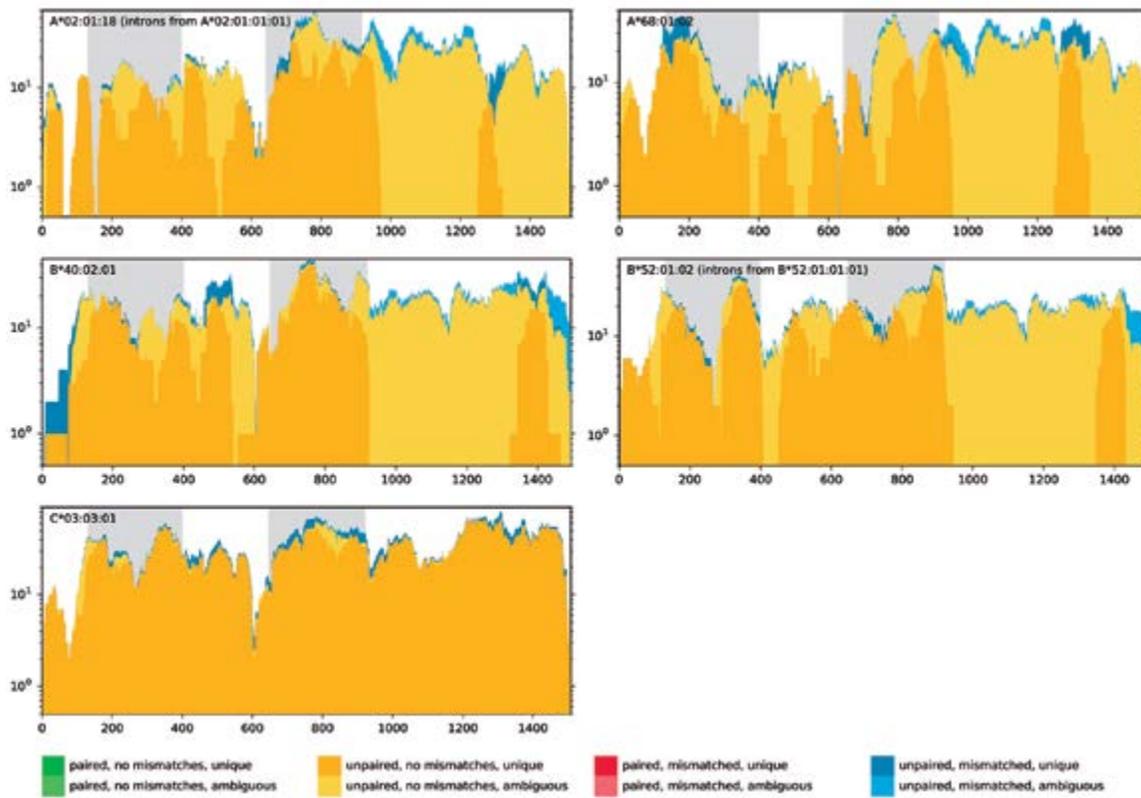


Figura 15. Líneas de defensa, gráfico de cobertura genómica de la región conocida como HLA de clase I proveniente del genoma del individuo YCH001 © MPI-SHH.

Un lugar en el universo (figura 16)

El análisis de componentes principales, o PCA por sus siglas en inglés, es una estrategia que, basada en la presencia o ausencia de colección de mutaciones dispersas por todo el genoma, permite asignar gráficamente las relaciones entre distintos grupos humanos y entre los individuos de estos grupos humanos. Entre más variantes tengamos presentes en la biblioteca genómica analizada, más precisa será la posición que obtendremos para el individuo de quien obtuvimos esa biblioteca genómica. En este caso, todos los demás individuos analizados del contexto del chultún de Chichén Itzá aparecen en el mismo gráfico, indicados con una estrella naranja. La estrella de nuestro seguimiento, YCH001, aparece indicada con la misma figura, pero en color rojo. Este gráfico nos indica, de manera visual, que los grupos mayas actuales poseen una diversidad genética comparable a la que exhibían los niños del contexto del chultún. Asimismo, se puede observar que otros grupos nativos americanos, como los pimas, zapotecos y mixtecos no se alejan mucho de la misma región, lo que indica cercanía genética entre estos grupos, al menos cuando se estudian con los marcadores empleados en este arreglo.

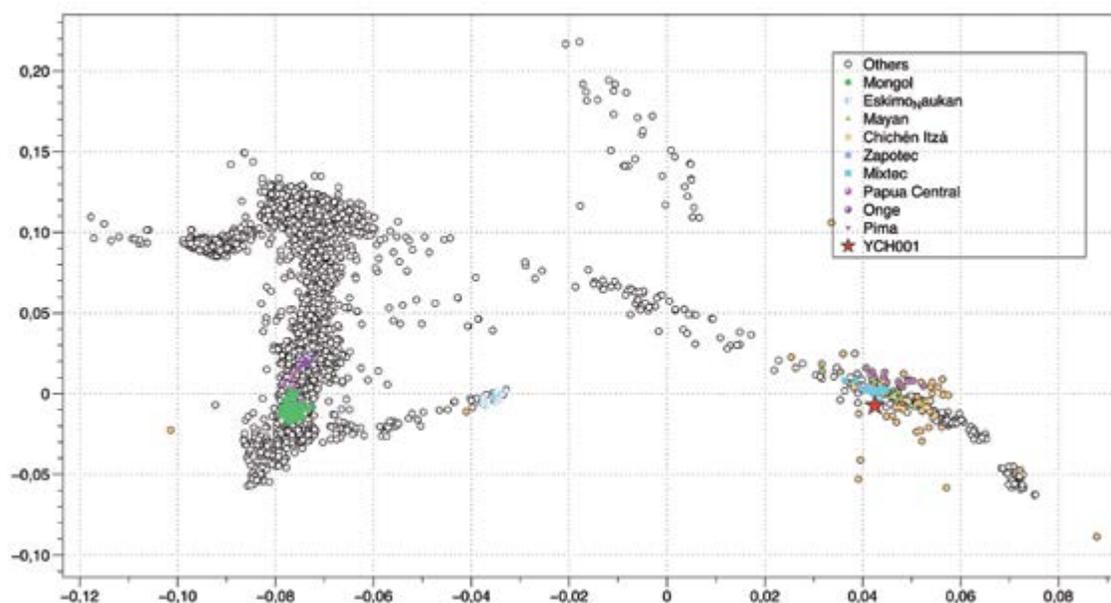


Figura 16. *Un lugar en el universo*, gráfico del análisis de componentes principales donde se muestra, con una estrella, la posición de YCH001 con respecto a otros individuos del mismo contexto y un conjunto de poblaciones mundiales © MPI-SHH.

Una despedida, por ahora

Este conjunto de análisis básicos permite dar una idea de lo que implica trabajar con DNA antiguo. Como podemos ver, aún faltan varias preguntas y respuestas, que requieren de otro tipo de análisis estadísticos y bioinformáticos, como: ¿estaban relacionados genéticamente los niños de este entierro?, ¿provenían del mismo lugar, o eran foráneos?, ¿tenían alguna característica particular a nivel de fenotipo que compartieran entre sí?, ¿qué tan distintos (o similares) son de los mayas actuales?

Pronto tendremos respuestas a estas preguntas y quizá nuevas preguntas por responder. Por ahora dejaremos descansar a YCH001, quien nos ha compartido datos acerca de su origen, su filiación genética y qué tan distinto o similar es a los habitantes mayas contemporáneos.

Dimensiones del lote: 1 archivo DataGraph, 824 KB

Dimensiones del entrevistado: 1 archivo DataGraph, 824 KB

Bibliografía

- Allentof, Morten E. *et al.* (2015). "Population genomics of Bronze Age Eurasia". *Nature*, 522, pp. 167-172.
- Brandini, Stefania *et al.* (2018). "The Paleo-Indian entry into South America according to mitogenomes". *Molecular Biology Evolution*, 35, pp. 299-311.
- Briggs, Adrian W. *et al.* (2010). "Removal of deaminated cytosines and detection of in vivo methylation in ancient DNA". *Nucleic Acids Research*, 38, p: e87.
- Higuchi, Russell *et al.* (1984). "DNA sequences from the quagga, an extinct member of the horse family". *Nature*, 312, pp. 282-4.
- Hofreiter, Michael *et al.* (2001). "DNA sequences from multiple amplifications reveal artifacts induced by cytosine deamination in ancient DNA". *Nucleic Acids Research*, 29, pp. 4793-4799.
- Hotchner, Aaron (1966). *Papa Hemingway: A personal memoir*. Nueva York: Random House.
- Márquez Morfín, Lourdes (2010). "Morir por los dioses... y uno que otro humano. Sacrificio de niños en Chichen Itzá o práctica funeraria". En Lourdes Márquez Morfín. *Los niños, actores sociales ignorados. Levantando el velo, una mirada al pasado* (pp. 253-282). México: ENAH-INAH / Conaculta / PROMEP.
- Meyer, Matthias, y Kircher, Martin (2010). "Illumina sequencing library preparation for highly multiplexed target capture and sequencing". *Cold Spring Harbor Protocols*, 2010 (6): prot5448. doi:10.1101/pdb.prot5448.
- Pääbo, Svante (1985a). "Preservation of DNA in ancient Egyptian mummies". *J Arch Sci*, 12, pp. 411-417.
- ____ (1985b). "Molecular cloning of Ancient Egyptian mummy DNA". *Nature*, 314, pp. 644-645.
- Pinhasi, Ron *et al.* (2015), "Optimal ancient DNA yields from the inner ear part of the human petrous bone". *PLoS One*, 10, p. e0129102.
- Saint Pierre, Michelle de *et al.* (2012). "An alternative model for the early peopling of southern South America revealed by analyses of three mitochondrial DNA haplogroups". *PLoS One*, 7, p. e43486.

La violencia implícita en la discriminación étnica y el papel de la lengua materna. Narrativas de mujeres *mè'phàà* y *na savi* de La Montaña de Guerrero

María Cristina Hernández Bernal*

ISSN: 2007-6851

p. 111-p. 133

Fecha de recepción del artículo: marzo de 2018

Fecha de publicación: diciembre de 2018

Título del artículo en inglés: *The Violence Implicit in Ethnic Discrimination and the Role of Mother Tongue: Narratives of Mè' Phàà and Na Savi Women from the Montaña Region of Guerrero*

Resumen

La lucha por el reconocimiento del derecho a una diferencia étnica y el acceso pleno a los derechos humanos y culturales es un recorrido más arduo y sinuoso para las mujeres indígenas. Por ello, aquí se presentan distintos casos etnográficos de discriminación y violencia para contribuir a la documentación de sus implicaciones en la vida de las mujeres. Generalmente éstas se traducen en dolor, sufrimiento, angustia e injusticia social dentro de un contexto de desigualdad sustentada en relaciones de poder. Aquí se aborda de manera específica un tipo de discriminación étnica: la que se ejerce por hablar la lengua materna. La lengua materna es el principal medio de comunicación de las mujeres indígenas, pero al mismo tiempo constituye una barrera que se genera a causa de una política lingüística fallida o inexistente, situación que impide a sus hablantes hacer uso de manera plena de sus derechos humanos, civiles y culturales.

Palabras clave: mujeres indígenas, lengua materna, violencia, discriminación, política lingüística.

Abstract

The struggle for recognition of the right to ethnic difference and therefore full access to human and cultural rights is a journey even more arduous and tortuous for indigenous women. In this paper we present different ethnographic cases of discrimination and violence to contribute to the documentation of its implications in women's lives. They generally translated into pain, suffering, anguish, and social injustice within a context of inequality based on power relations. Here the focus is on a type of ethnic discrimination that arises from speaking one's mother tongue. The mother tongue is the principal means of communication for indigenous women, but at the same time it is a barrier produced by a failed or non-existent language policy. This situation prevents its speakers from fully accessing their human, civil, and cultural rights as citizens.

Keywords: indigenous women, mother tongue, violence, discrimination, linguistic policy.

* Programa Nacional Etnografía de las Regiones Indígenas de México, Equipo Regional Guerrero, CNAN-INAH. Doctorante en Ciencias Antropológicas, Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa (marcris_hernandez@hotmail.com).

A veces es muy bueno ser indígena, pero en ciertas regiones o en el nivel educativo, ya sea en la ciudad o aquí mismo, es pues discriminado el indígena. Por ser indígenas te toman como que eres demasiado ignorante o que no estás al nivel de ellos para aprender.
Félix, mujer mè'phàà y profesora de secundaria, 51 años. Tlapa de Comonfort, Guerrero.

Las situaciones de vulnerabilidad en que viven las mujeres indígenas no pueden ser minimizadas. Por ello resulta urgente profundizar sobre el terrible impacto social y personal de esta problemática, tomando como caso representativo las experiencias femeninas de discriminación de dos municipios pertenecientes a la región de La Montaña en el estado de Guerrero: Tlapa y Malinaltepec. Se busca reconocer el problema multidimensional de la discriminación experimentada por las mujeres indígenas, a partir de las limitaciones que se les imponen por expresarse en su lengua materna. Este tipo de discriminación no puede permanecer silenciado o invisibilizado, ya que ha permanecido bajo el amparo de un sistema político que ignora las múltiples violencias padecidas por las mujeres indígenas de manera cotidiana, causando efectos negativos y permanentes en las vidas de las afectadas.

Se asume en el presente análisis antropológico, como un compromiso social impostergable, garantizar el acceso de todas las mujeres, en especial de las indígenas, a un trato respetuoso generado por un cambio de actitud frente a la diversidad cultural, y en especial frente a uno de los pilares que le da fundamento: la lengua materna.

La delimitación espacial, la dualidad discriminación-violencia y la lengua materna: una conjunción de elementos adversos

El presente artículo se sitúa en un contexto de vida específico: la región de La Montaña de Guerrero, que se ubica en una vertiente de la Sierra Madre del Sur, en las coordenadas 16° 37' a 17° 38' latitud norte; y 98° 24' a 99° 47', longitud oeste, y con una altura variable de 800 a 3 050 msnm. La Montaña es una de las siete regiones administrativas del estado de Guerrero y está situada en la parte noreste de esa entidad federativa. Colinda al norte-noreste con el estado de Puebla, al este con Oaxaca, al norte con la región Costa-Montaña y al oeste con la región Centro del estado. Más allá de lo geográfico-administrativo, en términos de la medición de la pobreza, el Coneval (2014: 116) destaca que “la pertenencia étnica se asocia siempre a mayores niveles de precariedad que los de la población total [...] Además, conforme los rasgos étnicos se vinculan de manera más estrecha con criterios estructurales como el habla, dicha precariedad tiende a acentuarse”. De acuerdo con Mariana Mora, durante los últimos treinta años esta región ha padecido de manera sistemática la violencia por parte del Estado, “tanto en sus políticas como en quienes las llevan a cabo, teniendo resultados como la militarización semi-permanente; marginalidad de la comunidad política, fragmentación social, intensificación de actos de discriminación contra la población indígena



Figura 1. Mapa donde se observa, en sombreado, la ubicación de los municipios que componen actualmente la región La Montaña de Guerrero. Enciclopedia de los municipios y delegaciones de México, recuperado de: <[www.http://siglo.inafed.gob.mx/enciclopedia/EMM12guerrero/regionalizacion.html](http://siglo.inafed.gob.mx/enciclopedia/EMM12guerrero/regionalizacion.html)>.

haciendo permanentes las condiciones profundas de desigualdad en las comunidades racializadas como inferiores” (Mora, 2013: 175). Sin embargo, esta vulnerabilidad de los pueblos indígenas no es una vulnerabilidad espontánea; de hecho, es producto de una marginalidad histórica (Bonfil, 1994).

La Montaña concentra ocho de los doce municipios habitados por hablantes de lengua *mè'phàà*. En cuatro de los primeros, los *mè'phàà* comparten territorio con *nahuas* y *na savi*: Acatepec, Zapotitlán Tablas, Tlacoapa y Malinaltepec. Cabe señalar que, como parte de los estudios antropológicos, la región se definió como “mixteca-nahua-tlapaneca de La Montaña de Guerrero” a partir de la publicación de la obra *Entre los aztecas, mixtecos y tlapanecos de la Sierra Madre del Sur de México*, de Leonhard Schultze-Jena, publicada en 1937, que cuenta con apartados sobre el hábitat, la vida y la cultura de los nahuas, mixtecos (*na savi*) y tlapanecos (*mè'phàà*) de La Montaña (Broda, 2008: 117). Esta denominación fue retomada más tarde en la investigación de Alfonso Fabila y César Tejeda en 1954, para recabar la información necesaria para planificar un Centro Coordinador del Instituto Nacional Indigenista (INI).

Se considera como premisa que las mujeres indígenas en el estado de Guerrero se enfrentan a múltiples violencias en diversos círculos de la vida cotidiana incluyendo los ámbitos familiar, comunitario y regional: de género, de pareja, familiar, sexual, emocional, laboral, escolar-educativo e institucional. De acuerdo con Philippe Bourgois, existe un marco analítico desde donde se observan algunas formas de violencia preservadas mediante estructuras injustas y desiguales que generan conflictos primigenios entre las personas, porque consisten en una distribución no equitativa de los recursos.

Se puede hablar de una violencia estructural, retomada de Johan Galtung (1969), centrada en las relaciones de poder que son propias del sistema neoliberal y producen sufrimiento social a escala mundial (Bourgois, 2002: 222). De hecho, la violencia es difícil de reconocer cuando no implica un acto transgresor hacia las personas de manera física; es decir, en su corporalidad. Hacerla visible es en sí una problemática porque “la violencia castiga desproporcionadamente a los sectores estructuralmente vulnerables de la sociedad y frecuentemente no es reconocida como violencia ni por las víctimas ni por sus verdugos [...]” (Bourgois, 2009: 29).

Ésa es la violencia presente en la discriminación étnica o racial. En ella no se observan actos de agresión física, pero sí un trato subordinado con la finalidad de establecer una diferencia jerárquica marcada en la interacción de individuos o colectivos, cuyo resultado es una posición desventajosa para una de las partes. Este tipo de discriminación reproduce roles de desigualdad social que dañan de manera permanente y continua al subordinado.

Existe además una violencia estructural, experimentada por quienes la padecen a través de distintas interfaces con otras formas de violencia, como la violencia política, la violencia cotidiana y la violencia simbólica (Bourgois, 2002: 222). Pierre Bourdieu (Bourdieu, 2001 en Bourgois, 2009) reconoce a la discriminación como una forma de violencia simbólica por su referencia asociada a un mecanismo donde los sectores dominados de la sociedad naturalizan esa dominación mediante un proceso donde se interioriza la violencia y “se culpan a sí mismos por su dominación, transformándola de este modo en algo que parece legítimo y ‘natural’ [...] Los insultos de por sí no son violencia simbólica. La violencia simbólica se da a través del proceso vil del reconocimiento erróneo por el cual los socialmente dominados llegan a sentirse merecedores de los agravios que sufren y reconocen a las jerarquías de estatus dominantes como legítimas” (Bourgois, 2009: 31). Al argumentar sobre la utilidad del concepto *violencia simbólica* en tanto vehículo de comprensión, Bourgois afirma que “nos permite entender mejor que la violencia de todos los días puede ser reducida cuando las personas se movilizan por sus derechos políticos” (Bourgois, 2009: 225), que incluyen también el reconocimiento de los derechos culturales.

La violencia generada por la discriminación y la exclusión que padecen las mujeres, primero por su condición de género y después por su origen étnico, se traduce en distintas interfaces que inician con la naturalización de los malos tratos y se prolongan en una vida disfuncional propiciada por el miedo, la tristeza, el trabajo prolongado sin descanso y el sometimiento del derecho a elegir, a opinar y a expresarse de manera libre. Cuando las acciones discriminatorias se llevan a cabo para hacer una diferencia entre el “yo” y el “otro” con base en factores raciales o étnicos como el color de la piel, la indumentaria, la apariencia física o la lengua materna, entre quienes son víctimas de estas acciones de diferenciación se pueden producir eventos potencialmente traumáticos por los prejuicios implícitos: “Se trata de imágenes negativas y rígidas, a veces naturalizadas o estigmatizadas, de actitudes de rechazo burdas o sutiles, de valoraciones negativas de sus culturas que aparecen en condiciones de dominación, cuando se percibe

una amenaza a intereses específicos y privilegios, y una competencia por recursos [...]” (Castellanos, 2000: 15).

Para el caso etnográfico aquí expuesto, es importante reconocer las distintas formas de expresión de la violencia y considerar la diversificación, tanto de sus modalidades como de sus dinámicas, para profundizar en los tratos y acciones que son violentos pero que difícilmente pueden catalogarse como tales, además de presentarse en espacios privados como el ámbito doméstico u otros donde las mujeres se encuentran generalmente solas, por ejemplo, espacios judiciales o servicios de atención obstétrica y ginecológica. También hay que considerar la existencia de acciones discriminatorias y violentas en espacios públicos como las escuelas y los comercios, donde las mujeres indígenas se ven afectadas de manera directa por ser las encargadas tanto de las responsabilidades escolares de los hijos como de hacer las compras necesarias en el hogar.

Las múltiples formas de la violencia no se excluyen entre ellas y se presentan de manera combinada. Philippe Bourgois considera que la violencia es parte de la vida cotidiana y contiene en sí misma raíces, vínculos, tentáculos, diversidad, omnipresencia y mala fe, además de encontrarse relacionada de una forma estrecha con la distribución desigual de los recursos (Bourgois, 2009: 30). Existe entonces un modo de violencia experimentada de manera permanente por las mujeres *mè' phàà* y *na savi*, de naturaleza menos visible: la discriminación,¹ de permanencia histórica en los pueblos indígenas, misma que se ha normalizado a un grado alarmante si se considera una conducta donde se afecta en distintos grados a personas o colectivos diferenciados culturalmente. La discriminación étnica o racial, como se mostrará a lo largo del artículo, se acompaña de jerarquías de poder arraigadas en un largo proceso histórico de subordinación en contextos sociales caracterizados por la vulnerabilidad y la pobreza. Dentro de la esfera de la discriminación étnica, se explora aquí de manera más profunda lo que Alicia Castellanos reconoce como uno de los símbolos de identidad objetivos: la lengua materna (Castellanos, 2004: 25).

Haciendo una reflexión de lo general a lo particular, la discriminación es más que un término definitorio de una práctica social arraigada que conlleva un extenso campo semántico; es decir, se constituye de múltiples elementos que le dan forma: exclusión, desigualdad, invisibilidad, subordinación, negación, imposición y pobreza; pero sobre todo, la discriminación tiene un marcado sentido de privación de la dignidad y de los derechos fundamentales de las personas o grupos sociales definidos históricamente como “los otros”, los distintos y casi extraños a la sociedad nacional por conservar su identidad cultural y maneras específicas de relacionarse con su entorno social y natural.

1. El Consejo Nacional para Prevenir la Discriminación (Conapred) y la Secretaría de Desarrollo Social del Gobierno Federal realizaron en 2005, por primera vez en México, la Encuesta Nacional sobre Discriminación, cuyo objetivo fue conocer la percepción de la población mexicana respecto a la discriminación en la vida cotidiana, sentar las bases para la medición de la pobreza y desarrollar instrumentos para una política de evaluación del desarrollo social, así como para una política antidiscriminatoria en el país. La encuesta se aplicó a 5 612 personas de distintos círculos discriminados, pero no incluyó a las personas portadoras del VIH. “En los resultados de la encuesta se destaca que el 15,6% considera a la población indígena como el segundo sector más desprotegido; el 19,9% piensa que la discriminación y la pobreza son consecuencia de que en una comunidad o ciudad convivan indígenas y no indígenas; y el dato más revelador es que 20,1%, uno de cada cinco mexicanos, no aceptaría compartir su vivienda con un indígena” (Bustamante, 2009: 5).

Las consideraciones anteriores reflejan un tipo de discriminación referida de manera más específica a los pueblos originarios. Es pertinente entonces hablar de discriminación étnica, la cual, afirma Yuri Escalante, además de perjudicar a los grupos y personas de manera particular afecta “[...] al tejido social en su conjunto, poniendo en riesgo la armonía y los vínculos entre todos los sectores socioculturales que lo integran”. De acuerdo con Escalante, la discriminación étnica es “[...] un género muy específico de discriminación, ya que se dirige a personas y/o grupos que se distinguen por sus características raciales, culturales, nacionales o cualquier otra que las asocie con un grupo que comparte una herencia común [...] que no se limita a los rasgos físicos, sino a un conjunto de elementos objetivos y subjetivos [...] donde las características físicas y culturales se presentan como algo indisociable” (Escalante, 2009: 8, 10-11). La discriminación étnica se acompaña generalmente de expresiones de racismo² que, de hecho, se presentan de manera combinada y difícilmente pueden separarse por ser “parte fundamental de la estructura social”, como lo advierte Leith Mullings (2013: 333):

El racismo está asociado con la modernidad, así como está vinculado con la expansión europea, la consiguiente esclavización de africanos, el colonialismo y el imperialismo. La mayoría de los historiadores está de acuerdo en que el racismo *a)* está atado de manera inextricable a la emergencia histórica de los Estados-Nación; *b)* frecuentemente se construye sobre la base de conflictos anteriores y, además, *c)* emerge en medio de la resistencia. Sin embargo, pero no sorprendentemente, existe alguna diferencia de opinión sobre las fechas precisas, la centralidad del racismo para la modernidad y los roles y direcciones de causalidad de aspectos particulares de la modernidad.

Pese a que el artículo 2º constitucional establece que México es un país pluricultural, donde se reconoce el derecho de los pueblos originarios a preservar y enriquecer sus lenguas, así como todo lo relacionado con su identidad, los integrantes de esa diversidad cultural siguen enfrentándose a la exclusión asentada en la diferencia étnica y en el racismo. En el caso de las mujeres, esta exclusión por discriminación se recrudece por la dificultad de expresarse en español cuando desean buscar asesoría jurídica y legal, solicitar información, acceder a un servicio o realizar un trámite. Debido a ello, el hilo conductor para el análisis de sus experiencias será, como ya se mencionó, el empleo de la lengua materna y su papel central en el silenciamiento de sus voces mediante la dis-

2. La antropóloga Leith Mullings (2013) advierte que el racismo “es un concepto ampliamente usado por académicos y público en general. Éste, sin embargo, es un término relativamente reciente, que empezó a usarse durante la Segunda Guerra Mundial. La literatura histórica americana ha conocido dos perspectivas sobre la fuente del racismo. Se tiene, por un lado, la tesis del ‘racismo natural’ [...], que generalmente conceptualiza el racismo como un conjunto de orientaciones psicológicas, prejuicios y creencias vinculadas a fenómenos que se dan al interior o fuera de los grupos, y cuya fuente es la naturaleza humana, que se considera innata, natural o primordial. Está, por otro lado, una perspectiva más persuasiva que vincula el racismo a estructuras de poder que emergen de procesos de acumulación y desposesión en contextos locales y transnacionales. Tal es el enfoque que aparece en las producciones de teóricos sociales como Eric Williams (1944), W. E. B. Du Bois (1946), Oliver Cox (1948), St. Clait Drake (1987), Walter Rodney (1972) y sus descendientes intelectuales. En esta perspectiva se desarrollan las investigaciones antropológicas, sociológicas e históricas sobre racismo” (Mullings, 2013: 329-30).

crimación lingüística —definida más adelante—, que opera como una manera de legitimar las acciones de dominación basadas en el establecimiento de jerarquías de poder culturales y de género que producen un mecanismo donde se promueven —se quiera o no— contextos vulnerables y de violencia continua y permanente.

El papel de la lengua materna es relevante debido a su uso preponderante en la expresión verbal de las mujeres; sin embargo, se toma como un elemento para justificar su exclusión mediante la negación cotidiana para ser tratadas con respeto y la privación de los derechos que conlleva el reconocimiento a la diferencia cultural; con ello, se afecta de manera directa el establecimiento de relaciones equitativas: “La supuesta incompatibilidad entre culturas y la naturalización de las diferencias físicas y culturales han estado vigentes en las relaciones interétnicas y han conducido también al rechazo absoluto del Otro” (Castellanos, 2000: 11).

Las expresiones racistas tienen manifestaciones concretas. En el caso de México, como lo asegura Olivia Gall, “el racismo anti-indígena, a pesar de haber sido negado durante tantas décadas tras el mito del mestizaje, es un fenómeno claro y de gran peso social, [donde se ha entretendido de maneras concretas] con la discriminación de género, lo cual ha hecho de las indígenas mexicanas los seres más excluidos del goce de la ciudadanía” (Gall, 2004: 221).

Existen contextos donde se pueden apreciar de manera más nítida las expresiones discriminatorias y racistas contra las personas indígenas. Entre ellos, los referentes al ámbito educativo son los que se perciben de manera más cruda y prolongada. Es en las aulas donde a edades muy tempranas se les confronta de manera negativa por su origen étnico, donde se incluye el color de la piel, la vestimenta y —muy significativamente— el uso de huaraches.

Es imprescindible enfatizar que uno de los elementos culturales que más rechazo tiene es —sin duda— el uso de la lengua materna y el poco o nulo dominio de la segunda lengua impuesta: el español. En el proceso de discriminación de la lengua materna, al que se suma la exigencia de hablar español, impuesta desde el ámbito escolar, se sientan las bases que justifican la exclusión.

La imposición de un modelo educativo que transmite valores y exigencias sociales supone la dominación de una cultura sobre otras. A través de la educación se intenta formar un tipo estandarizado de ciudadano; para cualquier integrante de un grupo étnico, esto implica el distanciamiento y la ruptura con sus tradiciones culturales y su lengua materna. Optar por la castellanización ha sido una manera de destruir las formas culturales y la identidad social de los grupos étnicos.

Así las cosas, consideramos necesaria la reflexión sobre la discriminación y sus manifestaciones violentas que han producido una política educativa orientada a la castellanización de los grupos indígenas y han tenido un impacto en los lenguajes propios al producir el despojo de herramientas fundamentales para la identidad cultural y la practicidad en la vida cotidiana de estos grupos. De manera particular, se exploran las experiencias de las mujeres respecto al uso obligado del idioma español en detrimento de su lengua materna y las importantes implicaciones que esto tiene para la generación de un contexto de vulnerabilidad relacionado con la falta de liber-

tad de expresarse en su idioma, que refuerza en estas hablantes sentimientos de subordinación e inferioridad. El ámbito educativo es clave para entender el proceso del reconocimiento de los derechos lingüísticos; pero a la vez, dicho ámbito debe observarse desde el papel que ha jugado en las experiencias femeninas de discriminación.

La finalidad es explorar una línea más de las múltiples formas que asume la discriminación y con ello comprender mejor el contexto de vulnerabilidad de las mujeres de La Montaña, para hacer visibles los obstáculos intra y extracomunitarios que limitan su acceso a un trato respetuoso y equitativo, trastocado mediante las acciones racistas y discriminatorias violentas que afectan la dignidad femenina. Por motivos comprensibles, se omiten aquí los nombres completos de las mujeres que permitieron que sus experiencias fueran citadas en este trabajo.

La documentación etnográfica y su importancia en el análisis de las implicaciones de la discriminación en la vida femenina

La propuesta teórica y de método para adentrarnos en la experiencia de la discriminación en contextos de exclusión y desigualdad que producen políticas públicas específicas, se elabora desde la centralidad del sujeto; es decir, a partir de la vivencia narrada desde un lugar específico, del “aquí y ahora”. La perspectiva de la teoría feminista con enfoque geográfico sirve mucho para los fines del presente análisis, pues permite pensar las relaciones entre los espacios y los grupos considerados, social y políticamente, como subalternos. Es decir, las manifestaciones de discriminación vividas por las mujeres de La Montaña de Guerrero tienen espacios concretos y bien definidos.

Enuncio a continuación los espacios mencionados de manera frecuente donde las mujeres acusan una tendencia a ser discriminadas: la escuela, los espacios públicos, el pueblo (el espacio donde habitan), las oficinas de servicio de las instituciones gubernamentales, los hospitales y los centros de salud donde se brindan servicios médicos, incluyendo también a las caravanas médicas que visitan de manera esporádica las comunidades.

La metodología aplicada consideró el uso de la etnografía narrativa,³ que consiste en poner de relieve lo que las mujeres *mè'phàà* y *na savi* expresan sobre la discriminación de la que son víctimas, haciendo énfasis en su punto de vista, sin distorsiones ni interpretaciones. Gracias al enfoque metodológico, las entrevistas aportaron datos significativos sobre el problema cruel de la discriminación, a partir de experiencias que son pequeñas muestras de una condición generalizada de las mujeres.

3. La etnografía narrativa se retoma de la metodología planteada por el antropólogo Philippe Bourgois (2010) en sus diversos trabajos respecto a la violencia y exclusión que viven distintos sectores sociales en Estados Unidos y en países centroamericanos como Nicaragua. En esta metodología se considera como una categoría analítica la percepción de los agentes frente a sus circunstancias a través de la narrativa de sus experiencias y las historias personales documentadas sólo a partir de la generación de vínculos estrechos con el establecimiento de lazos de confianza, involucrándonos como etnógrafos de manera íntima con los agentes que se encuentran social, cultural y económicamente subordinados.

Discriminación en la escuela sí hay, yo fui discriminada sólo por ser indígena. Cuando iba mi mamá [a la escuela] y ella me empezaba a hablar en la lengua y los compañeritos pues se portan muy groseros cuando uno es estudiante. Decían: “No hay que juntarnos con ella porque pues ellos son pobres porque hablan tal dialecto y son pobres. Entonces no”, y se separaban. Yo tenía una compañerita que ahí mismo hablaba náhuatl y nos juntábamos nosotras dos. Son cosas que repercuten mucho en nuestra vida esto de la discriminación, porque es toda una vida con esa mentalidad de ser rechazado, desde ser estudiante, desde que nos hacen a un lado nada más por hablar una lengua o por ser como dicen ellos: pobres. Yo lo sufrí cuando era estudiante y aquí también veo que pasa ya en la profesión [maestra de educación básica], pues no se debe, no se debe hacer eso de estar discriminándonos. Bueno, yo no lo he vivido aquí a nivel zona, porque pues se supone que todos somos maestros bilingües, pero cuando asistimos a otros cursos fuera de la región de trabajo ya sea en Chilpancingo, o en otras ciudades, si se menciona que somos indígenas o se dan cuenta, nos dicen infinidad de cosas [...] Sufres, la discriminación se siente.

(Lety, mujer *na savi* y profesora de nivel primaria, 36 años. Tlapa de Comonfort, agosto de 2017).

El siguiente apartado concentra una pequeña —pero muy significativa— muestra de las experiencias de las mujeres en distintos espacios de interacción donde perciben de manera más aguda el trato de inferioridad por ser mujeres, por ser indígenas y por expresarse de manera más habitual en su lengua materna.

Los primeros espacios de socialización en la infancia y la discriminación lingüística: efectos secundarios del proceso de castellanización

La discriminación lingüística es un tipo de discriminación cultural que afecta a una persona o grupo social a causa de su lengua materna o particularidades lingüísticas y por ese motivo se le trata de manera despectiva. Este tipo de discriminación se justifica en la diferenciación del habla, así como en la comunicación incompatible, cuyo resultado es su segregación respecto al idioma dominante, que en este caso es el español. Al lado de la discriminación racial, es un fenómeno social, cultural y político de larga duración. Se puede rastrear hasta la época de la Conquista, en el proceso de la expansión europea, que se caracterizó —entre otras cosas— por la adscripción subordinada de distintas sociedades con lenguas y culturas diferenciadas a un sistema cultural hegemónico. Las sociedades colonizadas fueron obligadas violentamente a transformar sus modos de ser y su manera de vivir, y experimentaron de manera permanente la coerción sociocultural de los conquistadores para transformarse de manera drástica; transformación cuyo objetivo era la uniformidad social mediante el etnocidio.

Aunque el proceso de extinción de la diversidad lingüística ya había comenzado antes de la Conquista, por la sustitución de las lenguas locales por el náhuatl; “en la historia de México [...]

a partir de la llegada de los españoles, el desplazamiento progresivo de las lenguas indígenas llevará a su desaparición total si no cambia el ritmo de extinción de los últimos cinco siglos” (Garza y Lastra, 2000: 139). Al ser un eje medular de cada cultura, desde la época de la colonización la lengua materna fue un elemento de discriminación y subordinación. Este problema no ha sido superado del todo en nuestros días y requiere de un esfuerzo consistente y constante para su erradicación. Es un problema bastante añejo, una historia de larga duración —diría F. Braudel— a la que las autoridades en turno han atribuido poca monta y remiten a una identidad minorizada.

Confirmar la propia identidad frente al extraño, frente al otro, afirmar el propio orden como absoluto y como el único posible siempre ha presupuesto en la historia procesos cuya finalidad es deslindarse del “otro” y de su cultura. Este deslinde es la condición previa para el posterior dominio de la otredad y proceder con todo radicalismo a imponer los mecanismos de destrucción de las formas de vida tradicionales (Frey, 2002: 108-109; 141-142).

Con el inicio de estas políticas etnocentristas da comienzo el proceso histórico de homogenización cultural, que es descrito por Guillermo Bonfil como aquél...

[...] a través del cual poblaciones que originalmente poseían una identidad particular y distintiva, basada en una cultura propia, se ven forzadas a renunciar a esa identidad, con todos los cambios consecuentes en su organización social y su cultura. La desindianización no es el resultado del mestizaje biológico, sino de la acción de fuerzas etnocidas que terminan por impedir la continuidad histórica de un pueblo como una unidad social y culturalmente diferenciada (Bonfil, 1994: 42).

Así, la intención firme de la Corona española para la europeización del Nuevo Mundo se caracterizó por dos aspectos fundamentales: la castellanización y la evangelización. La política de la negación de la diversidad cultural tiene desde entonces, como uno de sus centros focales, el exterminio de todas las lenguas distintas al español. Para tal efecto se crearon diversas modalidades institucionales, que iniciaron en la institución eclesiástica y transfirieron esa misión de manera gradual a las instituciones educativas. Un caso emblemático de esta ideología es el indigenismo mexicano.

Los esfuerzos hechos para la consolidación de nuestro Estado nacional tuvieron su auge en el periodo posterior a la Independencia y muy particularmente en la segunda mitad del siglo XIX, donde la historia del indigenismo⁴ tiene de nuevo el “problema del indio”. Éste sería el proyecto oficial, el eje rector ideológico para homologar a la nación y para promover la imagen de un país unificado, integrado por ciudadanos con una sola lengua y una sola cultura. En el siglo XX el proyecto oficial se impuso con toda su fuerza en todos los niveles del gobierno:

4. Se ha llamado *indigenismo* a las distintas etapas históricas y a los proyectos de desarrollo educativo, cultural y socioeconómico que han contextualizado la vida de los pueblos indígenas del país. Sobre el particular, véase Villoro (1993). *Los grandes momentos del indigenismo en México*. México: FCE.

Este nacionalismo cultural impregna el quehacer subsiguiente de las instituciones indigenistas mexicanas. Las comunidades indígenas son sometidas a procesos de “aculturación selectiva”, destinada a sustituir de forma un tanto mecánica “elementos culturales” indígenas por otros mestizos, y todo ello con el objetivo último de “mexicanizar al indio” [...] pero desde sus inicios el indigenismo mexicano opta por la escuela como principal dispositivo de integración nacional (Bonfil, 1994: 42).

La imposición de un modelo educativo supuso también la dominación de una cultura sobre otra, la trasmisión de valores y de exigencias sociales. Mediante este modelo educativo se intenta formar al nuevo ciudadano, lo cual implica alejar al educando indígena de sus tradiciones culturales y de su lengua materna. Optar por la castellanización era una manera de destruir tanto las formas culturales como la identidad social de los grupos étnicos, como enfatiza Suzane Romaine: “la categorización del mundo a través del lenguaje es una actividad social continua, puesto que constantemente aparecen nuevas cosas que han de ser nombradas [...] la categorización tiene también una base cultural. [Así] El mundo no es como es, sino como lo hacemos nosotros a través del lenguaje” (Romaine, 2006: 46). De este modo, luego de la creación de la Secretaría de Educación Pública (SEP), en 1921, el proyecto educativo nacionalista ha buscado combatir el analfabetismo y fomentar la escuela rural, establece la Escuela de Verano y para 1922 funda la primera de diez escuelas normales rurales.

No obstante, a pesar de los espacios generados, “los campesinos e indígenas seguían siendo para la SEP sujetos carentes de cultura y racionalidad, incapaces de generar conocimiento. A través de sus proyectos, la SEP buscaba generar un encuentro entre los maestros y las comunidades rurales; así, los maestros se vuelven piezas clave para reinterpretar y transmitir en las zonas rurales la política educativa del Estado” (Peña Pérez; en Dietz y Mateos, 2013: 67). Esta postura ideológica tuvo en las políticas educativas y en la escuela a su mejor aliado, con la castellanización como su herramienta fundamental. Como resultado de esta educación se esperaba que los niños culminaran la primaria y pudieran incorporarse a la educación secundaria, donde ya no se emplearía la lengua materna, con una formación académica de tipo occidental-mestizo (Dietz y Mateos, 2013: 72-73) y al regresar a sus comunidades funcionarían como un “agente aculturador”.

Pero no se tenía contemplado que, como resultado de esta educación, surgieran también académicos indígenas integrantes del magisterio y como sujetos de estas políticas comenzaron un proceso reflexivo de ellas y llegaron a inconformidades que sirvieron de plataforma a las primeras luchas indígenas donde se reivindicó el derecho de los pueblos a promover y reproducir su cultura. Nació así, en 1978, la Dirección General de Educación Indígena, donde se inició un proyecto educativo cuya finalidad era la implantación oficial del sistema de educación primaria de tipo bilingüe y bicultural. La lucha por el reconocimiento de la diferencia, sin embargo, no empezó ni terminó ahí. La experiencia de la incorporación de políticas lingüísticas y educativas, así

como sus resultados prácticos, tienen matices que sólo podemos significar a través de la experiencia de sus beneficiarios, agentes que reflexionan, critican, construyen y deconstruyen a la par de éstas, pero desde un posicionamiento, libre y autónomo:

Cuando uno sale del pueblo sufre discriminación, eso una lo ve en la escuela. Por ejemplo, cuando yo me fui a estudiar la secundaria y había niñas de otros estados, se decían entre ellas: “A ella no le hables, porque no sabe hablar bien”. Pero mi primer idioma es el *mè'phàà*, entonces esa es la lengua que yo sé muy bien. Pero eso no lo entiende la gente y yo veo que eso hace que las cosas sean más difíciles; por ejemplo, yo no hablaba bien el español, pero había niñas que estaban peor que yo, ellas si no hablaban para nada el español. Yo decía: “Para que no me digan nada, mejor ni hablo, mejor escucho y aprendo y ya luego en otro lado hago el intento de hablar”. Yo nunca me he hecho de menos, decía: “Si ella sabe yo también puedo; si me critican, eso no me afecta”. Yo creo que los lugares donde los indígenas son más discriminados son en las ciudades, porque se fijan mucho en tu aspecto que si estás moreno o que si estás blanco ya te tratan diferente. De hecho, también en los hospitales hay bastante, bastante discriminación hacia la gente humilde o gente indígena que vienen de los pueblos y baja al Hospital General de Tlapa. A las mujeres las tratan muy mal, les hablan así sin nada de respeto. Si llegan a pedir algún servicio, ni las dejan hablar. Les dicen: “Te esperas”; o luego “¿Qué dices? Ay, habla bien, no se habla así, no te entiendo lo que me pides”. Eso no debería de ser, y hay mucha gente que sufre eso, sufre bastante.

(Jazmín, mujer *mè'phàà* y estudiante, 21 años. Malinaltepec, julio de 2017).

La escuela es un espacio de gran importancia porque en ella empieza la socialización de los niños fuera del ámbito familiar. Cuando ese espacio se usa para denigrar la lengua materna de algunos, los efectos en los niños y niñas son en muchos casos irreversibles y etnocidas, ya que se desvincula a los infantes de uno de los elementos que refuerza su identidad y cohesión social y cultural: la lengua. Alicia Castellanos advierte que en la escuela “[...] se legitiman prácticas de homogenización y se convalidan todavía el rechazo, la agresión física y verbal, y la burla por el origen, el uso de las lenguas autóctonas y de otros símbolos de identidad de los niños y los jóvenes indígenas [...]” (Castellanos, 2000: 14). Esta investigadora considera, además, que el papel de los profesores en las aulas para las prácticas “civilizatorias” ha contribuido a destruir parte de la identidad cultural y a promover la segregación, la violencia física mediante castigos y la violencia simbólica cuando los docentes se refieren a sus alumnos como “[...] ignorantes, buenos para nada, sucios [...] provocando vergüenza, estigma y ocultamiento de su origen y de su identidad para evitar las experiencias de este tipo de rechazo” (Castellanos, 2000: 14).

En el caso de las mujeres, el hecho de desvirtuar la lengua materna las deja sin una herramienta efectiva para una mayor participación comunitaria y, lo que es más importante, en los momentos en que deben ejercer acciones que pueden asegurar su supervivencia en el ámbito pú-

blico, institucional, educativo y de acceso a servicios. Por ello, las mujeres se encuentran en un marco lingüístico que les es desfavorable en detrimento de su competencia lingüística para comunicarse, por la falta de un marco lingüístico común que las apoye para garantizar sus derechos. Dentro de este marco ha de considerarse la necesidad de que las ciudadanas indígenas de La Montaña de Guerrero —y de cualquier lugar— puedan contar con garantías para ejercer de manera plena y libre su opción lingüística; es decir, que ellas decidan si desean comunicarse en español o en su lengua materna. Conviene advertir que, hasta ahora, para solicitar cualquier servicio, las mujeres son obligadas a hablar español y, además, cuando los no indígenas hacen uso de su lengua ante ellas, las tratan de manera discriminatoria. Al ser ellas las encargadas de la salud familiar y de la educación de los hijos, los espacios donde pasa esto con más frecuencia son los hospitales, las escuelas y las dependencias de gobierno.

En los hospitales, cuando llegamos para que nos den el servicio, todo el tiempo te hacen sentir menos importante. Cuando les hablas, hacen como que no escuchan. Si vas, por ejemplo, a un banco, te dejan al último; o sea, todo te dejan al último, así como que no te ven.

Pues yo he visto mucha gente que se burla de los que hablamos idioma. A veces la misma gente del pueblo no te quiere hablar en *mè'phàà* cuando te encuentra acá en Tlapa. Hacen como que no te escuchan y eso hace sentir mal a uno cuando no hablan. Yo he visto en la escuela de mi niña que ahí hay madres que no tienen recursos y la maestra pues, a fuerza quieren lo que ellos piden y hay madres pues. En este año yo he visto, porque una señora era una abuelita de la niña, porque la fue a traer y la señora no entendía bien y la maestra decía: “Señora, yo ya expliqué una vez, no voy explicar más veces, no venga por su niña, que venga la mamá que por eso busco responsabilidades”. Yo veo que eso está mal. A mí pues no me gustó cómo le habló a la señora. La señora dice: “Es que yo no entiendo, escríbame en un papel”. Y la maestra le contesta muy feo, de verdad que con nada de respeto: ‘Señora, dígame a su hija que me hable, ella tiene mi número’. Y de ahí yo visto pues que no, eso no está bien.

(Elvy, mujer *mé'phàà*, madre y ama de casa, 23 años. Moyotepec, agosto de 2017).

La discriminación que sufren las personas integrantes de diversos grupos etnolingüísticos por el uso de la lengua materna no es exclusiva de México. Es importante destacar en el contexto la importancia social y política del reconocimiento a la riqueza cultural, donde la lengua materna es un elemento primordial, que se expresa, por ejemplo, en la petición de cambio en las políticas lingüísticas que promueven grupos con culturas e idiomas diversos en países europeos. En este sentido, resulta pertinente mencionar el caso de Cataluña y su lengua materna, el catalán, por la promoción para la inclusión de otras lenguas junto con la que se considera “oficial” y su impacto positivo en los espacios donde los hablantes privilegian su lengua materna sobre el idioma castellano. Para precisar la situación de la lengua catalana en España, Miquel Pueyo, quien fuera se-

cretario de Política Lingüística de la Generalitat de Catalunya, expuso de manera clara cómo “el autoritarismo centralista” afecta al uso de las lenguas en su “función simbólica, identificativa y aglutinante, esencial para el mantenimiento de la cohesión interna y la diferenciación externa” (Pueyo, 2007: 3). Cuando la oficialidad de la lengua, en este caso el castellano, se impone sobre otros idiomas obliga a la disminución del uso de éstos en la vida pública, lo que conlleva efectos negativos en la comunidad lingüística por la denigración del estatus de la lengua materna.

En este sentido, teniendo como antecedente una historia de discriminación del uso de la lengua materna en el ámbito escolar, es útil pensar en un contexto más amplio que va más allá de las aulas y conforma un área lingüística que se empata con la geográfica administrativa: la Montaña alta de Guerrero. La convivencia equitativa del español con las lenguas indígenas debe realizarse mediante afirmaciones propositivas que se fundamenten en la no-discriminación y se basen en el principio de la negación jerárquica de una sobre otra. Esto no quiere decir que las lenguas indígenas serán ocupadas en igualdad de condiciones, lo que se quiere poner a discusión es su pertinencia en todas las áreas sociales e institucionales que se encuentren dentro del área o ámbito territorial de los hablantes. A decir de Miquel Pueyo, las lenguas que se encuentran en desventaja ante la imposición de una “lengua oficial”, deben alcanzar “[...] uso habitual y de dignidad similares a los de cualquier otra lengua normalizada en su ámbito territorial” (Pueyo, 2007: 6). Para ello se requiere la adopción de políticas que aseguren este proceso y que además otorguen “[...] una atención preferente al papel de las lenguas en la educación [...] que permita mantener relaciones personales, profesionales y culturales en el ámbito local, estatal e internacional” (Pueyo, 2007: 7-8).

Para mí la discriminación es maltratar a otra persona. Cuando yo ingresé al magisterio había mucha discriminación al indígena, cuando íbamos en Tlapa a comprar porque los maestros cambiaban sus cheques ahí. Entonces pues uno no sabía expresar perfecto el español; pero ya le gente te quedaba mirando y nos decían “la india”, “la montañera”. Eso nos decían los comerciantes. Mucha discriminación. No toman en cuenta que Tlapa creció mucho gracias a los maestros rurales.

Ya en la Normal básica aquí en Tlapa nos daban cursos y nos decían que, pues debemos de ser orgullosos y de ser valientes para que no nos traten mal. De a poco con eso pues nos vamos apoyando para defendernos y no sentirnos mal [...] Yo sí llegué a sentirme mal por la discriminación. Me decían otras compañeras: “Los tlapanecos comen sapos” y me trataban mal ahí donde estudié la secundaria, en Atlamajalcingo del Monte. Aunque primero estudié en Tlapa, porque mi papá hizo el intento de que yo estudiara ahí, pero ya no le alcanzó el recurso.

No, de verdad que sí. Todavía se batalla mucho para que respeten nuestra lengua. En los hospitales todavía hay mucha discriminación. Si llegas con tu ropa humilde no te atienden, estás ahí sentado, aunque te estés muriendo de dolor.

(Ale, mujer *mé'phàà* y profesora jubilada de educación inicial, 51 años. Malinaltepec, julio de 2017).

El uso de la lengua materna de los pueblos originarios no debe verse nunca como un retroceso. Las políticas lingüísticas en nuestro país deben, en primer término, cambiar la ideología respecto al uso de las lenguas maternas y con ello dar practicidad y una utilidad eficiente a lo consignado en la Ley General de los Derechos Lingüísticos de los Pueblos Indígenas (LGDLPI), publicada en el *Diario Oficial de la Federación* el 13 de marzo de 2003. El artículo 7º, fracción IV, de esa ley vincula de manera estrecha los derechos lingüísticos con el ámbito educativo, ya que a la letra dice: “Promover mediante la enseñanza el conocimiento de la pluralidad lingüística de la Nación y el respeto a los derechos lingüísticos de los pueblos indígenas. Los hablantes de lenguas indígenas tendrán acceso a la educación obligatoria en su propia lengua y español” (LGDLPI, 2003: 9). En esa ley se reconoce a las lenguas indígenas como integrantes del patrimonio cultural y lingüístico nacional y se les define como “[...] aquellas que proceden de los pueblos existentes en el territorio nacional antes del establecimiento del Estado Mexicano, además de aquellas provenientes de otros pueblos indoamericanos, igualmente preexistentes que se han arraigado en el territorio nacional con posterioridad y que se reconocen por poseer un conjunto ordenado y sistemático de formas orales funcionales y simbólicas de comunicación” (LGDLPI, 2003: 1).

La ley es valiosa en sí misma, pero el reconocimiento de la diversidad cultural y de las lenguas que la componen no puede dejarse en buenas intenciones o textos que se constituyan en letra muerta. Los programas de refortalecimiento lingüístico tienen que obligarse también a revertir los efectos de la discriminación lingüística en reconocimiento de los sujetos colectivos. Es así como los procedimientos y sanciones respecto a un comportamiento discriminatorio que afecta la integridad de manera más marcada en las mujeres no estarán en tensión con los derechos humanos, sociales y culturales que pueden y deben garantizarles a ellas una vida sin discriminación y violencia.

La discriminación lingüística se transforma en una violencia multiescalar cuando lastima la dignidad femenina y en La Montaña de Guerrero esto ocurre de muy diversas formas, entre las cuales tenemos de manera más aguda la falta de acceso a la justicia en casos de violencia intrafamiliar, la reducción de las opciones educativas por pobreza, los matrimonios arreglados, la violencia obstétrica, los horarios de trabajo extenuantes en los que se invisibiliza el trabajo productivo en las tierras laborales y en la casa-habitación. Según la ley, en todas estas situaciones las mujeres pueden expresar su opinión y exigir sus derechos, pero pocas asumen esta opción por la falta de empatía hacia los problemas específicos que las aquejan dentro de su misma comunidad. Se agrega también que si no emiten una queja o solicitan un servicio en español, no son atendidas. Las mujeres también experimentan la discriminación en tanto su condición de género. Este tipo de discriminación comienza en el seno familiar y se convierte en una violencia normalizada cuando las conductas que las perjudican se interiorizan para dejarlas sin opciones.

Sí, en la casa también pasa eso, más en la casa pues. La mujer indígena pues, más que nada es la que es discriminada con eso de que ya teniendo hijos ya no puedes hacer nada más que estar en casa. Y,

por ejemplo, más si el hombre es campesino. Ahí trabajan igual hombres y mujeres al campo. Y en la ciudad, por ejemplo, pues la mujer está en la casa por los hijos. Si van a la escuela tienes que llevarlos, darles de comer, hacer la comida. Sí, la mujer ya no puede andar tan libre teniendo hijos. Aunque no sea el hombre, a veces no es el hombre, yo así lo veo en varios casos.

En mi caso pues, yo le he dicho a mi esposo, por ejemplo, que si yo quiero trabajar un día es cuestión de que yo lo decida, pero platicando también de una forma bien. Pero también pienso en mi hijo, porque también ya no soy una mujer soltera, no estoy sola pues, sino que tengo a mi hijo y es una responsabilidad tenerlo a él y pues ahora yo si un día quiero ir a trabajar siento que lo puedo hacer porque pues igual como le digo a mi esposo la obligación [es] de los dos. Si yo quiero trabajar me voy, nada más consigo alguien que me cuide a mi hijo, nada más que yo ahorita no lo quiero hacer porque pues no quiero dejar a mi hijo, no es porque el hombre no me dé permiso.

Pero pues en los pueblos ahí es diferente. Tienes que pedir permiso, porque así son los hombres pues. Tienes que pedir permiso, porque el que manda es el hombre. Yo me he dado cuenta de que en la casa muchos hombres son así: machistas, que ellos son los que valen, la mujer no. Pues sí, por ejemplo, yo veo que en las parejas a veces las mujeres son golpeadas. Yo he visto muchos casos que hay mujeres que quieren seguir adelante o hasta para poner un negocio y que quieren ayudar al hombre, si así se puede decir. El hombre por ser machista no deja trabajar a la mujer y vienen los golpes o insultos, insultan a la mujer y dicen que las mujeres son para la casa, que atiendan a sus hijos y que no tiene nada que hacer en otros lados. Yo he visto muchas señoras ahorita que han pasado esto y me han platicado: “Ay manita quiero poner un negocio, pero mi marido no me deja”. Y eso lo hacen porque es hombre. O luego me dicen: no, pues que “Ayer me golpeó porque fui a tal lugar o porque me estoy riendo, así platicando me golpeó”, y así hay casos que pasan. Sí, sufren, pues, las mujeres.

(Ely, mujer *mé'phàà*, madre y ama de casa, 32 años. Malinaltepec, agosto de 2017).

El silencio de las mujeres expresa, como ya lo ha afirmado Edwin Ardener, una manifestación de cómo los grupos socialmente dominantes “[...] generan y controlan los modos de expresión imperantes [donde] la voz de los grupos silenciados queda amortiguada ante las estructuras de dominio y, para expresarse, se ven obligados a recurrir a los modos de expresión e ideologías dominantes” (Ardener, 1975; citado en Moore, 2009: 15).

Por ejemplo, ahí en la colonia donde trabajo están los pueblos, sobre todo aquéllos que acostumbran a negociar a la mujer, o sea sus hijas, sobre todo los papás. Entonces ahí están los pueblos de Cahuatache, Totopec, Jilotepec, Cochoapa el Grande, Metlatónoc. Son gentes que allá están acostumbrados a que la niña hay que venderla, no es nada más que para casarse. Que si hay una familia que le gustó esa muchacha, ellos deciden si la casan. Pero pues la pareja no decide, no se le toma parecer a la mamá, sólo decide el papá.

Todavía me he dado cuenta porque mis alumnos, mis alumnas sobre todo tienen esa idea. Se van y, este, pues los ves sin mucho interés, como que nada más están por estar. Entonces me nació preguntar: “¿Oye por qué no te interesa aprender? Acuérdate que hoy en día las mujeres tienen que ser igual a los hombres, todos somos iguales; por lo tanto, tienen ustedes que tener una profesión de aquí adelante. Pero ¿por qué ese desinterés? ¿por qué no le echan ganas?” Y en eso me contesta una niña: “Maestro, pero yo no más vengo para terminar mi primaria, mi papá ya me negoció, me dice mi papá ya trató con unos señores, mi papá me va a vender por 150 mil”.

Yo le digo: “¿Cómo? Si tú no eres animal, eres una persona, ser humano. Entonces tienes que pensar, tú tienes que decidir por ti, no tu papá”. En este caso, decía yo: “Dile a tu papa: ‘Yo no me quiero casar, yo quiero estudiar’. Tienes el derecho y donde vayas te van a defender de ese derecho. ‘Ahhh’ dice: ‘Pues no sé, maestro. Yo nomás sé que mi papá así ya lo decidió’.

Y en eso dice otra niña de Jilotepec, municipio de aquí de Tlapa. También dice: “Maestro, pues yo también mis papás ya me dijeron que yo nomás termino la primaria y ya quien me pida ellos nomás me van a vender”. ¿Igual que ella 150? “No” —dice—. “Yo como soy más chica me van a vender como en 180”. Ellos ya tienen ese conocimiento. Entonces los papás les meten esa idea de que, pues ella nomás mientras llega a la edad que ellos creen conveniente y a casarlas. Y ahí ya deciden, inclusive que ni a las esposas consultan para hacer ese tipo de negociación, pues. Entonces lo que decía ahorita que sí, eso está hasta el día de hoy a pesar de que ya están en la ciudad, estas colonias ya están en las ciudades, pero la gente trae sus costumbres de allá y ellos hacen este tipo de... yo le llamo negocio, porque finalmente no es una boda.

(Anónimo, profesor bilingüe, 50 años. Tlapa de Comonfort, julio de 2017).

La discriminación no implica sólo acciones descriptivas. Es un evento que se experimenta, que es vivido por alguien y que daña a las personas de manera individual o colectiva, y pone en riesgo su cultura, su identidad y su confianza por los efectos de la denigración, el maltrato y las burlas. Esta condición de discriminación permanente provoca tensiones que impiden a las mujeres pensar o imaginar una vida donde se les reconozcan sus aptitudes o habilidades. Incluso, llegan a paralizarse sin saber qué hacer ante las conductas discriminatorias y recurren de manera muy frecuente al aislamiento, sobre todo cuando se pone en evidencia su escasa o nula preparación académica:

Yo trabajo en una casa, pero me dieron ganas de aprender otra cosa. Entonces quise tomar un curso para hacer donas, pero cuando llegué al curso no pude alcanzar a anotar lo que decían ahí. Yo escribo muy lento, porque apenas terminé la primaria. Como no pude yo seguir las indicaciones pues mejor la dejé.

(Rufy, mujer *mè'phàà* y trabajadora doméstica migrante del municipio de Acatepec, 45 años. Chilpancingo, diciembre de 2017).

Pues en las escuelas siempre se da eso. Por ejemplo, me acuerdo que tenía yo una compañera en la prepa. Esa compañera era —¿es o era? quién sabe— de San Miguel Totolapan, y ahí hablan náhuatl. Esa compañera de plano no sabía hablar español y había un maestro que era muy canijo y siempre le decía a esa muchacha: “Mira, si no entiendes las clases mejor que te salgas, yo que tú mejor me quedaba a cuidar a los marranos allá”. Así decía ese maestro: “[...] me quedaba a cuidar los marranos, los guajolotes; más los marranos, al fin allá en Totolapan comen mucha carne de marrano”. El maestro burlándose y los compañeros sacaban una carcajada cuando le decía eso a la muchacha. Y la muchacha, pues, pobrecita, aunque se sentía mal, se reía ella también. Y así, yo veo que no sólo se ve con los jóvenes, sino también con los maestros. Hay muchos maestros que hacen sentir mal a la gente, a la gente que no sabe hablar el español o también por no tener dinero.

Con eso la gente se burla, porque se dan cuenta cuando uno no tiene dinero ni para las copias. Por ejemplo, para andar así o ni para comer lo que otros comen. Yo creo que de esa forma también no sé si la propia gente se da cuenta, pues, cómo es la situación y así es cuando pasa más la discriminación

(Ely, mujer *mé'phàà*, madre y ama de casa, 32 años. Malinaltepec, agosto de 2017).

En el caso de los efectos de la discriminación por el uso de la lengua materna, éstos se tornan más violentos cuando se enlazan con los roles que se han impuesto a las mujeres, como el cuidado del hogar, de los niños y de los animales domésticos que proveen alimento para toda la familia. Además, las mujeres se enfrentan a una figura que se ha impuesto de manera tradicional como superior: lo masculino. Es inevitable entonces enlazar el papel relevante que tienen las lenguas de los pueblos indígenas respecto al establecimiento de una política lingüística considerada como una política social, que tendría un beneficio más destacado para las mujeres. La realidad plurilingüe de la sociedad mexicana se acompaña por la inferioridad de condiciones de las lenguas que son diferentes al español y se encuentran en una constante situación de desplazamiento y marginación, lo que resulta en el abandono e invisibilidad, en este caso con mayor intensidad en las mujeres hablantes. Un elemento de identidad, como la lengua materna, se encuentra entonces en un contexto de exclusión; es decir, en una negación sistemática mediante su diferenciación negativa con respecto al español, que repercute en cómo se establecen las relaciones entre los individuos. Es en el diferencialismo, advierte Olivia Gall, donde encontramos una forma de racismo y se des-enmascaran “[...] mentalidades y conductas que, escondiéndose tras lo cultural, victimizan al Otro [...] en tiempos de la modernidad se puede dividir al conjunto de manifestaciones racistas en nuestro planeta en dos grandes grupos: a) las que responden a ‘la lógica de la desigualdad’ y b) las que responden a la ‘lógica de la diferencia’” (Gall, 2004 : 236, 238).

La diversidad cultural y lingüística es un tema cuya importancia ha escalado debido a los movimientos sociales de carácter étnico que buscan reivindicar sus derechos culturales. Movimientos sociopolíticos como es el caso del Ejército Zapatista de Liberación Nacional en el esta-

do de Chiapas, México, son referentes primordiales de la exigencia de los pueblos originarios en materia de derechos culturales que promuevan espacios de legitimidad y libertad de expresión de la pluralidad étnica que somos.

Reflexiones finales

La existencia de más de una lengua en el país no debe ser vista como un problema o una limitación. La diversidad cultural debe entenderse como una fortaleza y no como una debilidad. Para cuestiones tan importantes y trascendentes como el garantizar procesos judiciales equitativos, justos y transparentes se necesitan escenarios provistos de actos comunicativos donde el entendimiento entre las mujeres y las instituciones sea real. Para ello se requiere de la construcción de una relación entre pares que no sea excluyente y que integre a la lengua materna:

Entonces sí hay una gran diferencia. No tomar en cuenta la lengua y todo lo que implica eso puede dejar a mujeres encarceladas y las puede marcar de por vida, como dice Martha. Entonces nosotros creemos que es un tema básico, un tema crucial lo de la lengua. Una mujer se puede defender, puede expresar su sentir, su saber mediante la lengua. Lamentablemente en la región de La Montaña no hay traductores y los pocos que hay no están capacitados y sin un contexto bien claro de la vida de la mujer, de la violencia en la que se desenvuelve la mujer. Entonces para los casos de acceso a la justicia eso es crucial, no se puede dejar de lado.

Todo lo que decíamos sobre el contexto, de que en muchas comunidades no está bien visto que una mujer denuncie porque eso quiere decir que no está aceptando el rol que se le está imponiendo, es una trasgresora. Entonces es mal visto y además las mujeres que se atreven a denunciar se topan contra estas instituciones que las maltratan y las discriminan. Y eso hace que las mujeres digan: “Mejor no denuncio”. Y cuando llegan al Ministerio Público especializado en delitos sexuales, hay sólo un ministerio público que las pueda atender y la ministerio público lógicamente con tantos casos pues está exhausta. Y lo otro es que la institución no busca salidas para aminorar la carga de trabajo de esa ministerio público y además se desquita con las mujeres.

(Marta Ramírez y Maribel Pedro, *Tlachinollan*-Centro de Derechos Humanos de La Montaña, octubre de 2017).

Es apremiante considerar las repercusiones físicas, emocionales y psicológicas que tienen la discriminación y el racismo en la vida de las mujeres indígenas, porque contribuyen a la permanencia de sentidos de jerarquía que reproducen relaciones de poder desiguales que se basan en el género y en una ideología de superioridad cultural y social. Es un hecho también que hay fuertes índices de violencia referentes a la construcción de la masculinidad, donde a menudo, en un contexto estructural de pobreza, desigualdad social y modelos patriarcales, las mujeres padecen dis-

criminación en sus comunidades por el simple hecho de ser mujeres, y se les imponen castigos y tratos que conllevan un extremo sufrimiento físico y psicológico, son víctimas habituales de ataques sexuales por sus parejas y también por figuras masculinas de autoridad, como los policías ministeriales y militares. Este tipo de ataques había llegado a estadísticas alarmantes en La Montaña de Guerrero antes del proceso de la creación de la policía comunitaria.

Aquí se mostraron algunas experiencias que documentan las historias de vida y estrategias de las mujeres *mè'phàà* y *na savi* frente a la discriminación y el racismo, y permiten profundizar sobre cómo sienten *ser ellas* en situaciones donde se les imponen abusos de diversa índole. A través de algunas narrativas recuperadas en entrevistas se puede profundizar y reflexionar sobre el impacto de esas acciones en sus vidas y sobre cómo las significan y las entienden. Conforme sus narrativas permitieron conocer algunos aspectos de esas situaciones, sobresalieron las interacciones con las instituciones del sector público que fueron creadas para darles atención y servicio, pero se convirtieron también en espacios de segregación y exclusión debido a las actitudes racistas y discriminatorias. Entre esas instituciones se encuentran sobre todo los hospitales públicos, las escuelas e instituciones de bienestar social, así como las de impartición de justicia. En esos espacios públicos y dentro del ámbito familiar y comunitario la violencia está normalizada en las interacciones cotidianas que las mujeres realizan y sus medios de defensa son muy limitados.

Como se ha visto a lo largo del artículo, la lengua materna tiene un papel fundamental para que se establezca una interacción desigual y es la primera barrera para acceder a la atención y a los servicios a los que tienen derecho. Es en la interacción fallida por la estigmatización del idioma donde se establece y desarrolla uno de los vínculos principales entre discriminación, violencia e identidades culturales diferenciadas. Esto da origen y sustenta un continuum de la opresión, que se hace legítima por el uso lingüístico habitual del *mè'phàà* y del *na savi*. Es necesario, entonces, como una medida de prevención y debilitamiento de las estructuras de discriminación étnico-racial, que se considere el patrimonio lingüístico y cultural para reafirmar el poder que posee la palabra en los territorios donde tiene mayor pertinencia y urgencia; es decir, en las regiones donde se habla mayoritariamente una lengua indígena. Esta pertinencia es, además, parte de los derechos lingüísticos de las mujeres hablantes de *mè'phàà* y *na savi*.

Qué tan suficiente y efectiva puede ser la palabra para la equidad y la justicia queda demostrado por la garantía del testimonio, mediante el que las mujeres exhiben las anomalías de un sistema político, económico y social que las anula por ser mujeres, indígenas y pobres. No se puede cerrar esta reflexión sin nombrar uno de los casos que representa en el ámbito público lo que las mujeres de La Montaña siguen viviendo en la invisibilidad y oscuridad:

Valentina Rosendo Cantú fue violada y torturada el 16 de febrero de 2002 por militares del 41 Batallón de Infantería. Valentina tuvo que aprender a hablar español para ser escuchada, porque vive Acatepec, uno de los municipios de Guerrero con mayor índice de monolingüismo.

Pero el que su testimonio no contara con la debida solidez y contundencia se debió a la ausencia de un traductor que conociera la lengua y la cultura de Valentina, y sin duda su testimonio tuvo varios huecos dentro de su narrativa, que sólo podía describir en su lengua materna, el *mè'phàà*, Valentina vivió un largo proceso para obtener justicia y tuvo que derribar la barrera del idioma que las políticas lingüísticas no han sabido contrarrestar. El 1 de junio de 2018 se dictó sentencia favorable a su causa, después de 16 años de exigir castigo a los agresores y de lidiar con las descalificaciones que pesan sobre las mujeres indígenas: “Desde siempre he dicho la verdad, no como los militares, que después de que puse mi denuncia fueron a mi pueblo a ofrecerme dinero para que dejara de seguir señalando que fueron ellos quienes me agredieron. Yo nunca quise dinero, siempre quise que se castigara a los responsables. Ganó mi palabra, ganó la verdad” (CENCOS, 2018). Para los *mè'phàà* el valor de la palabra es inconmensurable:

Nosotros, los *mè'phàà*, cuando queremos iniciar una conversación importante, de un tema serio o para agradecer a la autoridad, o para dar un consejo a los jóvenes, el acto de habla inicial es *muríguló' ajngáa*, lo cual significa literalmente “poner la palabra en tu presencia”. Pero no tiene que interpretarse así tal cual: lo que significa es que la palabra es el acto de credibilidad entre los hablantes.

(Carmela Bruno, mujer *mè'phàà*, madre, profesora y migrante, 58 años. Chilpancingo, agosto 2017).

La palabra es aquello que nos define, nos enlaza con nuestro entorno. Pero la palabra es, sobre todo para las mujeres *mè'phàà* y *na savi*, un acto mediante el cual se reivindican como personas valiosas y obligan a una sociedad patriarcal a mirarlas como lo que son: personas con derechos inalienables.

Bibliografía

- Bonfil Batalla, Guillermo (1994). *México Profundo*. México: Grijalbo.
- Broda, Johanna (2008). "Leonhard Schultze-Jena y sus investigaciones sobre ritualidad en La Montaña de Guerrero". *Anales de Antropología*, 42, pp. 117-145.
- Bustamante, Perla (2009). "Presentación". En Escalante, Yuri. *Derechos de los pueblos indígenas y discriminación étnica o racial*. México: Conapred / Atril Excelencia Editorial [Cuadernos de la Igualdad, 11].
- Bourgois, Philippe (2002). "The violence of moral binaries. Response to Leigh Binford". *Ethnography*, 3, pp. 221-231. Recuperado de <<http://eth.sagepub.com>>.
- ____ (2009). "Treinta años de retrospectiva etnográfica sobre la violencia en las Américas". En López García, Julián, Santiago Bastos y Manuela Camus (eds.). *Guatemala: violencias desbordadas* (pp. 20-62). Córdoba,: Universidad de Córdoba.
- ____ (2010). *En busca de respeto. Vendiendo crack en Harlem*. Buenos Aires: Siglo Veintiuno.
- Cámara de Diputados (2018). Ley General de Derechos Lingüísticos de los Pueblos Indígenas. México: DOF.
- Castellanos, Alicia (2000). "Racismo, multiétnicidad y democracia en América Latina". *Nueva Antropología*, xvii (58), (pp. 9-25).
- ____ (2004). "Geografía de la exclusión étnica racial". En Castellanos, Alicia (coord.). *Etnografía del prejuicio y la discriminación. Estudios de caso* (pp. 11-28). México: UAM-I.
- Centro Nacional de Comunicación Social (Cencos) (2018). Texto recuperado de <<http://cencos.com.mx/2018/06/aprendi-espanol-y-fui-a-otro-pais-por-justicia-valentina-indigena-que-puso-a-2-militares-en-prision/>>
- Consejo Nacional de Evaluación de la Política de Desarrollo Social (Coneval) (2014). *La pobreza en la población indígena de México, 2012*. México: Coneval.
- Dietz, Gunther, y Mateos, Laura (2013). *Interculturalidad y educación intercultural en México: Un análisis de los discursos nacionales e internacionales en su impacto en los modelos educativos mexicanos*. México: SEP - CGEIB.
- Escalante, Yuri (2009). *Derechos de los pueblos indígenas y discriminación étnica o racial*. México Conapred / Atril Excelencia Editorial [Cuadernos de la Igualdad, 11].
- Frey, Herbert (2002). *El "otro" en la mirada. Europa frente al universo américo-indígena*. México: UQRoo / Miguel Ángel Porrúa.
- Gall, Olivia (2004). "Identidad, exclusión y racismo: reflexiones teóricas y sobre México". *Revista Mexicana de Sociología*, 66 (2), pp. 221-259.
- Garza, Beatriz, y Lastra, Yolanda (2000). "Lenguas en peligro de extinción en México". En Robert H. Robins, Eugenius M. Uhlenbeck y Beatriz Garza Cuarón (eds.). *Lenguas en peligro* (pp. 139-160). México: INAH [Obra Diversa].
- Moore, Henrietta (2009). *Antropología y feminismo*. Madrid: Cátedra / Universitat de Valencia / Instituto de la Mujer.

- Mora, Mariana (2013). "La criminalización de la pobreza y los efectos estatales de seguridad neoliberal: reflexiones desde La Montaña, Guerrero", *Estudios & Pesquisas sobre as Américas*, 7 (2), pp. 174-208.
- Mullings, Leith (2013). "Interrogando al racismo. Hacia una antropología antirracista", *Ciencias Sociales*, 12, pp. 325-375.
- Pueyo, Miquel (2007). "La política lingüística como política social. El papel de las lenguas en una sociedad abierta". Conferencia pronunciada por el secretario de Política Lingüística de la Generalidad de Cataluña, 12 de junio, en la Real Academia de Buenas Letras de Barcelona. Recuperado de: <http://www20.gencat.cat/docs/Llengcat/Documents/Publicacions/Publicacions%20en%20linea/Arxius/conf_spl2007_franc.pdf>.
- Romaine, Suzanne (2006). *El lenguaje en la sociedad. Una introducción a la sociolingüística*. Madrid: Ariel.

Vinculación interinstitucional y peritaje antropofísico

Israel David Lara Barajas*

Cada una de las áreas del conocimiento antropofísico tiene diversas posibilidades de aplicación profesional y algunas de ellas se relacionan con situaciones en las que se requiere de un peritaje. Un peritaje se define como la aplicación de conocimientos especializados de una ciencia, arte o disciplina en el examen de alguna persona u objeto, con la finalidad de ayudar a las instituciones de procuración e impartición de justicia (Lara, 2011: 22).

Este trabajo presenta una de las posibilidades de aplicación del peritaje en materia de antropología física, llevado a cabo como un ejercicio de colaboración entre el Instituto Nacional de Antropología e Historia (INAH) y la Fiscalía General de Justicia del Estado de Querétaro (FGJEQ). Se mostrará un panorama general de la situación que afectaba tanto al patrimonio arqueológico como a la procuración de justicia. Se espera que la estrategia aquí propuesta pueda ser tomada como punto de partida para echar a andar propuestas similares en otros estados de la república.

Dos instituciones, un problema y una solución

Las colecciones osteológicas que se resguardan en el Centro INAH Querétaro provienen de distintos contextos arqueológicos y un número importante de ellas fueron resultado de la atención de denuncias. Una denuncia es un aviso o notificación que puede realizar cualquier persona que tenga conocimiento de un hecho que afecte o ponga en riesgo el patrimonio arqueológico e histórico. Esta actividad se vincula directamente con la protección y la difusión del patrimonio cultural, dos de las cuatro tareas sustantivas del INAH (Fenoglio *et al.*, 2015:147), y es en ella donde surge nuestro problema.

Cuando se reportan hallazgos que involucran restos humanos, generalmente se notifica de ello a los cuerpos policiacos y éstos, a su vez, avisan al Ministerio Público, órgano responsable de investigar y perseguir los delitos del orden común que se cometen en el país —como se indica en el artículo 21 constitucional—. En México, al agente investigador del Ministerio Público le compete la persecución de presuntos hechos delictivos, así como recibir las denuncias, acusaciones o querrelas sobre acciones u omisiones que puedan constituir un delito, e iniciar la integración de una

* Centro INAH Querétaro (david_lara76@hotmail.com).

averiguación previa (Lara, 2009:23-24). En los casos en que se encuentran restos humanos, se inicia una investigación por probable homicidio. Derivado de lo anterior, se solicita la intervención de los servicios periciales de la Fiscalía General de Justicia para la recuperación de los materiales óseos y objetos asociados. Como resultado, y ante la falta de metodologías adecuadas para la excavación y levantamiento de restos óseos en campo, el desconocimiento de la existencia y tareas del INAH y la falta de personal especializado en materia de arqueología y antropología física dentro de las instituciones de justicia, se han destruido evidencias arqueológicas en innumerables ocasiones.

Como respuesta a lo anterior, y con el objetivo de disminuir esta destrucción, se plantearon algunas líneas de trabajo para la protección de los restos óseos. La primera se refiere a la creación del Equipo Interdisciplinario de Atención de Denuncias (EIAD), y que a partir de las experiencias tanto de la antropología física como de la arqueología concibe la atención de denuncias como un fenómeno dinámico en el cual intervienen diversos actores sociales e institucionales necesarios para salvaguardar el patrimonio arqueológico. Ello ha permitido atender la problemática señalada desde una perspectiva integral y con una visión adecuada para propiciar de colaboración con otras instituciones.

La segunda línea de trabajo estuvo enfocada, precisamente, en la vinculación con las instituciones de procuración de justicia estatales para generar un nexo entre el INAH y la institución procuradora de justicia en el estado de Querétaro. Esta dinámica implica que cuando ellos reciben alguna denuncia que involucra el hallazgo de restos óseos humanos, notifican al INAH para acudir de manera conjunta al lugar de hallazgo e interinstitucionalmente determinar la competencia del caso. Con esta dinámica se han atendido diversos casos, contribuyendo así en la disminución del índice de destrucción de los contextos arqueológicos (Lara e Islas, 2013; Fenoglio *et al.*, 2015). A la fecha se prepara una propuesta de procedimiento de atención a denuncias y colaboración en beneficio del patrimonio arqueológico.

En tercer lugar, se llevan a cabo colaboraciones ocasionales mediante solicitudes específicas al INAH para la elaboración de dictámenes en materia de antropología física y arqueología, con la finalidad de descartar la temporalidad prehispánica o histórica de restos humanos hallados en el curso de una investigación y / o excavación. En investigaciones que competen al ámbito judicial, se solicita la intervención del especialista en antropología física para asesorías o peritajes encaminados a la identificación de personas mediante restos óseos, y, en algunos casos, se ha solicitado también la identificación de personas mediante análisis de morfología facial; en éstos, dado que en el estado no se cuenta con especialista en esa área, se remiten a otras instancias del INAH para acordar la colaboración requerida.

Casos de estudio

En el mes de diciembre de 2009 se realizó un hallazgo de restos óseos humanos en la comunidad de Bella Vista del Río, municipio de Cadereyta de Montes. La notificación se realizó en la presidencia

municipal y en el Ministerio Público de la entonces Procuraduría General de Justicia del Estado de Querétaro (PGJEQ), la que se encargó de realizar la investigación con el apoyo de la Dirección de Servicios Periciales de la misma institución, a efecto de recuperar —sin aplicar alguna técnica de excavación— un par de esqueletos de sexo masculino y sus respectivos objetos asociados. Como era de esperarse, la destrucción del contexto fue absoluta y al notificarnos y acudir al sitio sólo fue posible recuperar algunos fragmentos de hueso y cerámica (Lara e Islas, 2013).

Este caso permitió entablar una comunicación con esa dependencia de procuración de justicia, pues al percatarnos de que los objetos que nos mostraron algunos testigos del levantamiento y del hallazgo eran arqueológicos, nos pusimos en contacto con quien encabezaba la investigación. Luego de una conversación en torno a diversos temas —la arqueología, el INAH, el patrimonio cultural y las posibilidades jurídicas de colaboración—, solicitaron nuestra participación mediante un dictamen en materia de antropología física y arqueología.

Los resultados obtenidos fueron realmente importantes para nosotros, puesto que los objetos asociados podrían corresponder a dos individuos de temporalidades diferentes: puntas de flecha, un colmillo de pecarí con perforación, un huilanche y una vasija decorada que recuerda los materiales estilo Chupícuaro, y que se relacionan con las tradiciones cazadoras-recolectoras y sedentarias (Lara e Islas, 2013) registradas para el periodo Preclásico (500 a. C.-250 d. C.). Por desgracia, el contexto fue destruido y resulta complicado tratar de asociar los materiales a cada uno de los individuos. El dictamen de este caso marcó el punto de partida para una colaboración que, si bien no se ha formalizado todavía, sigue vigente y ha sido aprovechada para otros municipios del estado.

A finales del año 2011 se localizó en la comunidad de Peña Blanca, municipio de Peñamiller, un entierro depositado mediante la elaboración de una oquedad horizontal que tal vez fue sellada. La denuncia fue hecha en las instalaciones de la PGJEQ; sin embargo, por las características que presentaba el entierro el agente del Ministerio Público se puso en contacto con nosotros para determinar la competencia del caso, es decir, determinar si se trataba de un caso de arqueología o judicial.

Aunque en esa ocasión no hubo una solicitud de dictamen por parte de la Procuraduría, el caso cobra especial relevancia porque, gracias a la denuncia oportuna y a la colaboración interinstitucional, pudimos recuperar el contexto funerario más antiguo localizado en la entidad.

El hallazgo incluye el esqueleto de una mujer de entre 18 y 23 años de edad y destaca, entre otras cosas, por el sistema de enterramiento que presenta —se trata de una oquedad horizontal sobre el perfil expuesto de un río— y porque estaba acompañado de un huilanche, cuatro herramientas hechas de hueso, una olla cubriendo su cabeza y algún tipo de material perecedero —como tela o piel— pintado (Fenoglio *et al.*, 2012).

En aquellos casos en que los restos óseos localizados son de una temporalidad reciente, se han hecho colaboraciones mediante la solicitud de dictámenes en materia de antropología físi-

ca. Dichas colaboraciones han estado orientadas al análisis de restos humanos, esqueletizados o en avanzado estado de descomposición, para determinar algunas características generales y particulares que conduzcan a la identificación de una persona. De esta manera se han elaborado dictámenes para la Fiscalía de Homicidios de la anterior Procuraduría General de Justicia y de la actual Fiscalía General del Estado de Querétaro.

Tras la experiencia relatada en el presente trabajo, el área de antropología física del Centro INAH Querétaro ha generado un nexo importante para la relación que existe entre el INAH y la Fiscalía General de Justicia con la intención de que los intereses de cada institución obtengan su justo lugar en un proceso de investigación.

El aprendizaje y el beneficio

El proceso de gestión interinstitucional ha sido muy amplio y en el presente texto se omitieron muchos detalles; sin embargo, se espera que se haya logrado una síntesis que ejemplifique la experiencia acumulada y para plantear algunas reflexiones finales.

Dada la historia de nuestro país, existen grandes posibilidades de hallar vestigios de poblaciones pasadas en cualquier lugar, por tal motivo debemos insistir en el compromiso interinstitucional para salvaguardar los intereses tanto del INAH, encargado del patrimonio cultural, como de la FGEQ, encargada de perseguir e investigar los delitos. En el rubro académico, debemos insistir en la importancia de la antropología y la arqueología en el ámbito forense para que cada cuerpo pericial cuente con especialistas en la materia que puedan diferenciar y procesar tanto contextos arqueológicos e históricos como forenses.

En el ámbito institucional, debemos reflexionar sobre la necesidad de romper las barreras que impiden que el INAH sea conocido y cumpla con sus funciones. Los investigadores somos los responsables de velar por nuestra materia de estudio y, por ende, de impulsar la coordinación con todos los actores relacionados con el patrimonio cultural, con la finalidad de generar alianzas en las tareas de investigar, proteger, difundir y conservar este patrimonio.

Bibliografía

- Fenoglio, Fiorella *et al.* (2012). "Informe de excavación del rescate de una osamenta en Peña Blanca, Peñamiller, Querétaro". Archivo del Consejo de Arqueología-INAH, México.
- ____ (2015). "La interdisciplina como estrategia para la protección del patrimonio arqueológico de Querétaro". En *Protección, preservación y defensa de los sitios arqueológicos* (pp. 147-166). México: Monte / Universidad Meridiano.
- Lara Barajas, Israel David (2009). *Fundamentos de antropología forense: técnicas de prospección, exhumación y análisis de restos óseos en casos forenses*. México: INAH (Científica, 543).
- ____ (2011). "Aspectos para la práctica pericial". *Diario de Campo*, 97, pp. 22-28. Recuperado de <<https://www.revistas.inah.gob.mx/index.php/diariodecampo/article/view/7913>>
- ____ *et al.* (2013). "De la intervención pericial a la protección del patrimonio arqueológico. Un estudio de caso en Bella Vista del Río, Querétaro". En *Miradas plurales al fenómeno humano* (p. 43-70). México: INAH.

Análisis del desarrollo ontogenético en personas con trisomía 21: un enfoque comparativo

Bernardo Yáñez Macías Valadez*

Conocer cuáles son las particularidades del desarrollo ontogenético de un grupo de individuos con trisomía 21 (T21), en comparación con un grupo control que no presenta dicha condición, ambos de la Ciudad de México y con la misma edad cronológica, es el objetivo primordial de un proyecto de investigación de nueva creación, adscrito a la Dirección de Antropología Física (DAF) del Instituto Nacional de Antropología e Historia. Definir en qué sentido y cómo difieren los patrones ontogenéticos de ambos grupos de estudio desde un enfoque antropofísico y, con base en el método comparativo, es un asunto que debe ser atendido a la brevedad por nuestra disciplina.

Son dos las principales razones que sostienen este argumento: en primer lugar, que las personas portadoras de la condición cromosómica de la T21 o síndrome de Down (SD) presentan un conjunto de rasgos y características particulares que se correlacionan de manera interesante con algunas modificaciones morfológicas, fisiológicas, conductuales y cognitivas vinculadas al proceso de desarrollo ontogenético. Desde ese punto de vista es insoslayable la importancia de esta condición humana como objeto de estudio para la antropología física o biológica. Llama la atención, sin embargo, el poco interés que ha mostrado históricamente nuestra disciplina para este fenómeno. En segundo término, las personas con T21 o SD representan a un subgrupo de la sociedad que se ubica en una franja de vulnerabilidad considerable y es pertinente atenderlas desde diferentes frentes, entre los que se incluyen los aspectos clínicos, educativos, laborales, sociales y legales, entre otros. Dicho de otra manera, existen enfoques diversos que confrontan el tema de la T21 como un problema social, sin embargo, esos enfoques o perspectivas se encuentran generalmente desarticulados.

Con base en lo anterior, el Proyecto “Análisis del desarrollo ontogenético en personas con trisomía 21: un enfoque comparativo” pretende justamente ser un espacio que aglutine estos diferentes enfoques para sistematizar la investigación y el impulso de políticas públicas para las personas que portan la condición extracromo-

* Dirección de Antropología Física-INAH (bernardo_yanez@inah.gob.mx).

sómica de la T21. El punto de partida es un enfoque académico, donde la antropología biológica se presenta como la disciplina que, dado su enfoque de estudio —la variabilidad biológica, social y cultural de los diversos grupos humanos— ofrece la perspectiva adecuada para desarrollar un proyecto de esta naturaleza.

Se trata de una investigación a mediano y largo plazos y con distintas etapas a desarrollar, si bien comenzó de manera simultánea al inicio del año en curso. La prospección que se tiene es entender los trabajos vinculados a estas pesquisas por lo menos hasta el término del año 2025, que correspondería a la primera fase del proyecto. Las siguientes etapas se desarrollarán en función de los avances obtenidos en esta primera parte de la implementación. La investigación viene desarrollándose hace poco más de cuatro años, sin embargo, su consolidación es consecuencia de haberse aprobado como proyecto de investigación adscrito a la Dirección de Antropología Física. Sin duda, por un lado, es buena noticia para el desarrollo de esta línea de investigación y una gran motivación para seguir avanzando en la construcción del conocimiento relacionado con esta característica de la condición humana. Por el otro, me comprometo con las personas que presentan este síndrome —y en particular con el grupo que estoy trabajando— para comprender más adecuadamente su situación particular y así intentar mejorar las condiciones y calidad de vida que merecen.

Lo que se ha expresado en las líneas anteriores hace referencia a la parte formal de este proyecto y a algunas de las problemáticas vinculadas a la pregunta de investigación que dirige al mismo: ¿existe un patrón ontogenético particular en las personas con SD o se trata, más bien y solamente, de una desviación del patrón ontogenético humano 'regular'?¹ Si efectivamente hay un patrón de desarrollo específico para las personas con T21 es necesario conocer cuál es, describirlo y tratar de comprenderlo. Si, por el contrario, se trata sólo de una modificación de la ontogenia humana, entonces es necesario saber en qué sentido, cómo se dan esas diferencias particulares y cuáles son sus efectos. Responder a una u otra alternativa permitiría concebir a las personas con SD como un conjunto de individuos con rasgos y características particulares, que en algunos casos están correlacionadas con sus rasgos cromosómicos. Así, podría evitarse que estas personas sean consideradas enfermas, discapacitadas, anormales, etc. Esto último es importante, ya que no se trata de minimizar los efectos que la T21 tienen sobre sus portadores en diferentes dimensiones como la morfológica, la conductual y la cognitiva, sino que a partir de un mejor conocimiento de dichas características se pueda incorporar a estos individuos a la vida cotidiana e integrarlos a la sociedad. Es importante señalar, en este sentido, que la T21 tiene una prevalencia de un caso por cada 750-800 embarazos (López *et al.*, 2000), lo que la convierte en la aneuploidía² más común en nuestra especie, y permite a los individuos que la presentan un desarrollo humano prácticamente igual al de cualquier otro individuo. Son los detalles los que interesa distinguir;

1. El concepto 'regular' es de uso frecuente entre las personas que conviven con la T21, por ejemplo, padres, maestros, terapeutas, instructores, psicólogos, etcétera.

2. Número anormal de cromosomas en una célula, puede tener más o menos cromosomas. A la condición normal se le conoce como euploidía.

no obstante, se debe reconocer que la cantidad de personas con esta condición genética en nuestro país es grande, pero poco visibles socialmente. Esto último es en sí mismo claramente de interés antropológico.

Este es un proyecto de reciente creación y los resultados y productos derivados de él son todavía modestos, pero no por ello irrelevantes. En primer lugar, se han podido conformar ambos grupos de estudio, lo cual ha permitido que, a la fecha, la investigación se encuentre en marcha y avanzando. Las edades que abarcan los individuos de la muestra oscilan entre 3.2 y 5 años; para cada niño con SD en una edad particular hay un niño sin T21 de la misma edad, lo que permite realizar comparaciones importantes en términos del desarrollo ontogenético. Además, durante los seis años que durará esta primera fase de la investigación se le dará seguimiento al desarrollo de estos dos grupos de estudio, por medio de dos mediciones somatométricas al año, lo cual facilitará un conocimiento más detallado de su proceso de desarrollo. Se consideró ese rango de edad para iniciar la investigación porque la bibliografía biomédica señala que las principales modificaciones del desarrollo ontogenético en las personas con T21, con respecto al resto de la población, ocurren precisamente entre los 6 meses y los 6 años. Dada la dificultad que conlleva el trabajo con niños menores de 3 años, se optó por establecer el corte de edad justamente en ese intervalo. Una vez definidos los dos grupos de estudio, se realizó una serie de mediciones somatométricas y somatoscópicas que han permitido caracterizar a ambos grupos de estudio y ubicar las diferencias morfológicas con respecto al rostro, que es quizá la región del cuerpo donde son más evidentes las modificaciones. Además del análisis somatométrico, descrito muy brevemente en las líneas anteriores, el estudio plantea el cruce de información de tipo cualitativo; esto es, se realizan entrevistas a los padres de los individuos para conocer la aparición puntual de algunos hitos del desarrollo: el momento en el que el individuo se pudo sentar por sí solo por vez primera; edad a la que gateó; edad en la que caminó por sí mismo y edad en la que dijo su primera palabra. A pesar de que este proyecto de investigación es joven y se encuentra en una etapa incipiente, ha sido posible detectar una gran variabilidad en el grupo de estudio que presenta la T21. Es decir, contrariamente a la idea popular de que las personas con SD son todas iguales, incluso hay quien dice que se parecen más entre sí que de lo que se parecen a sus familiares (padres y hermanos), la realidad es que la diversidad fenotípica, conductual y cognitiva es enorme. Ese es ya un resultado preliminar, si bien permite caracterizar de mejor manera la condición genética del SD y sus diversos fenotipos.

En esta última parte intentaré expresar la importancia de un enfoque bioantropológico para el caso de la T21 en algunos temas concretos. Son muchas las potenciales áreas de desarrollo científico académico respecto de la condición de la T21. En su mayoría éstas se han enfocado desde la perspectiva biomédica, clínica y, por ende, sustentadas en un discurso patológico. Mi interés es distinto, ya que al observarlo desde la antropología biológica se busca comprender el fenómeno en su amplia complejidad y no tan sólo como una condición anormal o apartada de los

parámetros de 'normalidad'. Dado el poco interés histórico por el estudio de esta condición humana, las posibles avenidas para la investigación bioantropológica son enormes y muy variadas.

Por ejemplo, el análisis de los dermatoglifos, el crecimiento y desarrollo de los dientes, la pigmentación de la piel, la morfología y el desarrollo craneofacial y de las extremidades, el proceso de formación de los dientes y su patrón de erupción, todos estos temas enmarcados en los intereses clásicos de la antropología física. Llama la atención que la T21 como condición humana ha pasado prácticamente desapercibida como tema de estudio para la antropología física, y por ello hay una cantidad importante de temas que abordar. Por otro lado, resulta de interés preguntarse acerca de la percepción corporal, la identidad, el aprendizaje, la cognición y la conducta en general de las personas con SD. Es decir, no se trata únicamente del análisis paramétrico de las características morfológicas y corporales de las personas con T21 en comparación con el grupo de individuos que no presentan este rasgo genético, sino de integrar los resultados obtenidos con esos métodos a la investigación cualitativa que está fundamentada en una perspectiva fenomenológica de las personas con SD y la gente cercana a ellas (familiares, cuidadores, terapeutas, amigos, etcétera). La intención última de este proyecto de investigación es dar voz a las personas con SD, para así poder tener una mejor comprensión de sus necesidades, deseos, problemáticas y retos desde su propia perspectiva.³

Además de lo ya señalado, existen otras posibilidades de interés para abordar el tema de la T21 desde una mirada bioantropológica. Por ejemplo, sería interesante conocer de qué manera se comporta el dimorfismo sexual entre las personas con SD; en principio uno esperaría observar un patrón igual o similar al observado en la población general; sin embargo, podríamos encontrar alguna diferencia interesante. Otra cuestión relevante es conocer los patrones de ritmo y velocidad del crecimiento y desarrollo del cerebro en personas con SD. Hay claras diferencias en cuanto al tamaño del cerebro de personas con T21 respecto de la población regular o neurotípica, pero ¿qué hay con respecto a la estructura, conectividad, número de neuronas, sinapsis y otras cuestiones que hasta el momento se desconocen del neurodesarrollo de individuos con SD? En un ámbito más técnico, pero ciertamente de interés también para la antropología biológica, es posible abordar el tema de la asimetría fluctuante durante el desarrollo ontogenético craneofacial de este sector poblacional. Es decir, sería interesante conocer de qué manera se relacionan e interactúan el neurocráneo con el esqueleto facial y, estos dos, con la base del cráneo. En otras palabras, existen interesantes preguntas que a mi juicio pueden ser estudiadas desde nuestra disciplina.

En otro orden de ideas, de carácter más bien sociológico y sumamente polémico, es importante pensar sobre los estudios prenatales que buscan diagnosticar la T21 en una fase temprana del embarazo. La reflexión a este respecto es que en el ámbito clínico y biomédico existe un

3. A pesar de los problemas que presentan las personas con síndrome de Down en relación con la expresión lingüística, es probable que de aquí a seis años pueda realizarles entrevistas directamente a los sujetos con T21. Ése es el objetivo más ambicioso de mi proyecto y, creo, el más necesario.

mayor interés por desarrollar y estandarizar pruebas de este tipo que recursos financieros para atender a las personas con SD que de hecho ya están vivas y son parte de nuestras sociedades (Kazemi *et al.* 2016). En pocas palabras, existe mayor interés por detectar e interrumpir los embarazos portadores de un producto trisómico, que recursos financieros para desarrollar políticas públicas para este grupo social particular. A esta forma de proceder de los laboratorios e institutos de investigación yo la considero una *eugenesia contemporánea*, tema de suma relevancia en la historia de nuestra disciplina. En países del norte de Europa la prevalencia de embarazos con productos trisómicos no ha variado respecto de las mediciones de los años 70, 80 y 90. Sin embargo, el número de nacimientos ha disminuido de manera dramática; mientras que en las últimas décadas del siglo pasado se registraba un embarazo y nacimiento de una persona con T21 por cada 750-800 individuos, en los citados países ahora se estima un valor de un nacimiento por cada 1300-1500 embarazos. Lo que quiere decir que la prevalencia de nacimientos se ha reducido en un porcentaje significativamente considerable. Es curioso que en países en vías de desarrollo y “subdesarrollados” este índice se ha mantenido de hecho sin variación.

Se trata, pues, de un proyecto que busca humanizar la investigación de un grupo de personas que por sus características genéticas suelen ser estigmatizadas, discriminadas y maltratadas, cuando, por el contrario, lo que se necesita es comprender mejor su situación y ofrecerles todas las herramientas necesarias para un desarrollo humano óptimo. Si bien este proyecto de investigación se enmarca en una perspectiva antropofísica, es importante echar mano de otras disciplinas para tener una mejor idea de cómo, cuándo y por qué apareció esta condición. Esto último forma parte de un objetivo a largo plazo que es la construcción social e histórica del síndrome de Down, para lo cual es necesaria no sólo la antropología física, sino el conjunto de las disciplinas antropológicas.

Bibliografía

- Kazemi, M. *et al.* (2016). “Down Syndrome: current status, challenges and future perspectives”. *International Journal of Molecular and Cellular Medicine*, 5 (3), pp.125-133.
- López Morales, P. M. *et al.* (2000). “Reseña histórica del síndrome de Down”. *Revista de la Asociación Dental Mexicana*, 57 (5), pp. 193-199.

Tres ediciones del Mexico Population Genetics Meeting (#mexpopgen)

Karla Sandoval Mendoza*

Reunir a la comunidad científica con interés en el área de genética y/o genómica de poblaciones en un ambiente relajado y ameno, para compartir los avances de las investigaciones que se realizan hoy en día en esta disciplina, es el principal objetivo del Mexico Population Genetics Meeting (#mexpopgen),¹ que también se propone identificar y reunir a la comunidad científica mexicana dedicada a esta área de investigación con miras a formar una red nacional activa y en contacto con las comunidades científicas extranjeras afines.

El formato de esta reunión está basado en el Bay Area Population Genetics Meeting, un encuentro académico bianual rotativo en el que se reúnen las instituciones de la comunidad científica del área de la bahía de California. Gracias a su gran éxito, este encuentro ha sido replicado por eventos como el Midwest Population Genetics Meeting y el New York Area Population Genomics Workshop. La doctora María Ávila-Arcos, del Laboratorio Internacional de Investigación sobre el Genoma Humano (LIIGH), que se encuentra en el campus Juriquilla de la Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM), tuvo la iniciativa de introducir el formato de estos encuentros científicos en México.

La primera edición del #mexpopgen1 se realizó en diciembre de 2015, en las instalaciones del LIIGH, en Juriquilla, Querétaro. Ese evento duró un día, fue gratuito y abierto a la comunidad científica afín. Acudieron 40 participantes, entre investigadores jóvenes y consolidados, y una proporción importante de estudiantes de licenciatura y posgrado de diferentes instituciones, como el Laboratorio Nacional de Genómica para la Biodiversidad (Langebio, perteneciente al Cinvestav, con sede en Irapuato), el LIIGH, el Instituto Nacional de Medicina Genómica (Inmegen), la Escuela Nacional de Antropología e Historia (ENAH) del Instituto Nacional de Antropología e Historia (INAH); la Universidad de Guanajuato y la Universidad de California en Los Ángeles, entre otras instituciones de investigación y educativas. La organización estuvo a cargo de la Dra. Ávila-Arcos, del LIIGH, y el Dr. Andrés Moreno-Estrada, del Langebio. El programa académico consistió en tres sesiones de presentaciones orales y una sesión de pósters.

* Comunicación y enlace del Langebio-Cinvestav, posdoctorante en la Universidad de Stanford (morenoe@stanford.edu).

1. Se pueden consultar la descripción detallada de cada una de las tres ediciones #mexpopgen, así como los programas, fotografías y participantes, en: <<https://mexpopgen.wordpress.com>>.

La segunda edición del #mexpopgen2 se llevó a cabo en las instalaciones de la ENAH en la Ciudad de México, el 13 de enero de 2017. Este evento mantuvo el mismo formato, con 50 participantes procedentes de instituciones como la Escuela Nacional de Estudios Superiores de la UNAM, campus Morelia (ENES-UNAM Morelia) y el Inmegen. La reunión mostró un incremento de participantes provenientes de instituciones de otros países, como la Universidad de Chile, el Gregor Mendel Institute of Molecular Plant Biology, la University of California Los Angeles, la Washington State University y la Stanford University, entre otras. El comité organizador estuvo conformado por el maestro Víctor Acuña-Alonso (ENAH), la doctora María Ávila-Arcos (LIIGH), el antropólogo físico Miguel Ángel Contreras Sieck (ENAH), el maestro Jorge Gómez Valdés (ENAH), el doctor Andrés Moreno-Estrada y la doctora Karla Sandoval-Mendoza (Langebio). En esa ocasión se realizaron tres sesiones de presentaciones orales y una de pósters, así como una visita al sitio arqueológico Cuicuilco.

El 12 de enero de 2018 se llevó a cabo la tercera edición del #mexpopgen3 en el Langebio, en Irapuato, Guanajuato, con el objetivo de seguir siendo una parte activa de esta cada vez más exitosa reunión. En esta ocasión doblamos el número de participantes a 80, distribuidos en investigadores y estudiantes nacionales y de otros países. Entre los primeros, hubo asistentes de la ENAH, la Facultad de Ciencias, el LIIGH y el Instituto de Ecología de la UNAM, el Instituto de Biología y Ciencias Genómicas de la Universidad de Guanajuato, la Universidad Autónoma de Querétaro y la Universidad de Morelos, entre otras instituciones educativas y de investigación. Las instituciones extranjeras participantes fueron la Universidad de Lausanne, la University of Copenhagen, la University of California Merced, la Stanford University y la revista *Science*. Para esta edición recibimos financiamiento de empresas privadas, así como de la Secretaría de Innovación, Ciencia y Educación Superior (SICES) del Gobierno de Guanajuato. El programa académico estuvo conformado por una sesión de pósters o carteles científicos y tres sesiones de presentaciones orales. La organización estuvo a cargo del doctor Andrés Moreno-Estrada, la doctora Karla Sandoval-Mendoza, la doctora Mitzi Flores-Ponce, la doctora María Ávila-Arcos y el doctor Víctor Acuña-Alonso.

En el #mexpopgen3 también nos propusimos analizar el estado de esta área de investigación en la zona del Bajío para generar herramientas adecuadas de comunicación que nos permitan divulgar nuestros resultados a la comunidad científica local y atraer a estudiantes para formarlos en esta área. Guanajuato ha destacado por el apoyo que otorga al desarrollo de las ciencias, particularmente las relacionadas con la biotecnología; además de tener una inversión activa de empresas privadas que apoyan el desarrollo de ciencia y tecnología para el mejoramiento de sus productos y formar capital humano de excelente calidad. Luego de la realización del #mexpopgen3, la comunidad científica de Guanajuato pretende seguir en la misma tendencia y lograr en un futuro próximo una excelente vinculación entre instancias de gobierno, empresas privadas e instituciones de investigación, lo que con seguridad tendrá como resultado que ese estado se consolide como un corredor industrial que además incube y genere ciencia.

Después de estas tres ediciones continuas del #mexpopgen se ha desarrollado un gran interés en estos eventos. A la vez, los organizadores y participantes identificaron los siguientes beneficios particulares:

- 1) Hemos mantenido la constancia de realizar un evento anual rotativo, sin interrupciones, entre instituciones académicas mexicanas para reforzar una masa crítica en esta área.
- 2) Estas tres ediciones han creado la oportunidad de reunir a la comunidad científica especialista en genética y genómica poblacional, así como en diversas áreas muy afines, que abordan variados temas de investigación en antropogenética, paleogenética, paleogenómica, regulación y transformación genética, metagenómica, ecología microbiana, biología evolutiva, biología sintética, biología matemática, filogenómica bacteriana, genética del envejecimiento, bioinformática y medicina personalizada.
- 3) El LIIHG de la UNAM, el Langebio y la ENAH, instituciones mexicanas miembros de los comités organizadores que han promovido y organizado el #mexpopgen, destacan en el plano internacional y son reconocidas por el nivel de desarrollo de sus investigaciones en ciencia genómica.
- 4) Con la continuidad de estos eventos podremos atraer la atención y participación de la comunidad científica nacional y, a la vez, posicionar a México como generador de ciencia de calidad, competitiva a nivel internacional.
- 5) Las tres ediciones del encuentro han permitido iniciar la identificación de la comunidad científica y profesionista que en el plano nacional aborda los temas de nuestra atención. Se ha iniciado el proceso de contactar a esta comunidad para compartir los conocimientos que cada especialista desarrolla.
- 6) A partir de estos eventos se han generado estrategias eficientes y contextualizadas para realizar excelentes programas de divulgación sobre genética y genómica de poblaciones, dirigidos a la población en general.
- 7) Estos eventos han impulsado la colaboración y la creación de proyectos de investigación interinstitucionales entre investigadores, así como entre estudiantes de diferentes estados del país.
- 8) Finalmente, estos eventos han dado paso a la generación de redes estratégicas de vinculación y colaboración entre investigadores, estudiantes, profesionistas, instancias de gobierno y empresas instaladas en el estado.

El mexpopgen ha crecido muy rápido, la demanda de los asistentes y participantes se ha duplicado entre la primera y la tercera edición. Sin embargo, los organizadores se proponen mantener el mismo formato y buscar espacios dentro de las instituciones participantes para continuar con el proyecto de reunir anualmente a la comunidad científica enfocada a la genética de poblaciones

en nuestro país, con el fin de compartir los avances y actualizaciones de nuestras investigaciones, consolidar colaboraciones y fortalecer esta área del conocimiento en México.

Un producto claro de este fortalecimiento ha sido en el área de antropología genética, lo cual se hizo patente en la segunda edición del encuentro, donde se presentaron diversos trabajos con una perspectiva antropofísica y arqueológica, abordados con herramientas de genética de poblaciones, para aportar otros elementos y responder a las preguntas clásicas de estas disciplinas, como ¿de dónde venimos?, ¿quiénes somos y hacia dónde vamos como especie humana? Es alentador ver esta migración de la antropología molecular a la antropología genética, indispensable para validar muchas teorías en torno a la historia de la humanidad.

El cuerpo revisitado

Reseña crítica del libro: Arturo Rico Bovio (2017)

Muerte y resurrección del cuerpo

México: Plaza y Valdés / Universidad Autónoma de Chihuahua

Elio Masferrer Kan*

Debo reconocer que, por sugerencia del Dr. Horacio Cerutti, acepté la invitación de leer y comentar el texto de Arturo Rico, aunque con cierta desconfianza porque mi campo no es la filosofía. Ya en las primeras cinco páginas quedé atrapado y me convencí de que era un libro con excelente calidad y que por ello podía leerlo cualquier persona medianamente informada. Este texto tiene la virtud de llevar a hacernos preguntas sobre los demás (o más precisamente sobre nosotros mismos) y me resultó tan sugerente que no lo solté hasta leerlo de “un tirón”. Es un libro que nos lleva a pensar cuestiones y cosas que no nos habíamos planteado antes. Si lograra mover a sus lectores a la reflexión —y evidentemente lo logrará—, será un libro exitoso.

El libro de Arturo nos obliga a reflexionar sobre algo aparentemente obvio en los seres humanos: nuestro propio cuerpo. El autor nos complica las soluciones en apariencia sencillas y nos introduce en las diferentes *lecturas* del cuerpo, tanto desde las construcciones míticas de diversas culturas como desde los desarrollos científicos; y para hacer honor a la profesión del libro, desde las diferentes corrientes filosóficas. Arturo Rico critica con solvencia a sus colegas filósofos, quienes están muchas veces anclados en el “pensadero filosófico” y en la búsqueda de las esencias se olvidan de su propia humanidad, de su corporeidad. Con sus reflexiones, también nos obliga a aceptar que nuestro cuerpo no existe en soledad; que la existencia de un cuerpo implica, a la vez, una relación o distancia con otros cuerpos.

Cuando el lector está convencido de que ya sabe todo sobre el asunto, Arturo nos complica las soluciones fáciles y se lanza a una decodificación del concepto: cuestiona si el cuerpo tiene una existencia “natural” al romper con los planteamientos de carácter físico o fisiológico que pretenden explicarlo. Retomando a Nietzsche y su mil veces citada “muerte de Dios”, proclama que ese cuerpo fisiológico ha muerto, lo exime de todas las culpas de los pecados y demás situaciones que le adjudican lo “suce-

* Escuela Nacional de Antropología e Historia-INAH (eliomasferrer@gmail.com).

dido” a su reclamo “hormonal” ciego y casi dictatorial. El responsable sería entonces el ser humano y su subjetividad, sus valores y la toma de decisiones en ejercicio de la libertad. El cuerpo, ya desnudado, se remite a los otros cuerpos.

Al abordar el campo de la subjetividad y la construcción ideológica del cuerpo, Arturo Rico nos remite a la propia construcción subjetiva del cuerpo, que también es nuestro cuerpo. El cuerpo propio (y los ajenos) sería(n) entonces resultado(s) de ciertos desarrollos culturales; además, las diferentes lecturas del cuerpo no son aisladas. El cuerpo no existe como realidad *en sí*, no existe *para sí*, sino que se articula en una realidad sistémica, en una suerte de *subjetividad-objetividad relacional*, la cual rebasaría los límites de la dialéctica.

En el capítulo “Voces y coces del cuerpo”, nuestro autor se sumerge en el mundo mítico e intenta una relectura de ciertos pasajes de la Biblia para realizar una magistral integración interdisciplinaria entre filosofía, teología y fisiología. Esta integración desconcierta al lector habituado a lecturas disciplinares más estrechas. En la ineludible conversación, posterior a la presentación del libro, Arturo se nos presentó como “hijo de un médico”, lo que nos llevó a imaginar la plática pendiente con su padre, en una construcción casi psicoanalítica. Esto me hizo pensar que debía confesarle que mis padres estaban también en el campo de la salud (ella, químico bióloga farmacéutica; él, odontólogo. Pero no es necesario que el lector sea hijo de tremendos padres). Este capítulo nos introduce en las cuestiones existenciales de los profesionales de la salud y su constante devenir en “los límites” de la vida y la muerte.

El capítulo “El cuerpo universal como destino” nos hace pensar en la universalidad que puso de manifiesto la “transcripción” del genoma humano: compartimos lo mismo, somos intrínsecamente iguales y semejantes biológicamente, pero diferentes “en la existencia”.

Cuando estábamos convencidos de que el autor nos iba a “dejar ir en paz”, pues habíamos comprendido algunas (o muchas) cuestiones sobre el cuerpo, Arturo Rico volvió a la carga y nos colocó (o sorprendió) en una más de sus “posiciones fuera de base” al argumentar que el cuerpo es “un juego para armar”. Cada cultura, cada lengua o cada habla tienen una lectura simbólica y modos específicos de expresar el cuerpo: “cada quien nombra y obra sobre los cuerpos que constituyen su mundo. Existe un número inagotable de perspectivas de apreciación de cosas y personas, limitado sólo por la amplitud, el uso y las características del lenguaje” (p. 145).

Ya camino a las conclusiones, Arturo desarrolla su propuesta; ya nos desnudó, pero no quiere dejarnos ir así. No quiere engañarnos como el sastre lo hizo con el rey que iba desnudo, sino que nos propone la construcción de una nueva cartografía corporal: “Una nueva lectura de la realidad donde cabe el espíritu, no como un intruso en un mundo material sino como el enfoque desde el cual todos los cuerpos se encuentran enlazados y adquieren pleno sentido” (p. 209).

En síntesis, cuando estábamos convencidos de que el autor llegaba a una construcción holística del cuerpo como algo que rebasa la sustancia de cada cuerpo, al llevarnos a revisarlo desde lo social, lo simbólico y lo físico, Arturo nos plantea otro problema, que es la construcción de la

trascendencia partiendo de nuestro propio cuerpo situado, ese cuerpo que tiene deseos y es sujeto de deseos, que se alimenta y alimenta a los otros, que se guía por el principio del placer, nos coloca en la cotidianidad de la vida y la necesidad de remitirnos a otros niveles.

¿A cuáles otros niveles? En fin, lo dejo aquí, pues nuestro lector, usted amable lector, debe llegar al final y encontrar por sí mismo que el cuerpo “es lo que es, porque es algo propio y diferente” en esta multitud que nos aliena y condena a la soledad. La lectura de este libro lleva al lector a la implacable necesidad de situarse y definirse a sí mismo.

Enfoques

Cocina, gastronomía y modernidad: hacia una definición de lo gastronómico | Steffan Igor Ayora Díaz

De cultura alimentaria, cocina tradicional y gastronomía mexicana: algunas reflexiones | Lilia Hernández Albarrán

La soberanía alimentaria de los aymaras en el distrito de Vilquechico, Perú | Hernán Cornejo Velásquez

De andares nómadas y coloniales: la alimentación del noreste mexicano | Edith Yesenia Peña Sánchez

Memoria del agua, la tierra, la milpa y los sabores: cambios en la alimentación tradicional en Tlalpan | Gerardo Mora Jiménez/ Esther Gallardo González



Experiencias silenciadas: breves apuntes sobre la cocina afroamericana | Giobanna Buenahora

Entrevista

Tradiciones culinarias del noreste. Entrevista a Jaime Gutiérrez, el *Conde de Agualeguas*, cronista del municipio de Agualeguas, Nuevo León | Iris Sabdi Hernández Manrique

En imágenes

Todo lo que camina, corre y vuela... *pa'* la cazuela. *Ra n'go de ga hñuni ma hai* | Lilia Hernández Albarrán

Diversa

Cuando el sentido acontece. Una mirada metodológica sobre la narrativa y la cosmología desde una comunidad nahua de la Sierra Norte de Puebla | Eliana Acosta Márquez

Peritajes antropológicos

Relevancia del peritaje antropológico en un caso por portación de armas dentro del sistema acusatorio adversarial | Xóchitl Zolueta Juan

Proyectos INAH

Proyecto Estrategias de Supervivencia Doméstica y sus Consecuencias en la Salud y Nutrición en México | Mónica Paola Zúñiga Escobar

Reseñas analíticas

Utopística agroecológica. Reseña crítica del libro: Miguel Ángel Huato y Víctor M. Toledo (2016). *Utopística agroecológica. Innovaciones campesinas y seguridad alimentaria en maíz*. Puebla: BUAP | Benito Ramírez Valverde

II Encuentro de Cocinas en México: Procesos Biosociales, Históricos y de Reproducción Cultural | Rosa María Raquel Pérez Hernández

Enfoques

Nombrar e identificar: la denominación de la población de origen africano en Oaxaca durante los siglos XVII y XVIII | Maira Cristina Córdova Aguilar

Demografía y sociedad en la ciudad de Veracruz: los porteños de origen africano a finales del periodo colonial | Marco Antonio Pérez Jiménez

Afrodescendencia en Chilpancingo | María Teresa Pavía Miller

Interrogando el archivo: registros sobre esclavos en el Tejas mexicano, 1821-1836 | María Camila Díaz Casas

Reflexiones en torno a la inclusión de la pregunta sobre afrodescendientes en la Encuesta Intercensal 2015 | Eduardo Torre Cantalapiedra

Nombrar y contar: afrodescendientes en la Encuesta Nacional sobre Discriminación en México (Enadis) 2017 | Paula Cristina Neves Nogueira Leite

Entrevista

Reflexiones sobre la inclusión de variables afrodescendientes en instrumentos estadísticos. Entrevista a Odile Hoffmann | Gabriela Iturralde Nieto

En imágenes

Afrodescendientes en México | José Luis Martínez Maldonado

Diversa

Racismo y discriminación en contextos escolares de Oaxaca: mixtecos y fromexicanos | Cristina V. Masferrer León

Peritajes antropológicos

Ampliar las cartografías de la fromexicanidad: efectos de un peritaje etnológico y etnohistórico en una controversia sobre derecho a la consulta y la no discriminación | Gabriela Iturralde Nieto

Proyectos INAH

Formar, investigar y hacer etnografía desde la ENAH: la historia de un Proyecto de Investigación Formativa | Leif Korsbaek/Martín Ronquillo Arvizu

Reseñas analíticas

Pigmentocracias. Etnicidad, raza y color en Latinoamérica. Reseña crítica del libro: Edward Telles (2014). *Pigmentocracies. Ethnicity, Race and Color in Latin America*. Chapel Hill: University of California Press | Citlali Quecha Reyna



INSTRUCTIVO PARA LOS AUTORES

Sólo se considerarán para su posible publicación los artículos y reseñas originales e inéditos, en cualquiera de las lenguas nacionales, que simultáneamente no estén sometidos a dictamen en otras casas editoras.

Modo de entrega de los originales

Los artículos propuestos se enviarán únicamente en formato digital, como archivo adjunto en un mensaje de correo electrónico, a las direcciones:

revista.cnah@inah.gov.mx
pedro_ovando@inah.gov.mx

Los originales deberán incluir la siguiente información: nombre del autor, institución en la que labora, semblanza breve (no más de 500 caracteres), número telefónico y dirección de correo electrónico.

Los artículos deberán incluir al inicio un resumen de entre 150 y 200 palabras en español y en inglés, así como cuatro y ocho palabras clave, que no estén en el título, con su traducción en inglés.

Diario de Campo acusará recibo de los originales. La publicación de cada artículo dependerá del visto bueno del Comité Editorial y un proceso de dictaminación realizado por especialistas anónimos.

Al aprobarse la publicación de un artículo, el autor deberá ceder los derechos patrimoniales sobre su trabajo y autorizar al INAH la difusión impresa y electrónica de la obra.

Elementos tipográficos

Se utilizará un solo tipo de letra (Arial) y de un solo tamaño (12 puntos), con interlineado 1.5. Los títulos se escribirán en altas y bajas. Las notas al pie serán de cuerpo menor (10 puntos). La extensión de los artículos no deberá exceder las 30 páginas.

Citas y bibliografía

Las citas en el texto deberán ser homogéneas en todo el artículo y apegarse al siguiente formato: (Apellido del autor, año de publicación: número de página). Por ejemplo: (Ravines, 1978: 607). En caso de que haya más de tres autores se podrá incluir únicamente el primero de ellos seguido de la expresión *et al.* Las citas abreviadas siempre se harán en el texto y jamás en las notas, salvo que se trate de una referencia complementaria.

La bibliografía consultada se citará al final del escrito en orden alfabético, según los apellidos de los autores. Se observará el siguiente formato:

Recursos impresos

a) Libro completo:

Apellidos, Nombre del autor (año). *Título de la obra*. Ciudad: Editorial.

b) Libro completo con edición diferente a la primera:

Apellidos, Nombre del autor (año). *Título de la obra* (Número de la edición). Ciudad: Editorial.
El dato de edición: Asentar en primer lugar el número arábigo que le corresponde y a continuación, y sin espacio intermedio, la letra "a" en minúscula, en superíndice. Luego, y separada por un espacio, colocar la abreviatura "ed" seguida de un punto. Ejemplo: (4ª ed.), (3ª ed. rev.). No debe hacerse constar la edición cuando se trata de la primera.

c) Libro completo con reimpresión:

Apellidos, Nombre del autor (año de la primera publicación/año de reimpresión). *Título de la obra* (Número de reimpresión). Ciudad: Editorial.
El dato de reimpresión se escribe igual que el dato de edición (7ª reimpresión), (4ª reimpresión). La palabra reimpresión no se escribe con mayúscula inicial y no se abrevia.

d) Libro con editor o compilador:

A continuación del nombre del responsable de la publicación consultada se puede consignar su función o cargo, en el caso de que sea un editor, se colocará (ed.), compilador (comp.), director (dir.) colaborador (colab.), organizador (org.), etcétera.

e) Capítulos de libro:

Apellido, Nombre del autor (año). "Título del capítulo". En *Título de la obra* (pp. xxx- xxx). Ciudad: Editorial.

f) Artículos de periódicos:

Apellido, Nombre del autor (día, mes, año). "Título del artículo", *Nombre del periódico*, pp.
En relación con las páginas: Indicar las secciones del periódico con las letras del alfabeto en mayúscula (ej.: p. A1-A2). Si el artículo abarca más de dos páginas y éstas son seguidas, indíquelas como en el ejemplo anterior. Si las páginas no son seguidas, sepárelas con una coma (ej.: p. A1, A4). Si el artículo no está firmado, el título reemplaza al autor.

g) Artículos de revistas:

Apellido, Nombre del autor (año). "Título del artículo". *Nombre de la publicación*, volumen (número), pp.
Si la revista no tiene volumen, se deja el número en cursiva, sin utilizar paréntesis.

h) Tesis:

Apellido, Nombre del autor (año). *Título* (tesis de licenciatura, maestría o doctorado). Nombre de la Institución Académica, Ciudad.
Todas las palabras significativas que componen la denominación completa de las instituciones académicas van en mayúscula.

i) Ponencias o conferencias:

Las actas de congresos pueden publicarse en libros o publicaciones periódicas. Citar las actas publicadas en un libro utilizando el mismo formato para citar libros o capítulos de libros. Y para citar actas que se publican de una manera habitual, emplear el mismo formato que se utilizará con una publicación periódica.

Recursos no publicados

j) Ponencias o conferencias no publicadas:

Apellido, Nombre del autor (mes, año). *Título de la ponencia*. Trabajo presentado en Nombre Completo del Evento de Nombre Completo de la Organización o Institución Organizadora, Ciudad.
Todas las palabras significativas que componen la denominación completa de las ponencias y las organizaciones que las realizan van en mayúscula.

Recursos electrónicos o de internet

k) Libro en versión electrónica:

Apellido, Nombre del autor (año). *Título de la obra*. Recuperado de: <http://www.xxxxxx.xxx>.

l) Libro en versión electrónica con DOI:

Algunos libros electrónicos cuentan con una serie alfanumérica única, DOI, por sus siglas en inglés (Digital Object Identifier), asignada por la editorial a un documento en formato electrónico, ésta permite identificar contenidos y provee un enlace consistente para su localización en internet. Actualmente, no todos los documentos tienen DOI. Pero si lo tienen, hay que incluirlo como parte de la bibliografía: Apellido, Nombre del autor (año). *Título de la obra*. doi: xx.xxxxxxxx
En la bibliografía, la palabra doi se escribe con minúscula inicial, sin versalitas.

m) Documento obtenido de un sitio web:

Apellido, Nombre del autor (año). "Título del documento". *Nombre del sitio web*.
Recuperado de: <http://www.xxxxxx.xxx>.

n) Artículos de publicaciones periódicas electrónicas:

Apellido, Nombre del autor (año). "Título del artículo". *Nombre de la publicación*, volumen (número), pp. Recuperado de: <http://www.xxxxxx.xxx>.
Cuando el artículo tiene DOI se indica este dato en la bibliografía y se omite la dirección URL.

ñ) Artículos de revistas académicas recuperados de una base de datos:

Apellido, Nombre del autor (año). "Título del artículo". *Nombre de la publicación*, volumen (número), pp. Recuperado de: Nombre de la base de datos.

o) Abstract de un artículo de revista académica recuperada de una base de datos:

Apellido, Nombre del autor (año). "Título del artículo". *Nombre de la publicación*, volumen (número), pp. Abstract recuperado de: Nombre de la base de datos.
En la bibliografía la palabra "Abstract" no se escribe con cursivas.

p) Informes:

Nombre Completo de la Organización (año). "Título del informe". Recuperado de: <http://www.xxx.xxx>.
Todas las palabras significativas que componen la denominación completa de las organizaciones van en mayúscula.

q) Ponencias o conferencias recuperadas on-line:

Utilice el mismo formato que se presenta para ponencias o conferencias no publicadas y al final indique una ruta de acceso web apoyándose en la forma: Recuperado de: <http://www.xxxxxx.xxx>.

r) Contribuciones en blog:

Apellido, Nombre del autor (día, mes, año). "Título del post" [Mensaje en un blog]. Recuperado de: <http://www.xxxxxx.xxx>.

Si el nombre completo del autor no está disponible, utilice el nombre de usuario (*nickname*). Proporcione la fecha exacta de la publicación.

Consideraciones particulares

- En el caso de citar un texto escrito por dos o tres autores: colocar "y" entre los dos últimos.
- En el caso de que se cite un texto de más de tres autores escriba el apellido y el nombre del primero, seguido, sin comas, de la abreviatura en cursivas "et al." (que significa "y otros", para indicar que hay varios autores más).
- Cuando en un libro se considera como autor a una institución, se debe escribir el nombre completo de dicha institución, sin abreviaturas.
- Cuando se trate de un código, el nombre de éste ocupará el lugar del autor y se resaltará mediante cursivas. Ejemplo: *Código Dresde*.
- Cuando un autor tenga más de un libro publicado en un año específico, se debe diferenciar con las letras del abecedario, en minúsculas. Se debe hacer la anotación en el párrafo donde se colocó la cita y en las referencias bibliográficas.
- Si existen datos importantes para efectos de identificación y recuperación de la obra consultada, se colocan entre corchetes inmediatamente después del título. Ejemplos: [edición especial], [resumen], [volumen], [material complementario], etcétera. Cualquier otro dato obtenido fuera de la obra, también se consigna entre corchetes. En el caso de colecciones, la información se ordena después del nombre de la editorial.
- Si el material de consulta no tiene fecha de publicación, colocar la abreviatura: (s.f.), siempre entre paréntesis y en redondas.
- Si el lugar de edición del material de consulta no se puede determinar de ninguna manera, se escribirá la abreviatura latina "s.l." (*sine loco* = sin lugar) entre paréntesis y en redondas. Ejemplo: (s.l.)
- Si la obra que se consultó está pronta a publicarse, colocar entre paréntesis el siguiente texto: (en prensa).
- No se escribe punto después de la dirección web (URL) o del número DOI, para que el punto no se considere parte de la cadena o liga.

Las colaboraciones no se tomarán en cuenta para su evaluación hasta que cubran la totalidad de los requisitos enunciados previamente. El envío de materiales a *Diario de Campo* implica el acuerdo y firma de la declaración de originalidad del trabajo escrito y de posesión de los derechos para uso y publicación de las imágenes y recursos complementarios que lo acompañan.

Enfoques

Antropología molecular y análisis del ADN mitocondrial en poblaciones nahuas del Altiplano de México

Angélica González Oliver / Ernesto Garfias Morales / Víctor Hugo Avilés Chávez / Aurora Millán Sierra / Héctor Alessandro López Hernández

La ruta de los yaquis desde Sonora hasta Yucatán: una propuesta de identificación histórico-biológica
Oana del Castillo Chávez / José Manuel Arias López

Heredabilidad de la obesidad en el noreste de México. Estudio basado en el índice de masa corporal de diadas (madre-hijo)
Ricardo M. Cerda-Flores / Andrés Figueroa / Hugo Leonid Gallardo-Blanco

La inmunogenética más allá de la clínica: genes y patógenos que marcaron nuestra historia demográfica
Rodrigo Barquera Lozano

¿Dónde están los genomas de los mexicanos afrodescendientes?
Raúl Cuauhtémoc Baptista Rosas / Alma Aurora Arreola Cruz / Ana Sofía Torres Menchaca / Citlalli Quecha Reyna

Entrevista

Genética y genómica de poblaciones en México. ¿Dónde estamos y hacia dónde vamos?
Entrevista con Héctor Rangel Villalobos
Raúl Cuauhtémoc Baptista Rosas

El reto de analizar genomas en México.
Entrevista con Andrés Moreno Estrada
Raúl Cuauhtémoc Baptista Rosas

En imágenes

Una última entrevista: el seguimiento molecular a una pieza ósea de un contexto prehispánico
Rodrigo Barquera Lozano

Diversa

La violencia implícita en la discriminación étnica y el papel de la lengua materna. Narrativas de mujeres *mè'phàà* y *na savi* de La Montaña de Guerrero
María Cristina Hernández Bernal

Peritajes antropológicos

Vinculación interinstitucional y peritaje antropofísico
Israel David Lara Barajas

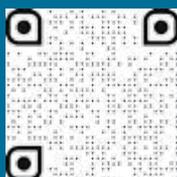
Proyectos INAH

Análisis del desarrollo ontogenético en personas con trisomía 21: un enfoque comparativo
Bernardo Yáñez Macías Valadez

Reseñas analíticas

Tres ediciones del Mexico Population Genetics Meeting (#mexpopgen)
Karla Sandoval Mendoza

El cuerpo revisitado
Reseña crítica del libro: Arturo Rico Bovio (2017). *Muerte y resurrección del cuerpo*. México: Plaza y Valdés / Universidad Autónoma de Chihuahua
Elio Masferrer Kan



QR
Diario de Campo



CULTURA
SECRETARÍA DE CULTURA

