
PATRONES DE IDENTIDAD GENÉTICA EN POBLACIONES CONTEMPORÁNEAS Y PRECOLOMBINAS

GENETIC IDENTITY PATTERNS IN CURRENT AND PRE-COLUMBIAN POPULATIONS

RESUMEN DE LA INVESTIGACIÓN

Alberto Gómez Gutiérrez¹, Ignacio Briceño Balcázar²,
Jaime Eduardo Bernal Villegas²

En las últimas décadas, los marcadores genéticos han sido utilizados con éxito en la caracterización de la estructura poblacional de grupos humanos que han habitado cada región de nuestro planeta. En el caso de Colombia, los marcadores asociados al ADN mitocondrial y al cromosoma-Y han sido los más utilizados para definir, respectivamente, linajes maternos y paternos no recombinantes. Hallazgos como el que reportamos en el año 2007, demostrando la filiación biológica entre los indígenas de la Sierra Nevada (Kogi, Arsario, Ijka) y las tribus centroamericanas como los Maya, abrieron la puerta a sucesivas investigaciones moleculares con el propósito de aportar nuevos elementos en el estudio del poblamiento americano. Estos estudios se han dividido operativamente en dos áreas asociadas al tipo de material biológico disponible:

1. Estudios interdisciplinarios e interinstitucionales de restos óseos antiguos de comunidades

precolombinas, los cuales habían sido previamente estudiados solo desde la perspectiva de la arqueología y la antropología clásicas.

2. Investigaciones en poblaciones contemporáneas, tanto en comunidades indígenas como en comunidades que se ha dado en denominar “mestizas”, en función de su componente fenotípico hispano-americano, o “negras” en función de su componente fenotípico afro-americano.

En el primer caso, que constituye tal vez la línea de mayor trascendencia en nuestro trabajo en razón a sus exigencias metodológicas, así como a sus implicaciones conceptuales, hemos logrado extraer, amplificar y tipificar el ADN de individuos precolombinos de 500 a 2.000 años de antigüedad a partir de las muestras disponibles en laboratorios de antropología de diferentes universidades. Esta línea de investigación ha tenido un impulso considerable

¹ PhD. Del Instituto de Genética Humana de la Universidad Javeriana, Bogotá.

² MD PhD. Del Instituto de Genética Humana de la Universidad Javeriana, Bogotá.

gracias a avances técnicos específicos pero, sobre todo, gracias a reportes de grupos principalmente europeos, que han venido publicando secuencias de ADN arcaico, y análisis asociados, a partir de restos óseos de individuos tan antiguos como, por ejemplo, los Neandertales.

Los hallazgos de cada región del planeta en esta línea de investigación permitirán contrastar las predicciones de poblamiento y filiación que han sido avanzadas hasta ahora con base en complejas proyecciones al pasado elaboradas usualmente de manera exclusiva a partir de análisis de ADN de poblaciones actuales, o bien con base en las herramientas clásicas de la arqueología y de la antropología, sin el recurso de la genética.

En el presente trabajo se incluyen 4 artículos terminados, asociados a esta área de investigación de ADN antiguo: i- *Análisis de ADN mitocondrial en una muestra de restos óseos arcaicos del periodo Herrera en la sabana de Bogotá*; ii- *Application of authenticity criteria in mitochondrial studies on archaic bone remains from a prehispanic Muisca population*; iii- *Análisis de ADNmt en una muestra de fragmentos óseos prehispánicos Muiscas hallados en el sector de "Candelaria la Nueva" en Bogotá-Colombia*; iv- *High genetic diversity in a sample of pre-Columbian bone remains from Guane territories in northwestern Colombia*.

Estos primeros pasos en la creación de un equipo multidisciplinario de referencia en el estudio bioantropológico de las poblaciones precolombinas han consolidado un proceso original en nuestro país, que podríamos denominar de "excavación molecular", el cual permitirá sustentar o confrontar predicciones y proyecciones previas de las ciencias sociales.

En el primer artículo, reportamos el hallazgo de un raro haplotipo (aparentemente extinto hoy)

en uno de los individuos que habitaron hace 2.000 años la región suroccidental de la sabana de Bogotá, solamente compatible con un haplotipo reportado en los restos óseos de un individuo amazónico de 4.000 años de antigüedad, conservado en un museo del Brasil. Este hallazgo permite postular un esquema de poblamiento temprano sur-norte en nuestro territorio, a través del Amazonas.

Los tres artículos restantes de esta sección, incluyen reportes sobre la caracterización de restos óseos precolombinos en torno a los 500 años de antigüedad. Entre éstos, el que trata sobre los restos de los Guanes es de particular interés por cuanto este grupo ha sido considerado *sui-generis* desde la época de los cronistas de Indias. Gracias a nuestros estudios se pueden arrojar las siguientes luces sobre su filiación:

En primer lugar, hallamos entre los Guanes haplotipos mitocondriales que solo se encuentran hoy en el Asia, lo cual permite corroborar a la vez la hipótesis del poblamiento americano transberingio y el eventual cuello de botella que hizo que éste desapareciera de los pobladores analizados hasta hoy en toda América.

En segundo lugar, en razón a la alta diversidad encontrada en estos restos óseos (9 haplotipos diferentes en 17 individuos), podemos sustentar la existencia de una población Guane numerosa, no nuclear, antes de los tiempos de la conquista española, y también fundamentar la diversidad fenotípica que probablemente explique su atractivo para los cronistas. Esta heterogeneidad genética en medio de un aislamiento geográfico tan evidente como el de los cañones circundantes al del Chicamocha, permite confirmar el flujo de genes provenientes de comunidades vecinas como los Muiscas, con quienes los Guanes mantenían un activo flujo comercial.

El concepto tradicional de comunidades genéticamente aisladas en el periodo precolombino debe reformularse en torno a estos hallazgos.

Como se puede ver, el trabajo molecular desborda ya los laboratorios de los genetistas, para entrar a apoyar investigaciones que se consideraban del dominio exclusivo de las ciencias sociales. A su vez, los conceptos de la antropología, la arqueología y la historia, están condicionando cada vez más el quehacer de la genética.

En cuanto a la segunda área de trabajo, complementaria de la primera por cuanto se constituye en la proyección histórica del poblamiento colombiano, se incluyen 6 artículos y 2 anexos han sido desarrollados con base en la extracción del ADN de individuos pertenecientes a poblaciones actuales.

Con el propósito de dar continuidad a la investigación de los patrones de identidad genética en nuestro país, además de haber determinado un bajo polimorfismo en la población colombiana con base en marcadores autosómicos como los Antígenos Leucocitarios Humanos (HLA), hemos logrado tipificar, con la participación de la Fiscalía General de la Nación y del Instituto de Medicina Legal y Ciencias Forenses, los marcadores de más de un millar de individuos que representan 16 departamentos en las regiones de la Costa Caribe y la isla de San Andrés, de los Andes Centrales, de los Andes Orientales y del Suroccidente colombiano.

En estas 5 regiones, que cubren gran parte de nuestro país, hemos podido procesar cerca de 17.400 tipificaciones moleculares correspondientes a 17 marcadores polimórficos del cromosoma-Y, en un arduo trabajo de que nos permitió fundamentar una baja diferenciación interpoblacional en los linajes paternos de ancestro esencialmente europeo. Todas estas tipificaciones han sido ya incorporadas a la red mundial de haplotipos como referencia

de nuestro país. Con base en estos mismos estudios centrados en marcadores moleculares del cromosoma-Y, hemos podido evaluar los apellidos como marcador de identidad, encontrando una inconsistencia cercana al 40% en las poblaciones estudiadas entre los marcadores polimórficos del cromosoma-Y y los apellidos. Estos resultados deben alertar a los investigadores que utilizan a priori estos últimos como referencia poblacional.

Finalmente se presenta un artículo inédito que corresponde a la evaluación del polimorfismo molecular a la vez mitocondrial y del cromosoma-Y, en cuatro grupos indígenas del norte de Colombia: Kogi, Arsario, Ijka (o Arhuaco) y Wayuu. En este análisis se podrá ver claramente que se presenta un gradiente de mestizaje en estas comunidades partiendo desde los Kogi hasta llegar a los Wayuu, y también que, a pesar de la cercanía geográfica de los tres primeros con los Wayuu, y de haber todos ellos incorporado genotipos europeos, se han mantenido como grupos relativamente aislados entre sí, probablemente en función de restricciones de tipo cultural.

Gracias a los estudios presentados en este documento podemos hoy soportar, más allá de la evidente filiación amerindia de nuestra población, la hipótesis de un mestizaje global intra e inter-grupal, que aplica a todos los grupos humanos de Colombia, tanto como a todos los grupos humanos del resto del mundo.

En efecto, a pesar de haberse concluido un origen común centroafricano para el género humano, y después de derivar, desde el punto de vista geográfico, en sucesivas migraciones y, desde el punto de vista genético, en sucesivas mutaciones, se ha producido, en función de un encuentro y eventual entrecruzamiento entre poblaciones más o menos aisladas entre sí en el curso de la historia, una sola raza global.

Con base en este postulado, y siguiendo la perspectiva molecular, se debe desdibujar cada vez más la muy simplista división cromática que sirvió de sustento al desafortunado concepto de “tres razas” excluyentes –blancos, negros y amarillos–, tanto como al de las etnias nacionales y al de sus muy confusas subdivisiones coloniales, para promover el concepto de una raza unitaria que nos permitirá vivir en mayor armonía.

ARTÍCULOS (2008 - 2011) SOMETIDOS A LA FUNDACIÓN ALEJANDRO ÁNGEL ESCOBAR

ADN poblaciones precolombinas:

1. Alejandro Silva, Ignacio Briceño, Javier Burgos, Diana Torres, Victoria Villegas, Alberto Gómez, Jaime Eduardo Bernal, José Vicente Rodríguez. *Análisis de ADN mitocondrial en una muestra de restos óseos arcaicos del periodo Herrera en la sabana de Bogotá*. **Biomédica** 28: 569-577, 2008.
2. Nancy Patricia Jara, Mónica Díaz, Victoria Villegas, Clara López de Mesa, Diana Torres, Jaime Bernal, Alberto Gómez, Ignacio Briceño. *Application of authenticity criteria in mitochondrial studies on archaic bone remains from a prehispanic Muisca population*. **Colombia Médica** 41(4): 306-314, 2010.
3. Maria Cristina Sánchez, Ignacio Briceño, Alberto Gómez. *Análisis de ANDmt en una muestra de fragmentos óseos prehispánicos Muisca hallados en el sector de “Candelaria La Nueva” en Bogotá-Colombia* (Inédito, 2011).
4. Andrea Casas-Vargas, Alberto Gómez, Ignacio Briceño, Marcela Díaz-Matallana, Jaime E. Bernal, José Vicente Rodríguez. *High genetic diversity in a sample of pre-Columbian bone remains from Guane territories in northwestern Colombia* **American Journal of Physical Anthropology** -en imprenta-, 2011.

ADN poblaciones contemporáneas:

5. Alberto Gómez, Sandra Julieta Ávila, Ignacio Briceño. *De genotipos e isonimias: análisis de correlación entre el apellido y el patrimonio genético heredado en el cromosoma-Y en la población de tres departamentos del suroccidente colombiano*. **Biomédica** 28: 357-370, 2008.
6. Rosa Elena Romero, Ignacio Briceño, Rocío del Pilar Lizarazo, Sascha Willuweit, Lutz Roewer, Alberto Gómez. *A Colombian Caribbean population study of 16 Y-chromosome STR loci*. **Forensic Science International: Genetics** 2: e5-e8, 2008.
7. Sandra Julieta Ávila, Ignacio Briceño, Alberto Gómez. *Genetic population analysis of 17 Y-chromosomal STRs in three states (Valle del Cauca, Cauca and Nariño) from Southwestern Colombia*. **Journal of Forensic and Legal Medicine** 16: 204-211, 2009
8. Luz Mabel Ávila-Portillo, Alejandra Carmona, Leidy Franco, Ignacio Briceño, María Consuelo Casas, Alberto Gómez. *Bajo polimorfismo en el sistema de antígenos de leucocitos humanos en población mestiza colombiana*. **Universitas Médica** 51(4): 359-370, 2010.
9. Korina María Rojas, Martha Roa, Ignacio Briceño, Carolina Guaneme, Alberto Gómez. *Polimorfismos de 17 marcadores STR del cromosoma-Y en una muestra poblacional del altiplano cundiboyacense*. **Colombia Médica** 42(1): 88-97, 2011.
10. Alberto Gómez, Ignacio Briceño, Angela Umaña, Jaime E. Bernal, Fabio D. Guarino, Roland van Oorshot, Lisa Federle, Robert-John Mitchel. *Y-chromosome and mtDNA variation in Colombia: evidence for symmetric and asymmetric genetic histories in contemporary Amerindian populations* (Inédito, 2011).