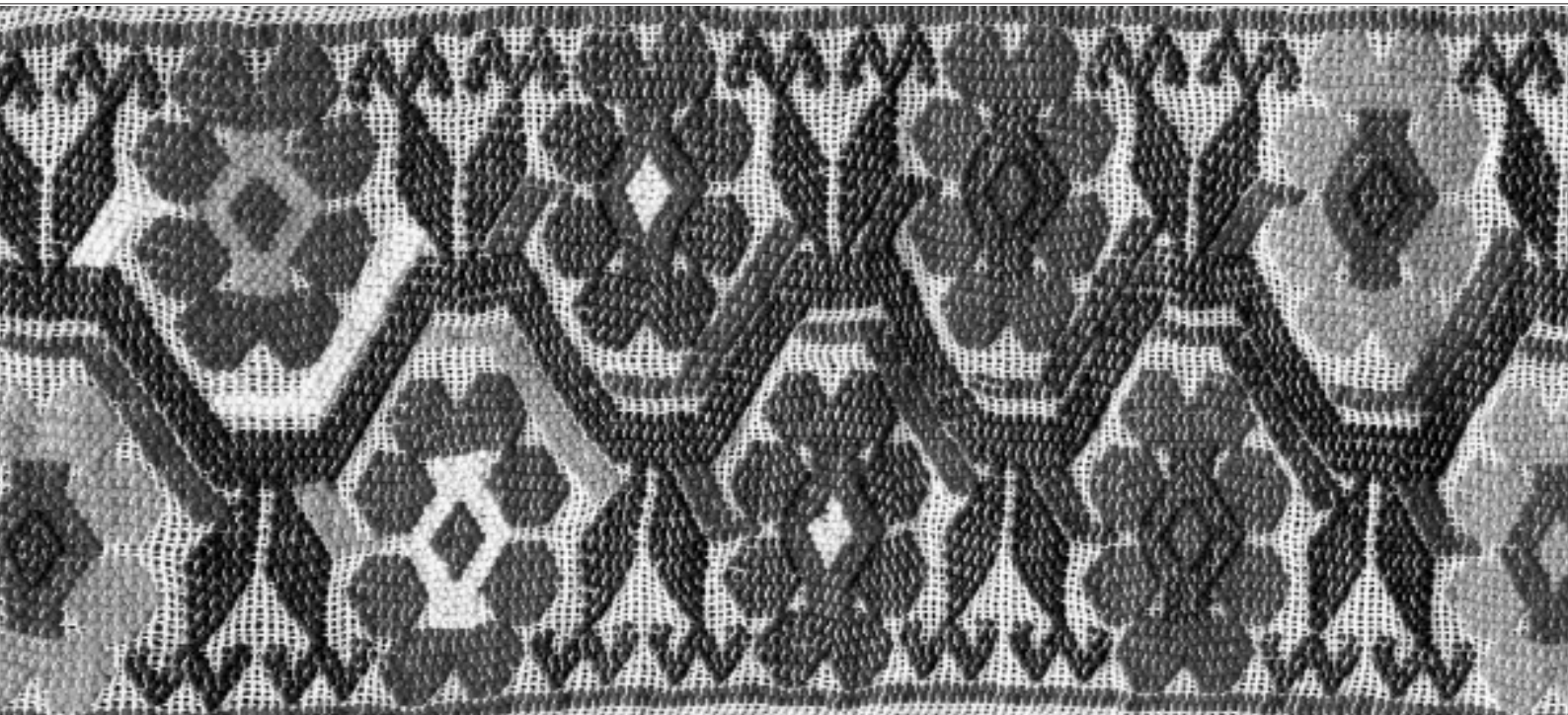


# ANALES DE ANTROPOLOGÍA

Volumen 54-II

Julio-diciembre 2020



eISSN: 2448-6221





# ANALES DE ANTROPOLOGÍA



Anales de Antropología 54-2 (2020): 107-114

[www.revistas.unam.mx/index.php/antropologia](http://www.revistas.unam.mx/index.php/antropologia)

## Artículo

### Marcadores STR's autosómicos en población indígena añu zuliana de Venezuela

### STR's autosome Markers of the indigenous Añu population from Zulia, Venezuela

Tatiana Carolina Pardo Govea,<sup>1</sup> Korana Tovar Stojcic,<sup>1</sup> José Miguel Quintero Ferrer,<sup>1</sup> Lisbeth Margarita Borjas Fuentes,<sup>1</sup> Yanira Sánchez Caridad,<sup>1</sup> Karile Del Carmen Méndez Molina,<sup>1</sup> Yenddy Nayghit Carrero Castillo,<sup>2</sup> Sergio Emiro Rivera Pirela<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Universidad del Zulia, Maracaibo 4001, Zulia, Venezuela.

<sup>2</sup>Universidad Técnica de Ambato, Av. Los Chásquis, Ambato 180207, Ecuador.

Recibido el 12 de abril de 2019; aceptado el 19 de octubre de 2019

#### Resumen

En el estado Zulia se encuentra 61.18% de la población aborigen de Venezuela. La etnia añu es el segundo grupo de indígenas más numeroso, después de los wayúu. Se estudiaron 29 individuos añu, a los cuales se les realizó extracción de ADN por medio de un método que combina dos técnicas (Fenol/Sevag y Salting-Out), se procedió a la amplificación de las mismas a través de la PCR multiplex, se empleó el Kit Promega Powerplex®16HS, y se determinó las frecuencias alélicas de 15 marcadores STR's autosómicos: D3S1358, TH01, D21S11, D18S51, PENTA E, D5S818, D13S317, D7S820, D16S539, CSF1P0, PENTA D, vWA, D8S1179, TPOX, FGA y AMELOGENINA. La genotipificación se realizó después de la comparación de fragmentos de STR con la escalera alélica y el tamaño del carril interno estándar utilizando el software GeneMapper® ID-X, Versión 1.2; las mayores frecuencias alélicas para cada marcador genético fueron las siguientes: el alelo 18 del locus D3S1358 (0.448), alelo 6 de TH01 (0.586), alelo 30 D21S11 (0.379), alelo 12 D18S51 (0.275), alelo 14 Penta E (0.258), alelo 11 D5S818 (0.603), alelo 12 D13S317 (0.327), alelo 11 D7S820 (0.586), alelo 12 D16S539 (0.310), alelo 10 CSF1PO (0.344), alelo 11 Penta D (0.327), alelo 16 vWA (0.620), alelo 14 D8S1179 (0.431), alelo 8 TPOX (0.551) y alelo 24 FGA (0.396). Según la matriz de distancia de Nei, la población añu

#### Abstract

The state of Zulia concentrates 61.18% of the aboriginal population of Venezuela, of which the Añu are the second largest group, after the Wayúu. 29 Añu individuals were studied, and DNA extraction was performed by means of a method that combines two techniques (Fenol / Sevag and Salting-Out), proceeding to their amplification through multiplex PCR, using the Promega Powerplex®16HS Kit, determining the allele frequencies of 15 autosomal STR markers: D3S1358, TH01, D21S11, D18S51, PENTA E, D5S818, D13S317, D7S820, D16S539, CSF1P0, PENTA D, vWA, D8S1179, TPOX, FGA and AMELOGENINE. Genotyping was performed after the comparison of STR fragments with the allelic ladder and the standard internal lane size using the GeneMapper® ID-X software, Version 1.2, with the highest allelic frequencies for each genetic marker being the following: the allele 18 of the locus D3S1358 (0.448), allele 6 of TH01 (0.586), allele 30 D21S11 (0.379), allele 12 D18S51 (0.275), allele 14 Penta E (0.258), allele 11 D5S818 (0.603), allele 12 D13S317 (0.327), allele 11 D7S820 (0.586), allele 12 D16S539 (0.310), allele 10 CSF1PO (0.344), allele 11 Penta D (0.327), allele 16 vWA (0.620), allele 14 D8S1179 (0.431), allele 8 TPOX (0.551) and allele 24 FGA (0.396). According to Nei's matrix of distance, the Añu population does not share its genetic stock with other Zulian indigenous

\* Correo electrónico: [sriverap54@gmail.com](mailto:sriverap54@gmail.com)

no comparte su Acervo Genético con otros grupos indígenas zulianos ni del continente americano, lo cual indica que este grupo étnico tiene su propio origen ancestral con poco o ningún aporte genético externo.

groups or the American continent, indicating that this ethnic group has its own ancestral origin with little or no external genetic contribution.

*Palabras clave:* antropología genética; lenguaje; frecuencia alélica; dendrograma; tipificación ADN

*Keywords:* genetic anthropology; language; allelic frequency; dendrogram; DNA typing

## Introducción

La genética de poblaciones se mantiene más vigente que nunca y con mayor fuerza debido a los avances que ha tenido la biología molecular en la secuenciación e identificación de genes y regiones no codificantes en los seres humanos. A través de los marcadores encontrados en el ADN y su variación, podemos dilucidar los orígenes del hombre y la dinámica que han presentado nuestras poblaciones. En el caso de Venezuela, su población se caracteriza por presentar una gran variabilidad genética y cultural como resultado de las numerosas migraciones que ha recibido a lo largo de la historia y, por lo tanto, su composición étnica constituye una mezcla entre indígenas, africanos y en mayor medida europeos. A su vez, cada región del país posee su propia estructura genética, que refleja su historia particular. En la actualidad, según los resultados del censo poblacional realizado por el Instituto Nacional de Estadísticas (INE) del año 2011, 725 141 individuos se declararon indígenas y se encuentran distribuidos a lo largo de Venezuela. En la población total indígena registrada, 50.6% son hombres (365 920) y 49.9% son mujeres (359 208); además, se reportó un aumento significativo de población indígena respecto al total de 41.8% entre 2001 y 2011 (Instituto Nacional de Estadística 2013). En el estado Zulia se encuentra la mayor concentración de indígenas con 443 673 lo que representa 61.18% de la población aborigen de Venezuela.

La Ley de Demarcación y Garantía del Hábitat y Tierras de los Pueblos Indígenas (2001) indica la existencia de 35 grupos étnicos en el país y entre ellos reconoce cinco en el estado Zulia: wayuu, bari, yukpa, japreria y los añu o paraujanos quienes mantienen un arraigo sociocultural e histórico importante. Los añu o paraujanos son el segundo grupo de indígenas desde el punto de vista numérico en el estado Zulia, después de los wayuu que ocupan el primer lugar y los quintos a nivel nacional, representando 2.9% de toda la población indígena; siguiendo a los wayuu se encuentran los waraos, kariña y pemones 2011 (Instituto Nacional de Estadística 2013).

Los indígenas de la etnia añu son conocidos también como la “población de agua”; habitan el noroeste del estado Zulia, tanto en palafitos como en tierra firme, desde la laguna de Sinamaica, ciénagas vecinas y el río Limón, hasta Carrasquero, Campo Mara, San Rafael del Moján e islas de la Bahía de Urubá; el barrio Santa Rosa de Agua y barrios vecinos en Maracaibo; y en la costa noroeste del Lago de Maracaibo, desde el Curarire hasta la desem-

bocadura del Río Palmar; así mismo, se conoce que un grupo de ellos habita al sur del lago específicamente en el Municipio Colón (Bermúdez *et al.* 2009; Novelli 2012). Los añu se autodenominan “laguneros” para reconocerse como habitantes de la laguna de Sinamaica y diferenciarse de otras personas que allí viven y que no pertenecen a esta etnia indígena. Asimismo, han presentado una alta tasa de endogamia por ser una sociedad culturalmente muy cerrada, similar a los grupos étnicos bari y yukpa. Para algunos investigadores la etnia zuliana se encuentra en peligro de extinción debido a la occidentalización, de ahí la importancia del estudio de su estructura genética y establecer cuánto pueden semejarse o diferenciarse de otras etnias de la región y obtener información acerca de su mestizaje (Amodio *et al.* 2005). En este sentido se puede resaltar desde el punto de vista genético la importancia de conocer la estructura de estos pueblos y compararlas con las ya estudiadas en el continente americano, para conocer sus orígenes y, de igual manera, identificar el grado de mezcla que pudo haberse producido tras su incorporación cada vez mayor a las ciudades. Lo dicho anteriormente es de gran relevancia en el estado Zulia donde se encuentra concentrada la mayor parte de la población indígena del país; y más aún la comunidad añu o paraujana elegida para este estudio, que representa el quinto grupo en frecuencia después de los wayuu, los waraos, los kariñas y los pemones, siendo además la segunda población indígena con mayor frecuencia en el estado.

## Materiales y métodos

### Población y muestra

Se analizaron 29 individuos de la etnia indígena añu de la Laguna Sinamaica, estado Zulia, de los cuales 22 pertenecían al sexo femenino y 7 al masculino, no relacionados genéticamente y seleccionados al azar. El ADN fue donado por el Banco de ADN del Laboratorio de Genética Molecular del Instituto de Investigaciones Genéticas “Dr. Heber Villalobos Cabrera”, perteneciente a la Facultad de Medicina de la Universidad del Zulia.

### Extracción de ADN, amplificación y genotipificación de marcadores STR's autosómicos:

El ADN se extrajo previamente mediante la técnica Salting Out modificada (Miller *et al.* 1998). Luego de la

extracción y posterior determinación de la calidad del ADN extraído de las muestras, se procedió a la amplificación de las mismas a través de una PCR multiplex, utilizando para ello el *kit* de *Promega kit Powerplex® 16HS* de acuerdo a las instrucciones del fabricante para D3S1358, TH01, D21S11, D18S51, PENTA E, D5S818, D13S317, D7S820, D16S539, CSF1PO, PENTA D, VWA, D8S1179, TPOX y FGA. La genotipificación se realizó después de la comparación de fragmentos de STR con la escalera alélica y el tamaño del carril interno estándar utilizando el *software GeneMapper® ID-X*, Versión 1.2. Todas las etapas del proceso se llevaron a cabo de acuerdo con las normas de control interno del laboratorio y los controles del *kit* proporcionado por la corporación Promega.

### Análisis estadístico

En cuanto al análisis estadístico, las estimaciones para el cálculo de parámetros poblacionales se llevaron a cabo utilizando el programa *Arlequin* en su versión 3.5. Entre los parámetros estadísticos que fueron considerados se encuentran las frecuencias alélicas para cada locus, heterocigosis observada, heterocigosis esperada, equilibrio Hardy-Weinberg; mientras que el programa *dispan* fue utilizado para el cálculo de las distancias genéticas y el dendrograma se obtuvo aplicando el método *Neighbor-Joining* (Excoffier y Lischer 2010; Ota T. 1993, Nei y Roychoudhury 1974; Saitou y Nei 1987).

### Resultados y discusión

La población añú se encuentra en equilibrio de *Hardy-Weinberg* (HW) para 14 de los marcadores autosómicos estudiados, lo que permite inferir que es una población en donde los individuos tienen un apareamiento aleatorio y que los eventos migratorios que han podido haber marcado una dinámica poblacional, han tenido poco efecto en la variación de las proporciones genotípicas de la misma. Sin embargo, se observa que el marcador D8S1179 se encuentra en desequilibrio de *Hardy-Weinberg* ( $P < 0,003$ ) puesto que la *Ho* es significativamente inferior a la *He*. El análisis de *Hardy-Weinberg* busca establecer si en una población las frecuencias génicas y genotípicas permanecen constantes de generación en generación, cuando la población cumple con apareamiento aleatorio, herencia mendeliana y ausencia de selección, mutación o migración (Falconer y Mackay 1996). En un porcentaje elevado de estos loci, el desvío podría explicarse a causa de un déficit de heterocigotos, presumiblemente dado por un mayor nivel de endogamia, ya que los loci con mayor frecuencia se desvían del equilibrio HW.

De los 15 marcadores autosómicos estudiados, catorce presentaron heterocigosis mayores a 58% con excepción de D7S820 con 48%, siendo los loci PENTA E y D13S317 los que presentaron la mayor heterocigosis con 89.6%. En relación con la variabilidad de los marcadores

en la población añú, de los 15 marcadores STR's analizados se observó que los marcadores PENTA E, D18S51, FGA y PENTA D fueron los que presentaban una mayor variabilidad en cuanto al número de alelos. PENTA E resultó ser el más polimórfico en esta investigación, al tener presente 16 alelos que van desde el 7 hasta el 21, el de mayor frecuencia fue el alelo 14 con 24.1%, seguido del marcador FGA, el cual presentó diez alelos que van desde el 19 al 28 siendo el de mayor frecuencia el alelo 24 con 39.6%; D18S51 presentó 9 alelos del 12 al 23, siendo el de mayor frecuencia el 12 con 25.8%, y PENTA D mostró 8 alelos distintos desde el 8 al 15 siendo el de mayor frecuencia el alelo 9 con 32.8%.

En cambio, los marcadores TH01 y D7S820 fueron los que presentaron menos variabilidad con 5 y 4 alelos respectivamente. El marcador con mayor frecuencia alélica independientemente del número de alelos presentado en la población añú fue en primer lugar el alelo 16 de VWA con 62%, en segundo lugar el alelo 11 de D5S818 con 60% y, en tercer lugar los alelos 6 de TH01 y 11 de D7S820, ambos con una frecuencia de 58%. No se obtuvo presencia de alelos raros (frecuencia alélica  $< 0,005\%$ ) para la población indígena añú (cuadro 1).

Pineda y colaboradores estudiaron 15 marcadores STR's autosómicos en la población de Maracaibo y encontraron que el marcador con mayor variabilidad fue FGA con 14 alelos siendo los más frecuentes los alelos 21, 23 y 24 todos con 16%, y los de menor variabilidad D3S1358 y TH01 ambos con 7 alelos, mostrando el alelo 15 con la mayor frecuencia; para D3S1358 con 30% y el alelo 6 del marcador TH01 también con 30% (Pineda *et al.* 2006).

Al comparar la variabilidad de los alelos encontrados en nuestro estudio con el llevado a cabo por Filho Rigotti en la población brasileña, observamos que el marcador con mayor variabilidad en cuanto al número de alelos fue D21S11, el cual presentó 21 alelos distintos, siendo el de mayor frecuencia el alelo 30, el FGA presentaba 20 alelos siendo el de mayor frecuencia el alelo 21 y el D18S51 presentaba 16 alelos del 9 al 23 siendo el más frecuente el alelo 11, en cambio, los marcadores D7S820, CSF1PO, D16S539, TPOX y el D5S818 presentaban menor variabilidad al mostrar en todos los casos observados 9 alelos (Filho 2012). Por su parte, en un estudio realizado por Ossa y colaboradores en la población de Antioquía, Colombia, de 14 marcadores STR's autosómicos, se encontró que el sistema PENTA E fue el marcador que presentó un mayor número de alelos entre los individuos con 16, siendo el de mayor frecuencia el alelo 11 con 19% y D3S1358 el marcador que presentó un menor número de alelos con 5, entre los cuales, el más frecuente fue el alelo 14 (Ossa *et al.* 2010).

En otro estudio llevado a cabo por Ramírez en la Ciudad de México, mediante el uso de 22 loci STR's autosómicos, se determinó que el loci con mayor variabilidad fue el PENTA E con 23 alelos siendo el más frecuente el 12 con 16%, D18S51 con 15 y el de mayor frecuencia el alelo 17 con 18% y FGA con 14, lo cual mostró que

Cuadro 1. Frecuencias alélicas de 15 Marcadores STR's autosómicos en la población indígena año del Estado Zulia de Venezuela

Alelos	D3S1358	TH01	D21S11	D18S51	PENTAE	D5S818	D13S317	D7S820	D16S539	CSF1PO	PENTAD	VWA	D8S1179	TPOX	FGA
6	-	0.586*	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.017	-
7	-	0.172	-	-	0.017	0.034	-	-	-	-	-	-	-	-	-
8	-	0.068	-	-	0.068	-	0.017	-	-	-	0.017	-	-	0.551*	-
9	-	0.051	-	-	0.017	0.103	0.120	0.068	0.241	0.034	0.327*	-	-	0.034	-
9.3	-	0.120	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
10	-	-	-	-	0.034	-	0.034	0.224	0.120	0.344*	0.086	-	0.137	-	-
11	-	-	-	-	0.034	0.603*	0.224	0.586*	0.258	0.224	0.293	-	0.034	0.293	-
12	-	-	-	0.275*	0.068	0.172	0.327*	0.120	0.310*	0.327	0.086	-	0.103	0.086	-
13	0.017	-	-	0.086	0.137	0.068	0.206	-	0.017	0.051	0.155	-	0.137	0.017	-
14	0.068	-	-	0.120	0.258*	0.017	0.068	-	0.051	0.017	0.017	0.017	0.431*	-	-
15	0.448*	-	-	0.155	0.068	-	-	-	-	-	0.017	0.086	0.137	-	-
16	0.258	-	-	-	0.034	-	-	-	-	-	-	0.620*	0.017	-	-
17	0.068	-	-	0.155	0.051	-	-	-	-	-	-	0.189	-	-	-
18	0.137	-	-	0.068	0.068	-	-	-	-	-	-	0.068	-	-	-
19	-	-	-	0.017	0.034	-	-	-	-	-	-	0.017	-	-	0.086
20	-	-	-	-	0.034	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.017
21	-	-	-	-	0.034	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.034
22	-	-	-	0.017	0.034	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.051
23	-	-	-	0.103	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.155
24	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.396*
25	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.086
26	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.103
27	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.051
28	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.017
29	-	-	0.155	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
30	-	-	0.379	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
31	-	-	0.103	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
31.2	-	-	0.051	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
32	-	-	0.120	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
32.2	-	-	0.172	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
33.2	-	-	0.017	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
H <sub>o</sub>	0.827	0.586	0.724	0.758	0.896	0.620	0.896	0.482	0.862	0.758	0.724	0.586	0.655	0.655	0.862
H <sub>c</sub>	0.715	0.615	0.787	0.852	0.898	0.599	0.792	0.597	0.774	0.732	0.780	0.575	0.758	0.611	0.799
P	0.261	0.476	0.440	0.341	0.445	0.746	0.812	0.092	0.284	0.907	0.774	0.200	0.030	0.467	0.982

De nuestra autoría: Ho: heterocigosis observada, He: heterocigosis esperada P: Significancia. \* Mayores frecuencias alélicas

el de mayor frecuencia fue el alelo 24 con 16%; por el contrario, el de menor variabilidad fue TPOX con 5 alelos y el más frecuente fue el alelo 8 (Ramírez 2014).

Del mismo modo, en un estudio llevado a cabo por Flores y colaboradores en la población de Belice, se determinaron las frecuencias alélicas de 15 marcadores STR's autosómicos y encontraron la mayor variabilidad para el locus D21S11 con 17 alelos siendo el más frecuente el 30 con 22% y el locus D18S51 también con 17, donde el alelo 17 fue el más frecuente para este marcador con 21%; los que presentaron menos variabilidad en esta población fueron CSF1PO, D3S1358, TH01 y D16S539 todos con 8 alelos (Flores *et al.* 2015).

En el caso de una investigación realizada por Hernández y Trejo en la ciudad de Zacatecas, México, mediante el empleo de 15 marcadores STR's autosómicos se encontró que los marcadores con mayor variabilidad fueron D18S51 y D21S11 ambos con 15 alelos, siendo más frecuente el alelo 14 con 18% para D18S51 y el alelo 30 con 27% para D21S11 y el de menor variabilidad fue TH01 con 6 alelos, siendo el alelo 7 el más frecuente con 33% (Hernández-Rodríguez y Trejo-Medinilla 2014).

Con esto podemos observar que los marcadores PENTA E, D18S51 y FGA, son los que presentan mayor variabilidad en cuanto al número de alelos, tanto en la población añú como en otras. Por su parte, la elaboración de la matriz de distancias genéticas entre poblaciones se estimó con base en Nei (1974) tomando en cuenta las frecuencias alélicas de 7 marcadores de la población añú: CSF1PO, TPOX, TH01, vWA, D7S820, D13S317 y D5S818 y las reportadas para diversas poblaciones del estado Zulia tales como las poblaciones indígenas barí y yukpa, la población mestiza de Maracaibo, la población afro-descendiente de San José de Heras e Isla de Toas, conjuntamente con otras poblaciones de Latinoamérica, como los indígenas waorani de Ecuador, mestizos de Zacatecas, México, mestizos de Antioquía, Colombia, mestizos del sur de Brasil y de Buenos Aires, Argentina. Los resultados de la misma pueden observarse en el cuadro 2.

Las variaciones biológicas entre poblaciones humanas pueden ser investigadas a través de distintas herramientas metodológicas, sin embargo la bibliografía internacional recomienda el uso de las distancias genéticas y la representación gráfica de las matrices a través de dendrogramas o mapas genéticos que son usados frecuentemente para hacer inferencias con respecto a patrones geográficos, lingüísticos o etnohistóricos (Demarchi 2009). Existen diferentes tipos de distancias genéticas que se pueden aplicar para estudios de diferenciación génica de las cuales la más utilizada para polimorfismos del tipo microsatélite es la distancia genética del tipo DA de Saitou y Nei (1987). Ésta ha demostrado tener ciertas ventajas sobre las otras, ya que es más discriminativa entre poblaciones cercanamente relacionadas como las humanas, y aunque no es lineal con el tiempo evolucionario, se observa que es más eficiente para obtener correctas tipologías a nivel de los árboles, por lo cual se seleccionó para esta investigación (Zabala *et al.* 2005)

Según Cavalli-Sforza, cuando las distancias genéticas son estudiadas bajo la construcción de un árbol filogenético, las poblaciones tenderán a unirse o agruparse con aquellas a las que tengan mayor afinidad. En el caso de poblaciones mezcladas, formarán grupos con las poblaciones que hayan aportado el mayor componente a su acervo genético (Cavalli-Sforza 2007).

De acuerdo con hipótesis teóricas y algunos resultados genéticos, los pueblos indígenas de América provienen de Asia, entraron a América aproximadamente hace 18 000 años al atravesar el estrecho de Bering; a medida que descendían por el continente se iban asentando en diferentes grupos. El territorio venezolano fue alcanzado por estos pobladores aproximadamente hace 15 000 años en la época Paleolindia; se asentaron en la zona noroccidental del país y se caracterizaban por ser recolectores, cazadores y pescadores (Sans 2000; Leal-Jiménez 2008). Al considerar lo anteriormente expuesto, sería lógico plantear que los pueblos indígenas americanos comparten un mapa genético muy semejante, sobre todo aquellos que se encuentran geográficamente cercanos, como los indígenas añú, barí y yukpa que están ubicados en el estado Zulia, sin embargo, en este estudio queda demostrado que no es así.

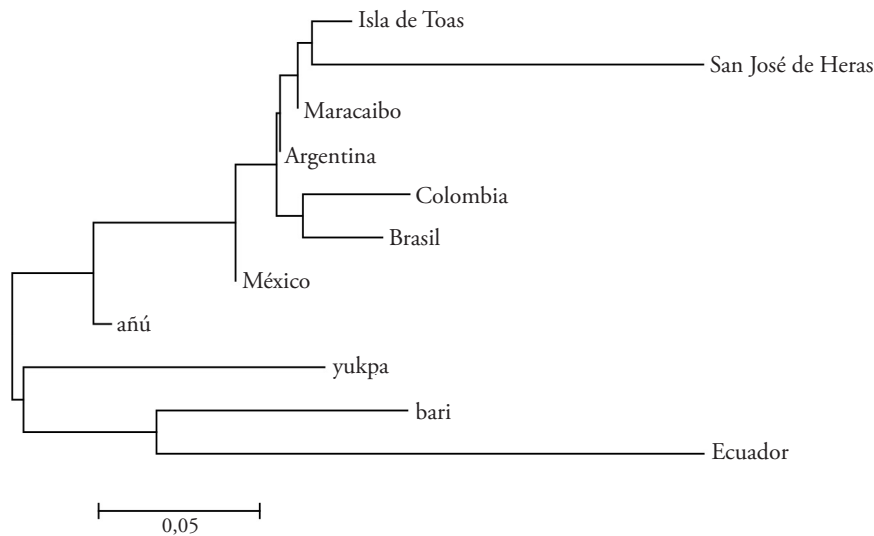
Cuando analizamos el dendrograma construido al medirse por frecuencias alélicas de los microsatélites estudiados: CSF1PO, TPOX, TH01, vWA, D7S820, D13S317 y D5S818, encontramos que la población indígena añú se ubicó en una rama totalmente aislada, lo cual nos indica que no comparten su acervo genético con otros grupos indígenas zulianos, ni con estas poblaciones, por lo que se podría suponer que este grupo étnico tiene su propio origen ancestral, además de poco o ningún mestizaje (figura 1).

Los grupos indígenas barí, yukpa y añú pertenecen a familias etnolingüísticas diferentes. En el caso de los barí provienen del tronco de los chibchas, los yukpas provienen de la rama norte de la familia lingüística caribe y los añú de la familia lingüística arawak, por lo que no solo existe un distanciamiento geográfico sino cultural que contribuye a que sean poblaciones cerradas y genéticamente diferentes. A continuación se encuentran ubicadas las poblaciones de América Central y del Sur, las cuales, a pesar de tener historias y culturas diferentes, tienen características comunes. En primer lugar, la población de Zacatecas (México), podría explicar su mayor cercanía con las poblaciones indígenas debido a que se trata de un país que tenía una alta densidad de indios americanos en la época precolombina y que, a pesar de haber pasado también por procesos colonizadores y muchas migraciones, aún mantienen una fuerte contribución amerindia, mostrando un grado más alto de linaje americano nativo. A continuación se encuentra la población del sur (Brasil) y del departamento de Antioquía, Colombia, las cuales a su vez se agruparon por su cercanía genética. Luego encontramos la población de Buenos Aires (Argentina). Por último y más alejadas genéticamente de la población indígena añú, a pesar de su cercanía geográfica, se encuen-

Cuadro 2. Matriz de distancias genéticas  $D_a$  de Nei entre la población añú y diversas poblaciones americanas

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
AÑÚ	-										
BARÍ	0,1515	-									
MÉX	0,0557	0,1686	-								
MBO	0,0653	0,2156	0,0121	-							
ISLA	0,0837	0,2174	0,0263	0,0181	-						
ECU	0,2575	0,2477	0,2800	0,3053	0,3114	-					
COL	0,0868	0,2483	0,0456	0,0428	0,0698	0,3251	-				
ARG	0,0617	0,2110	0,0071	0,0061	0,0192	0,2929	0,0389	-			
SJDH	0,1927	0,3798	0,1421	0,1229	0,1336	0,3916	0,1835	0,1304	-		
BRA	0,1097	0,2512	0,0434	0,0409	0,0550	0,3377	0,0577	0,0378	0,1511	-	
YUK	0,1221	0,1737	0,1419	0,1835	0,2124	0,3434	0,2011	0,1766	0,3411	0,2206	-

1: añú (de nuestra autoría), 2: bari (Zabala *et al.* 2005), 3: México (Ramírez 2014) 4: Maracaibo (Pineda *et al.* 2006), 5: Isla de Toas (Zabala *et al.* 2005), 6: Ecuador (Demarchi 2009), 7: Colombia (Ossa *et al.* 2010), 8: Argentina (Demarchi 2009), 9: San José De Heras (Zabala *et al.* 2005), 10: Brasil (Filho 2012), 11: yukpa (Zabala *et al.* 2005).



1: añú (de nuestra autoría), 2: bari (Zabala *et al.* 2005), 3: México (Ramírez 2014) 4: Maracaibo (Pineda *et al.* 2006), 5: Isla de Toas (Zabala *et al.* 2005), 6: Ecuador (Demarchi 2009), 7: Colombia (Ossa *et al.* 2010), 8: Argentina (Demarchi 2009), 9: San José de Heras (Zabala *et al.* 2005), 10: Brasil (Filho 2012), 11: yukpa (Zabala *et al.* 2005).

Figura 1. Dendrograma construido con el método de Distancia Da Nei con NJ a partir de los microsatelites estudiados: CSF1PO, TPOX, TH01, vWA, D7S820, D13S317 y D5S818 en la población añú y diversas poblaciones americanas.

tran las poblaciones del estado Zulia como Maracaibo y San José de Heras e Isla de Toas, quienes poseen un alto componente afrodescendiente.

Algunos investigadores encuentran correlación entre genes y lenguaje; contrario a los resultados que se encontraron en este trabajo, en el dendrograma NJ se muestra que la etnia yukpa y bari del estado Zulia y waoranis de Ecuador están próximos genéticamente a pesar de que sus lenguas son radicalmente diferentes. Los yukpa son de la filiación lingüística caribe, los bari de la familia lingüística chibcha y waoranis de Ecuador cuyo idioma es

el huao terero, no derivado de ninguna de estas ramas lingüísticas. Por su parte, los indígenas añú se encuentran en una rama separada, lo que demuestra que están distantes de estos grupos desde el punto de vista genético y del lingüístico ya que originalmente éstos hablaban un idioma propio, “el añú”, de la filiación lingüística arawaca, que es la más extendida e importante familia lingüística de América del sur. Actualmente, es bien sabido que ha cesado la transmisión intergeneracional del idioma, pues han adoptado en su mayoría el castellano para comunicarse.

Otro factor que podemos considerar al observar la diferenciación de la población añú con respecto a otras estudiadas, es su ubicación geográfica. La laguna de Sinamaica está ubicada al noroeste del estado Zulia, una zona de difícil acceso incluso en la actualidad, por lo que se ha dificultado el flujo genético entre poblaciones. La cultura es un elemento de gran influencia pues la población añú es una comunidad cerrada cuya estructura social es muy importante y siempre buscan mantener la identidad de su pueblo, por lo tanto, prevalece la unión consanguínea entre primos.

Por todo lo expuesto anteriormente, podemos suponer que condiciones como las barreras lingüísticas, la distancia geográfica y los patrones culturales han traído como consecuencia el aislamiento y cierre de la población añú, evitando así el intercambio genético con otros grupos étnicos.

Estos resultados, muestran la gran utilidad que tienen los marcadores moleculares para establecer las diferencias genéticas entre grupos que cohabitan dentro de una misma área geográfica a la par que proveen información que apoya la evolución demográfica y destaca la importancia de disponer de bases de datos locales para utilidad de la genética forense y la antropología molecular.

## Conclusiones

Éste es el primer reporte acerca de la estructura genética de la población indígena añú de la laguna de Sinamaica; aporta datos importantes que contribuyen al conocimiento del Acervo Genético de la región zuliana. Las frecuencias alélicas obtenidas son importantes por el establecimiento de bases de datos locales para su aplicación en estudios de predisposición a diversas enfermedades, investigaciones en el área de la Farmacogenética, entre otros aplicados a la población indígena añú. A pesar de que los indígenas añú constituyen un grupo poblacional cerrado, el alto nivel de heterocigosis demostrado en algunos marcadores, favorece los estudios de genética forense. Con base en los resultados de las distancias genéticas obtenidas se pudo demostrar que la etnia indígena añú posee identidad genética propia que permite diferenciarla del resto de las poblaciones estudiadas.

## Referencias

- Amodio, E. (2005). *Pautas de crianza entre pueblos indígenas de Venezuela, Jivi, Piaroa, Ye'kuana, Añú, Wayuu y Warao*. Caracas: UNICEF.
- Bermúdez, V., Siciliano, A., Acosta, L., Rojas, E., Aparicio, D. y Finol, F. (2009). Lipoproteína (a) y perfil lipídico en indígenas Añú residentes de la Laguna de Sinamaica, en el Municipio Páez-estado Zulia-Venezuela. *Revista Latina de Hipertensión*, 4 (3), 14-20.
- Cavalli-Sforza, L. (2007). Human Evolution and Its Relevance for Genetic Epidemiology. *Annual Review of Genomics and Human Genetics*, 8, 1-15.
- Demarchi, D. (2009). Microsatélites, distancia genética y estructuras de poblaciones nativas sudamericanas. *Revista Argentina de Antropología Biológica*, 11 (1), 73-88.
- Excoffier, L. y Lischer, H. E. L. (2010). Arlequin suite ver 3.5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources*, 10, 564-567.
- Falconer, D. S. y Mackay, T. F. C. (1996). *Introduction to Quantitative Genetics*. Harlow: Addison Wesley Longman.
- Filho Rigotti, J. (2012). Comparación de la frecuencia alélica de 13 loci STR's de la población brasileña y española para fines de identificación humana en genética forense. Tesis. Valladolid: Universidad de Valladolid.
- Flores, S., Sun, J., King, J. (2015). Allele frequencies for 15 autosomal STR loci and Haplotype data for 17 Y-STR loci in a population from Belize. *International Journal of Legal Medicine*, 129, 1217.
- Hernández-Rodríguez, A. y Trejo-Medinilla, F. (2014). Estudio genético poblacional de frecuencias alélicas para 15 marcadores STR's presentes en la población del estado de Zacatecas aplicado a la práctica forense. *Archivos de Medicina*, 10 (1):1-24. DOI: 10.3823/1209
- Instituto Nacional de Estadística (INE) (2013). *Primeros Resultados Censo Nacional 2011. Población Indígena de Venezuela*. Caracas: Ministerio del Poder Popular de Planificación de Venezuela (MPPP)
- Leal-Jiménez, N. (2008). Situación de la obesidad en la población adulta Añú de la Laguna de Sinamaica del municipio Páez, estado Zulia. Tesis. Maracaibo: Universidad del Zulia.
- Ley de Demarcación y Garantía del Hábitat y Tierras de los Pueblos Indígenas (2001). *Gaceta Oficial* N° 37,118, Caracas, 12 enero de 2001.
- Miller, S., Dykes, D. y Polesky, H. (1988). A Simple Salting-out procedure for extracting DNA from human nucleated cells. *Nucleic Acids Research*, 16 (3), 1215.
- Nei, M. y Roychoudhury, A. K. (1974). Sampling variances of heterozygosity and genetic distance. *Genetics*, 76 (2): 379-390.
- Novelli Oliveros, G. (2012). *Hablemos Añú*. Tesis. Caracas: Universidad Central de Venezuela.
- Ossa Reyes, H., Tascón Peñaranda, E., Moreno Chapparro, H., Horta Salinas, J. y Moreno Rodríguez, G. (2010). Frecuencias alélicas de 14 STR's autosómicos en una población de Antioquia, Colombia. *Nova. Publicación Científica en ciencias biomédicas*, 8 (13), 25-29.
- Ota T. (1993). *DISPAN: Genetic Distance and Phylogenetic Analysis*. University Park: Institute of Mole-



- cular Evolutionary Genetics, Pennsylvania State University.
- Pineda Bernal, L., Borjas, L., Zabala, W., Portillo, M. G., Fernández, E., Delgado W., Tovar Florangel, L. N., Chiurillo, M. A., Ramírez, J. L. y García, O. (2006). Genetic variation of 15 loci STR's in the Maracaibo population from Venezuela. *Forensic Science International*, 161, 60-63.
- Ramírez Flores, E. (2014). Análisis Genético de 22 Loci STR en la Población de la Ciudad de México. Tesis. México: Universidad Nacional Autónoma de México.
- Saitou, N. y Nei, M. (1987). The Neighbor-Joining Method-a New Method for Reconstructing Phylogenetic Trees. *Molecular Biology and Evolution*, 4 (4), 406-25.
- Sans, M. (2000). Admixture studies in Latin American: from the 20<sup>th</sup> to 21<sup>st</sup> century. *Human Biology*, 72 (1), 155-177.
- Zabala, W., Borjas-Fajardo, L., Fernández, E., Castillo, C., Socca, L. y Portillo, M. (2005). Use of short tandem repeats loci to study the genetic structure of several populations from Zulia State, Venezuela. *American Journal of Human Biology*, 17 (4), 451-459.