

**INSTITUTO NACIONAL DE  
BIOLOGÍA ANDINA  
FACULTAD DE MEDICINA UNMSM**



# ARCHIVOS DE BIOLOGÍA ANDINA

**Vol. 14, N° Extraordinario  
Diciembre 2008  
ISSN 0250 - 5037**

**75 ANIVERSARIO**

# *"Poblamiento del continente americano y del Perú sugerido de un análisis filogeográfico de haplogrupos del mtDNA en etnias nativas. I: Inferencias primarias"*

Jesús H. Córdova<sup>(1)</sup>, José Sandoval<sup>(2)</sup>, Margarita Velásquez<sup>(1)</sup>, Caleen Távora<sup>(1)</sup>, Desiderio Cotos<sup>(1)</sup>, Jaime Vásquez<sup>(1)</sup>, Claudia Barletta<sup>(1)</sup>, Ricardo Fujita<sup>(1)</sup>, Jaime Descailleaux<sup>(1)</sup>

(1) Laboratorio de Genética Humana, Facultad de Ciencias Biológicas. UNMSM.

(2) Instituto de Genética y Biología Molecular, Facultad de Medicina. USMP.

Financiado por: UNMSM - CSI: Proyecto N° 051001051 y 081001021

## RESUMEN

**OBJETIVOS:** Precisar el origen de las poblaciones peruanas en un contexto filogeográfico, global y temporal.

**MÉTODOS:** Análisis comparativo de los resultados obtenidos a partir del procesamiento del mtDNA, de cinco poblaciones peruanas nativas sitas en Pucallpa, Taquile, Anapia, Amantani y Los Uros, con los resultados obtenidos por diferentes autores en la misma molécula (reciente y antigua) de 91 etnias localidades, que incluyen varias del continente americano y algunas de nuestro país, y 13 del SE del continente asiático. Realizamos un análisis filogeográfico a partir de las frecuencias de los haplogrupos hallados por RFLPs y una secINDEL del mtDNA. Los datos fueron procesados por el programa PHYLIP 3.65 opción Distancias de Reynolds, para determinar los valores  $F_{ST}$  de Diferenciación Genética o Coalescencia. El algoritmo UPGMA usó los valores de  $F_{ST}$  entre pares de etnias localidades, para construir un árbol de distancias que permita el análisis de sus principales agrupamientos (clusters). **RESULTADOS:** El árbol obtenido exhibe 7 clusters. El cluster 1 comprende a la etnia Han ubicada al SE de Asia, en tanto que las americanas se ubican entre los clusters 2 al 7. Las etnias menos diversas fueron dos: la Quechua (Taquile, Puno-Perú) 100 % haplotipo B- y la de los Kuna (Panamá) 100 % haplotipo A-. **CONCLUSIONES:** Los mayores valores encontrados de diferenciación genética, corresponden a los Yanomami, con un  $F_{ST}$  de 0.23741, mientras que en el Perú fueron los Quechua de Taquile con un valor  $F_{ST}$  de 0.16673. En ambos casos los resultados indican, según la tabla de calificación de valores  $F_{ST}$ , una Divergencia Genética Alta.

**Palabras clave:** mtDNA, Poblaciones peruanas, Poblaciones amerindias, Filogenia humana, Filogeografía humana.

## SUMMARY

**OBJECTIVES:** To determine the origins of Peruvian populations in a more global and temporal phylogeographic context. **METHODS:** mtDNA results obtained in our laboratories from the analysis of the mtDNA from 5 native Peruvian populations that inhabit Pucallpa, Taquile, Anapia, Amantani and Los Uros, were compared with the results obtained different authors on the same molecule from 91 ethnoses-localities that include some of our country, others from the American continent, as well as 13 of the SE of the Asian continent. Phylogeographic analysis was done from the haplogroups frequencies found from the RFLPs and an INDEL sequence of mtDNA, and the data were processed by the program PHYLIP 3.65, option Distances of Reynolds to find  $F_{ST}$  values of Genetic Differentiation or Coalescency. The UPGMA algorithm allowed us to express the values  $F_{ST}$  between pairs of ethnoses-localities and to carry out the analysis of the main clusters, by means of a tree. **RESULTS:** The tree exhibit 7 main clusters. Cluster 1 comprised only the ethnos located to SE of Asia. The American ethnoses are located along the clusters 2 to 7. The less diverse ones were two: the Quechua from Taquile, (Puno-Peru) - 100% B haplotype, and the Kuna from Panama, 100% A haplotype. **CONCLUSIONS:** Genetic differentiation larger values were in the Yanomami (0.23741) group. For Peru, they were in the Aymara ethnoses from Taquile with  $F_{ST}$  values of 0.16673. Both correspond to a High Genetic Divergence respect to the near closest ones.

**Key words:** Peruvian populations, mtDNA, Amerindians mtDNA, Human Phylogeny, Human Phylogeography



"The increasingly obvious medical relevance of human genetic variation is fueling the development of a rich interface between medical genetics and the study of human genetic history.

D. V. Goldstein & L. Chikhi, 2002.

## INTRODUCCION

Los avances registrados en la metodología analítica del material hereditario del hombre, ha renovado el interés de los genetistas humanos en la averiguación acerca de los patrones de poblamiento de los cinco continentes por la especie humana. Y es que el tema no es meramente teórico, sino que aparece asociado con el tipo de respuesta de las poblaciones humanas a las políticas socio-culturales adoptadas por las culturas humanas, siendo interesante apreciar en las últimas décadas una asociación con las políticas de salud, especialmente aquellas emanadas de estrategias médico epidemiológicas, tanto terapéuticas como profilácticas<sup>(1,2)</sup>.

Entre las disciplinas científicas que mayor contribución brindan a tal propósito, se encuentra a la denominada actualmente como la Genética Molecular Antropológica, que se fundamenta principalmente, en el análisis comparativo de las secuencias del nDNA y del mtDNA (nuclear y mitocondrial, respectivamente) de un número creciente de poblaciones humanas, habiéndose incorporado recientemente a dichos análisis, las secuencias del DNA proveniente de restos óseos humanos con algunos siglos o milenios de antigüedad, (ancient DNA, ó anDNA) razón por la cual, ha sido denominada por algunos autores como Arqueogenética<sup>(3,4)</sup>. Una amplia información sobre la importancia y ventajas que presenta el mtDNA para el tipo de estudio realizado y su procesamiento bioquímico, se puede encontrar en varios autores<sup>(3,5-10)</sup>.

En el presente trabajo, reportamos los resultados obtenidos en poblaciones peruanas

nativas, mediante la determinación de secuencias marcadoras reconocidas en la molécula del mtDNA, según protocolos acreditados<sup>(7,9)</sup>, y la comparación con una gama amplia de resultados obtenidos por diferentes autores para la misma molécula, pero en otras poblaciones, tanto de nuestro país, como del continente americano y del SE asiático (China y Taiwan), con ello pretendemos obtener una visión integral del comportamiento del mtDNA en el tiempo y en el espacio (filogeográfica), y efectuar inferencias poblacionales primarias dentro de este contexto.

## MÉTODOS

El material biológico analizado, estuvo conformado por 164 individuos sanos, de ambos sexos y genealógicamente nativos de cinco poblaciones peruanas, 20 eran de la selva (Pucallpa, Departamento de Ucayali, grupo etno-lingüístico Shipibo). Las cuatro restantes fueron andinas, y se hallaron en sendas islas del Lago Titicaca, 57 del grupo Quechua en Taquile, 35 del grupo Amantani, en tanto que 24 eran del grupo Aymara en Anapia, y 28 de la isla artificial flotante de Los Uros. De todos y cada uno de los integrantes de la muestra poblacional, se obtuvo 5 ml de sangre periférica para la determinación del haplotipo mtDNA, y en todos los casos, se brindó una detallada información previa acerca de la utilización de los resultados de la muestra, obteniéndose finalmente, la firma del consentimiento informado.

Para propósitos comparativos e inferenciales, se incluyeron los resultados publicados de 91 etnias-localidades (regiones geográficas) que comprendieron al continente americano desde su extremo Sur (Tierra del Fuego) hasta el del Norte (Alaska), así como el de sus áreas orientales, occidentales y centrales. Finalmente, se incluyeron 13 poblaciones de la etnia Han al Sureste de Asia, (China y Taiwán) que en conjunto totalizan 109 muestras y cuyas especificaciones se presentan en la Tabla I.

## I.- Supuestos básicos:<sup>(3,11)</sup>

Entre los supuestos básicos sobre las muestras, que consideramos para el tipo de estudio realizado, y los tratamientos estadísticos para las inferencias, debemos citar los siguientes:

- 1.- Las muestras fueron tomadas de poblaciones y/o localidades que se supone estarían lo más cercano al concepto de nativos, por atributos geográficos, histórico-culturales y etno-lingüísticos.
- 2.- Las muestras fueron tomadas aleatoriamente en cada población.
- 3.- El tamaño de cada muestra fue representativo de la población.
- 4.- Los tamaños efectivos ( $N_e$ ) entre poblaciones muestreadas pueden no ser idénticos.
- 5.- Los marcadores genéticos utilizados en el estudio son considerados selectivamente neutrales o con valores muy próximos a tal calificación.
- 6.- La ocurrencia de mutaciones fue ignorada a partir de la toma de las muestras.
- 7.- Tampoco se acepta la ocurrencia de flujo génico entre las poblaciones durante el presente estudio.
- 8.- No es necesario admitir que población ancestral alguna estuvo en equilibrio de Hardy-Weinberg (H-W) o bajo efecto de la deriva génica.
- 9.- Las poblaciones durante el estudio estuvieron en equilibrio H-W.
- 10.- Las poblaciones nuevas se originan de preexistentes por un proceso aleatorio (donde no ha existido selección).

## II.- Protocolo bioquímico:<sup>(5,7)</sup>

Se efectuó mediante la detección de morfos alternativos (haplotipos) del mtDNA de cada individuo, en base a las técnicas de producción de fragmentos de restricción de longitud polimórfica (RFLPs), y de una secuencia que

presenta dos estados: inserción y delección (secINDEL).

## III.- Procedimiento estadístico sistemático:<sup>(1,3,11)</sup>

El proceso considera la realización de los tres pasos siguientes:

- 1.- Obtención de las frecuencias de los haplotipos mtDNA, para la formación de haplogrupos seleccionados para el presente estudio (Tabla 1).
- 2.- El segundo paso implicó el procesamiento de la información aplicando el paquete de programas PHYLIP 3.65<sup>(12)</sup>, específicamente utilizando el denominado GENDIST en la opción Distancia de Reynolds<sup>(13)</sup> a fin de obtener valores de  $F_{ST}$ , conocidos también como de Divergencia evolutiva, Diferenciación Genética, Coeficiente de Coancestría, o de Coalescencia<sup>(11)</sup> entre las etnias-localidades consideradas (Tabla 2).

Los valores hallados se compararon con la Tabla de Calificación de valores  $F_{ST}$ <sup>(14)</sup>, la misma que incluimos a continuación:

$F_{ST}$	Diferencia Genética
0.00 - 0.05	Pequeña
0.05 - 0.15	Moderada
0.15 - 0.25	Alta
>0.25	Muy Alta

El rango de los valores  $F_{ST}$  está entre 0 y 1, donde 0 indica que no existe divergencia genética y 1 que existe fijación para alelos alternos en diferentes subpoblaciones.

3.- El tercer paso consistió en aplicar el algoritmo UPGMA ("Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean")<sup>(15)</sup>, del mismo paquete PHYLIP, para expresar gráficamente los valores  $F_{ST}$  entre pares de etnias-localidades,

mediante la construcción de un Arbol de Diferenciación Genética y hacer el Análisis de los Agrupamientos o "Clusters" formados (Fig. 1), y cuyo resultado es un valioso indicador acerca de la magnitud y dirección de la divergencia evolutiva entre las etnias-localidades estudiadas.

## RESULTADOS

En la Tabla 1, se muestran los resultados sobre las frecuencias de los haplogrupos mitocondriales, procedentes de las 109 etnias-localidades consideradas para el presente trabajo. Por cada haplotipo del mtDNA, se formó un grupo (el haplogrupo), siendo detectados cuatro principales. Se les conoce como los haplotipos A, B, C y D que por otra parte, se sabe son los que ocurren con frecuencia notablemente mayor en las poblaciones humanas sudamericanas<sup>(5)</sup>. Con la finalidad de contabilizar a aquéllos individuos cuyos haplotipos no fueron asignables a ninguno de los cuatro anteriores, se conformó un quinto grupo que fue designado como (Otros).

La Tabla 1 también señala que, las etnias-localidades menos diversas para el mtDNA fueron dos: una de las evaluadas por nuestro grupo, la "Quechua" de Sandoval<sup>(7)</sup>, de Taquile (Puno, Perú), donde el haplotipo B debe considerarse fijado, pues estuvo presente en los 57 individuos de la muestra (1.00 ó el 100%), siendo la segunda la de los Kuna 1 de Panamá, con la misma frecuencia, pero solamente con 16 individuos<sup>(16,17)</sup>, y en la cual el haplotipo aparentemente fijado es el A, al menos para esa muestra.

La Tabla 2<sup>(\*)</sup>, es la Matriz de Distancias de Reynolds<sup>(13)</sup> o  $F_{ST}$  hallada entre las etnias-localidades aquí estudiadas, en tanto que la Tabla 3, exhibe la distribución de los valores de tales distancias pero, considerándolas dentro del dendrograma de la Figura 1, que contempla la ubicación de los nodos o vínculos (ancestros o

puntos de coalescencia) entre las etnias-localidades.

A partir de la referida Tabla 3, puede observarse que los mayores valores de diferenciación genética se hallan entre los integrantes del "cluster" 7 del dendrograma (Fig. 1), en el cual se encuentra la etnia de los Yanomami con 0.23741 (valor del nodo 108 al 89 = 0.19023 más el del nodo 108 al 107 = 0.04718). Luego se encuentra que los integrantes del "cluster" 5 tienen un valor de 0.18919 (valor del nodo 105 al 81 = 0.11999 más el del nodo 105 al 99 = 0.06920). Finalmente llegamos a la etnia-localidad más divergente como "terminal de árbol" en el "cluster" 4: Taquile de la etnia Quechua (Puno, Perú) que tiene un valor de 0.16673 (valor del nodo 104 a Taquile = 0.12302 más el del nodo 104 al 100 = 0.04371). Los tres valores hallados se compararon en la Tabla de Calificación de valores  $F_{ST}$ <sup>(14)</sup> que los califica como de Divergencia Génica Alta.

Sobre la Figura 1 o el Árbol obtenido por UPGMA, podemos afirmar que comprende a 109 etnias-localidades, y que el gran número lo convierte necesariamente en un árbol muy vasto y denso. Un análisis grosso modo permite distinguir siete "clusters" principales, uno de los cuales (el 1) agrupa a las poblaciones de la etnia Han de Asia; del "cluster" 2 al 7 se hallan las muestras correspondientes a los "amerindios", que incluyen a las del Perú procesadas por nosotros. Estas se hallan una en el "cluster" 2, correspondiente a Amazonia 1 (etnia Shipibo de la localidad de Pucallpa, Perú) y las restantes dentro del cluster 4.

## DISCUSIÓN

La enorme extensión del árbol obtenido (Fig. 1) y la información implícita que contiene, posibilitan un sinnúmero de inferencias, que transforman necesariamente a la presente discusión en muy preliminar o primaria, y donde solo nos permitiremos

\* La Tabla 2: Matriz (109 x 109) de Distancias de Reynolds et al. 1983 ( $F_{ST}$ ), se encuentra a disposición en la dirección de correspondencia.

destacar los aspectos que más han llamado la atención. Esto nos compromete a una siguiente oportunidad para tratar el tema.

Es bien conocido el aporte del polimorfismo del mtDNA, para el establecimiento de relaciones de parentesco y adicionalmente como un buen indicador evolutivo, aspectos derivados principalmente del tipo de transmisión exclusivamente materna, ya que sus polimorfismos son considerados alternativas genéticas selectivamente neutras<sup>(11,6)</sup>. Los hallazgos de nuestro trabajo indudablemente que invitan a realizar en primer lugar, un análisis sumarisimo de los resultados obtenidos, y por supuesto, otros adicionales que permitan avanzar hacia una hipótesis que posibilite entender entre otros, la muy alta divergencia que exhibirían p. ej. los Yanomami, y para nosotros, cómo habría ocurrido la evidente fijación del haplotipo B en Taquile (Puno, Perú), con el añadido de su existencia en muy alta frecuencia en una gradiente de Sur a Norte: Anapia → Amantani → Taquile, y las tres son islas geográficas naturales del Lago Titicaca.

El "cluster" 1, comprende a todos los terminales (localidades) derivados del nodo-ancestro 90 y agrupa a las muestras de la etnia Han de Asia. El "cluster" 2, congrega a los derivados del nodo-ancestro 101. El 3 a los del 97, el 4 a los del 104, el 5 a los del 81, el 6 a los del 99, en tanto que el "cluster" 7, agrupa a los derivados del nodo-ancestro 89. El reconocimiento de tales agrupamientos considerados principales, puede parecer arbitrario pero no es así. Cuatro de ellos sobresalen nítidamente por su evidente distancia genética y/o por signos de coherencia geográfica y por la distribución de las muestras de restos antiguos (el 1, 4, 5 y 7). El "cluster" 2 - muy complejo - y el 3 se podrían fusionar en el nodo-ancestro 106 (que tiene un valor de divergencia de 0.10083), en tanto que el "cluster" 6 aparece aún más complejo, y bien podría subdividirse en dos o tres más. Aquí pareciera que la información extraída del

mtDNA no tuviera suficiente resolución genealógica, pero bien podría ser un área geográfica donde hubieron procesos demográficos muy dinámicos. Por lo difícil que resulta decidir en este estado de progreso del trabajo, es preferible derivar su discusión más profunda a una siguiente etapa.

### ¿Qué sugieren nuestros resultados sobre los orígenes del poblamiento de América por la especie humana?

Reunir todas las muestras (actuales y del pasado) en un único árbol, ha resultado interesante por la distribución que adoptan las de procedencia muy antigua, pero podría no ser realista y quizá no comparables en rigor. En primer lugar, la antigüedad no es la misma para todas. No obstante, las hemos extraído en la Figura 2 y las hemos colocado en un mapa forzándolas en el tiempo, asumiendo para los anDNA una relativa sincronía. Esto nos permite observar que a la mayor parte de tales muestras (6 de 8) no se las puede calificar como genéticamente "diversas", pues virtualmente portan sólo dos de los cuatro haplotipos característicos de los amerindios actuales. La más diversa de ellas es la de los Oneota, que dataría de apenas 700 años antes del presente. Otras como la de los Taínos estarían entre los 670 dC al 1680 dC<sup>(18)</sup> pareciendo razonable sugerir la existencia de al menos tres eventos migratorios significativos para explicar las frecuencias halladas en los nativos actuales: uno que habría traído incluso hasta el extremo sur de Sudamérica a los haplotipos C y D. Posteriormente otro que habría traído al B, y quizá más tardíamente aún, habría existido otra que trajo al A. Aquí se debería pensar que los grupos humanos podrían haber emprendido la aventura migratoria, como clanes familiares de no más de una docena de individuos, algunos en edad no reproductiva (niños pre-púberes por ejemplo).

De otro lado, las partes más complejas



del árbol hallado ( clusters 2 y 6), revelan que la práctica de reunir localidades para formar grupos de análisis de mayor área<sup>(19)</sup> nos puede privar de conocer detalles - a lo mejor muy importantes - de la dinámica demográfica de una determinada región.

### Sobre el poblamiento del Perú

El poblamiento del Perú no se sustraería a lo acontecido en el Norte, Centro y por supuesto, en Sudamérica. Nos parece si, que nuestros resultados revelan ciertas particularidades para el Perú que apuntarían en principio a coincidir con una hipótesis previa<sup>(19)</sup>, pues podría haber existido algún evento demográfico de Sur a Norte de Sudamérica que explique la gradiente in crescendo de las frecuencias encontradas por nosotros, y donde la Isla Taquile, parece exhibir una fijación total del haplotipo B (constituye el 100% de la muestra), y alcanza el 88.6% y 87.5% hacia el Sur en las islas Amantani y Anapia respectivamente, sigue decreciendo hacia el Sur de Sudamérica (Araucanos 1 y 2 que estuvieron entre el 69% y 71%). Existe también la hipótesis de un origen amazónico del haplotipo B<sup>(7)</sup>, pues éste ha sido encontrado en los nativos Xavante (Matto Grosso, Brasil) en un 85%, pero es igualmente posible la hipótesis alterna de que los Xavante sean la fase final de una dispersión hacia el Este de tal haplotipo. Se ha afirmado además, que los nativos de Taquile y Amantani son quechuas y los de Los Uros y Anapia son aymaras, a la vez que los pobladores actuales de Taquile, Amantani y Anapia provienen de un grupo fundador reducido<sup>(7)</sup>, que implica compartir un ancestro común. Atribuir fijaciones de este tipo al azar sensu lato suele ser la primera hipótesis que se esgrime para su explicación<sup>(19)</sup> pero, al incluir mayor información y reanalizar los resultados, ya no parece suficiente y el desfase entre la lingüística y la genética, es evidente en este caso.

### ¿Cuál entonces habría sido la causa de la fijación del haplotipo B en los nativos de Taquile?

No parece simple y es arriesgado intentar dar alguna. Si bien la fijación de un haplotipo del mtDNA al azar es probable, en principio por ser selectivamente neutros (no hay evidencia de lo contrario), tres son las hipótesis probables para que tal fijación ocurra:

- 1.- Que se deba realmente a la del grupo fundador reducido<sup>(7)</sup>, que habría que entender como tamaño efectivo (o  $N_e$ ) de población pequeño.
- 2.- Que este  $N_e$  sea de tamaño regular o grande, pero entonces la fijación sería dependiente solo de la frecuencia del haplotipo B.
- 3.- Que la fijación se deba a una mixtura o sinergia de las dos anteriores. Entre las combinaciones posibles de ésta última hipótesis, parece que la que reúne fundadores con un  $N_e$  pequeño con una frecuencia muy alta del haplotipo B es la más probable. Estudios posteriores nos acercarán a la mejor explicación.

La muestra de los Uros aquí estudiada presenta signos evidentes de miscigenación, aunque tienen marcadores no encontrados en las otras poblaciones vecinas estudiadas aquí que podría indicar mayor antigüedad,<sup>(9)</sup> considerándose necesario efectuar más evaluaciones semejantes en el mayor número posible de poblaciones altiplánicas y otras del Perú, con éstos y otros marcadores genéticos tales como los nucleares y los existentes para la Región No Recombinante del cromosoma Y. Recién entonces, se podrá tener una visión más clara y una base razonablemente sólida para postular cómo habría sido la secuencia histórica de la ocupación, asentamiento, migración y porqué no, de posibles extinciones locales de la especie humana en el territorio nacional. Por otro lado, cabe enfatizar que no existen

evidencias experimentales a la fecha que sustenten una correspondencia evolutiva absoluta entre una especie y una de las moléculas que la conforman.

Creemos pertinente señalar, que la existencia de los Uros actuales como descendientes de los Uru originales y sin mestizaje, ha sido enfáticamente negada por algunos autores del área etno-lingüista<sup>(20,21)</sup>. Sin embargo hay que ser cuidadosos porque ello se refiere más que todo a la desaparición de la lengua Uru original (uruquilla); que no necesariamente niega la desaparición de marcadores genéticamente ancestrales Uros. Por ello, el tema de la significativa divergencia genética apreciada en los nativos de Taquile, Amantaní y Anapia, así como el de la miscigenación de los Uros, ameritan una continuación analítica, acompañados quizá de otras disciplinas tales como la etnología y la lingüística, pero principalmente por el análisis sistemático del aDNA, a fin de poder procesar la información genética dentro de un contexto histórico. Es de advertir que el lugar físico de residencia de los Uros, al menos geográficamente, no es ubicable en la mayor parte de los mapas.

## REFERENCIAS

1. Goldstein DB, Chikhi L. Human migrations and population structure: what we know and why it matters. *Annu Rev Genomics Hum Genet.* 2002;3:129-52.
2. Corbo RM, Scacchi R. Apolipoprotein E (APOE) allele distribution in the world. Is APOE\*4 a "thrifty" allele?. *Ann Hum Genet.* 1999;63(Pt 4):301-10.
3. Jones PN. American Indian mtDNA and Y Chromosome genetic data: a comprehensive report of their use in migration and other anthropological studies. The Bauu Institute Press; 2004. Disponible en: <http://www.iiirm.org/publications/Articles%20Report%20Papers/Genetics%20and%20Biotechnology/Jones%20DNA.pdf>
4. Renfrew C, Boyle K, editors. *Archaeogenetics: DNA and the population prehistory of Europe.* Cambridge, UK: McDonald Institute for Archaeological Research; 2000.
5. Merriwether DA, Rothhammer F, Ferrell RE. Distribution of the four founding lineage haplotypes in Native Americans suggests a single wave of migration for the New World. *Am J Phys Anthropol.* 1995;98(4):411-30.
6. Cann RL, Stoneking M, Wilson AC. Mitochondrial DNA and human evolution. *Nature.* 1987;325(6099):31-6.
7. Sandoval J, Delgado B, Rivas L, Bonilla B, Nugent D, Fujita R. Variantes del DNAmT en isleños del lago Titicaca: máxima frecuencia del haplotipo BI y evidencia de efecto fundador. *Rev Per Biol.* 2004;11(2):161-8.
8. Yao, YG, Kong, QP, Bandelt, HJ, Kivisild, T, Zhang, YP. Phylogeographic differentiation of mitochondrial DNA in Han Chinese. *Am J Hum Genet.* 2002;70(3):635-51.
9. Stone, AC, Stoneking, M. mtDNA Analysis of a prehistoric Oneota Population: Implications for the Peopling of the New World. *Am J Hum Genet.* 1998;62(5):1153-70.
10. Torroni A, Schurr TG, Cabell MF, Brown MD, Neel JV, Larsen M, et al. Asian affinities and continental radiation of the four founding Native American mtDNAs. *Am J Hum Genet.* 1993;53(3):563-90.
11. Meyer D. *Árbores Evolutivas Humanas: Uma discussão sobre inferência filogenética.* Instituto Biociências. Universidade de São Paulo; 1996.
12. Felsenstein J. PHYLIP (Phylogeny Inference Package) version 3.6. Department of Genome Sciences, University of Washington, Seattle; 2004. Disponible en: <http://evolution.genetics.washington.edu/phylip.html>
13. Reynolds J, Weir BS, Cockerham CC. Estimation of the coancestry coefficient: basis for a short-term genetic distance. *Genetics.* 1983;105(3):767-79.
14. Hart DL, Clark AG. *Principles of population genetics.* 3a ed. Massachusetts: Sinauer Associates; 1997.
15. Michener CD, Sokal RR. A quantitative approach to a problem in classification. *Evolution.* 1957;11(2):130-62.



16. Bianchi NO, Bailliet G, Bravi CM. Peopling of the Americas as inferred through the analysis of mitochondrial DNA. *Braz J Genet.* 1995;18(4):661-8.
17. Torroni A, Chen YS, Semino O, Santachiara-Beneceretti AS, Scott CR, Lott MT, et al. mtDNA and Y-chromosome polymorphisms in four Native American populations from southern México. *Am J Hum Genet.* 1994;54(2):303-18.
18. Lalueza-Fox, CL, Luna-Calderón, F, Calafell, F, Morera, B, Bertranpetit, J. mtDNA from extinct Tainos and the peopling of the Caribbean. *Ann Hum Genet.* 2001;65:137-51.
19. Rodríguez-Delfín L, Rubin-de-Celis VE, Zago MA. Genetic diversity in an andean population from Peru and regional migration patterns of amerindians in South America: data from Y Chromosome and mitochondrial DNA. *Hum Hered.* 2001;51(1-2):97-106.
20. Bouysse-Cassagne, T. Poblaciones humana antiguas y actuales. En: Dejoux C, Ittis A. eds. *El Lago Titicaca: síntesis del conocimiento limnológico actual.* La Paz: Institut français de recherche scientifique pour le développement en coopération. ORSTOM - Instituto de historia social boliviana. HISBOL; 1991. p. 481-98.
21. Frigolé J, Gispert C. *Razas y pueblos del mundo.* Barcelona: OCEANO Grupo Editorial; 2000.
22. Xochime, C. *People of the Red Brown Earth: Along Genetic Trails of Humankind in the New World.* ISSO-Nahuatl Info. & ISS-Weascoast Warrior Society; 2002. Disponible en: <http://nahuatl.info/research/genetics.htm>
23. Rocco P, Morales C, Moraga VM, Miquel JF, Nervi F, Llop E, et al. Composición genética de la población chilena. Distribución de polimorfismos de DNA mitocondrial en grupos originarios y en la población mixta de Santiago. *Rev Med Chile* 2002;130(2):125-31.
24. Parr RL, Carlyle SW, O'Rourke D. Ancient DNA analysis of Fremont Amerindians of the Great Salt Lake Wetlands. *Am J Phys Anthropol.* 1996;99(4):507-18.
25. Lalueza-Fox C. Mitochondrial DNA haplogroups in four tribes from Tierra del Fuego-Patagonia: inferences about the peopling of the Americas. *Hum Biol.* 1996;68(6):853-71.
26. Bailliet G, Rothhammer F, Carnese FR, Bravi CM, Bianchi NO. Founder mitochondrial haplotypes in Amerindian populations. *Am J Hum Genet.* 1994;55(1):27-33.
27. Schurr TG, Ballinger SW, Gan Y-Y, Hodge JA, Merriwether DA, Lawrence DN, et al. Amerindian mitochondrial DNAs have rare Asian mutations at high frequencies, suggesting they derived from four primary line-ages. *Am J Hum Genet.* 1990;46(3):613-23.
28. Batista O, Kolman CJ, Bermingham E. Mitochondrial DNA diversity in the Kuna Amerinds of Panamá. *Hum Mol Genet.* 1995;4(5):921-9.
29. Torroni A, Neel JV, Barrantes R, Schurr TG, Wallace DC. Mitochondrial DNA "clock" for the Amerinds and its implications for timing their entry into North America. *Proc Nat. Acad Sci USA.* 1994;91(3):1158-62.
30. Santos M, Ward RH, Barrantes R. mtDNA variation in the Chibcha Amerindian Huetar from Costa Rica. *Hum Biol.* 1994;66(6):963-77.

Correspondencia:

Jesús H. Córdova.

Laboratorio de Genética Humana.

Facultad de Ciencias Biológicas.

UNMSM

e-mail: [jhcordovasantagadea@yahoo.es](mailto:jhcordovasantagadea@yahoo.es)

Jaime B. Descailleaux

Laboratorio de Genética Humana.

Facultad de Ciencias Biológicas.

UNMSM

e-mail: [jdescailleaux@gmail.com](mailto:jdescailleaux@gmail.com)

Fecha de recepción: 15 de agosto del 2008

Fecha de aceptación: 04 de noviembre del 2008

## APÉNDICE

TABLA 1.- Tabla de frecuencias de haplogrupos de mtDNA en poblaciones del SE de Asia y de los Amerindios del Norte, Centro y Sudamérica.

Etnia	Región Geográfica	A	B	C	D	Otr.	Ref.
01.- Han	Yunnan, China	0.0470	0.2100	0.0470	0.2320	0.4640	18
02.- Han	Wuhan, China	0.1670	0.1920	0.0240	0.1440	0.4730	18
03.- Han	Gongdong, China	0.0400	0.1200	0.0000	0.6200	0.2200	18
04.- Han	Liaoning, China	0.0590	0.1780	0.0200	0.4110	0.3320	18
05.- Han	Xinjian, China	0.1060	0.1060	0.0640	0.4460	0.2780	18
06.- Han	GD <sup>1</sup> -Zhangjiang, China	0.0000	0.2000	0.0330	0.2650	0.5020	18
07.- Han	GD <sup>1</sup> -Guangzhou, China	0.0000	0.3180	0.0000	0.2260	0.4560	18
08.- Han	Hong Kong, China	0.0500	0.2000	0.0500	0.1000	0.6000	18
09.- Han	Taiwan-1, Taiwan	0.0610	0.1960	0.0300	0.2270	0.4860	18
10.- Han	Taiwan-2, Taiwan	0.0650	0.1600	0.0320	0.2710	0.4720	18
11.- Han	Qinghai, China	0.0510	0.1290	0.0260	0.2310	0.5630	18
12.- Han	Shangai, China	0.1170	0.1840	0.0750	0.3330	0.2910	18
13.- Han	Zibo, China	0.0600	0.1200	0.0800	0.3200	0.4200	18
14.- Inuit	Circum-Arctic, Alaska	0.9750	0.0000	0.0000	0.0250	0.0000	20
15.- Haida 1	Columbia-USA	0.9700	0.0000	0.0000	0.0300	0.0000	20
16.- Haida 2	Columbia-USA	0.9600	0.0000	0.0000	0.0400	0.0000	21
17.- Athabaskan	Alberta-Columbia-EEUU	0.9000	0.0000	0.0300	0.0000	0.0700	20
18.- Aleut (ancient)	Is.NO St.Paul, Alaska	0.3500	0.0000	0.0000	0.6500	0.0000	20
19.- Aleut	St.Paul, Alaska	0.2500	0.0000	0.0000	0.7000	0.0500	20
20.- Dakota,Lakota	Montana-EEUU	0.5000	0.2000	0.1500	0.0500	0.1000	20
21.- Anishinabe/Chippewa	Ontario-Canadá	0.5000	0.1000	0.1500	0.0000	0.2500	20
22.- Mohawk 1	New York-EEUU	0.4500	0.1000	0.1500	0.0000	0.3000	20
23.- Mohawk 2	New York-EEUU	0.4640	0.1050	0.1380	0.0060	0.2870	10
24.- Paiute/Shoshone (Newe)	Colorado-EEUU	0.0000	0.2200	0.2300	0.4500	0.1000	20
25.- Oneota (ancient)	Missouri-EEUU	0.3000	0.1300	0.4300	0.1000	0.0400	20
26.- Oneota (ancient 700 ybp)	W Illinois, EEUU	0.3150	0.1200	0.4260	0.0830	0.0560	21
27.- Chippewa/Kickapoo	Virginia-EEUU	0.4800	0.1200	0.2000	0.0000	0.2000	20
28.- Ha-Hu-Ya-Mojave <sup>2</sup>	Desert. Mojave-EEUU	0.1000	0.5000	0.4000	0.0000	0.0000	20
29.- Cheyenne/Arapahoe	Nuevo México-EEUU	0.3000	0.1300	0.3500	0.1500	0.0700	20
30.- Cherokee	Florida, EEUU	0.0000	0.3000	0.3300	0.3700	0.0000	20
31.- México "cosmopolita"	C.Juárez/Ojinaga-Chih.	0.3500	0.2500	0.2400	0.0600	0.1000	20
32.- Kiliwa/PaiPai	Pen.California-EEUU	0.9000	0.1000	0.0000	0.0000	0.0000	20
33.- Navajo (Diné)	Arizona-EEUU	0.5200	0.4250	0.0350	0.0200	0.0000	20
34.- Navajo (Diné)	Arizona-EEUU	0.5830	0.3750	0.0000	0.0000	0.0420	21
35.- Nahua/Cora	SE México	0.5500	0.3300	0.0500	0.0000	0.0700	20
36.- Zapoteca	México Sur	0.3200	0.3400	0.3400	0.0000	0.0000	20
37.- Maya 1	Yucatán, Centroamérica	0.5300	0.2200	0.1500	0.0700	0.0300	20
38.- Taino (ancient)	Haití	0.0000	0.0000	0.7500	0.2500	0.0000	20
39.- Taino	Pto.Rico	0.5500	0.0000	0.3500	0.0000	0.1000	20
40.- Cayapa	Colombia Sur	0.3000	0.4000	0.1000	0.0000	0.2000	20
41.- Quechua	Ecuador	0.2500	0.3000	0.3000	0.0500	0.0000	20
42.- Andino (Quechua)	Cajamarca-Perú	0.0500	0.6000	0.1500	0.1500	0.0500	20
43.- Quechua	Huancayo, Perú	0.0500	0.5500	0.1500	0.2000	0.0500	20
44.- Zoro	Matto Grosso, Brasil	0.2000	0.0500	0.1500	0.6000	0.0000	20
45.- Xavante	Matto Grosso, Brasil	0.1500	0.8500	0.0000	0.0000	0.0000	20
46.- Mataco(Wichi)	Grand Chaco, Argentina	0.1000	0.3000	0.0750	0.5250	0.0000	20
47.- Toba	Grand Chaco, Argentina	0.1250	0.4500	0.0750	0.2750	0.0000	20
48.- Pilaga	Grand Chaco, Argentina	0.0250	0.3500	0.2750	0.3000	0.0500	20
49.- Pehuenche 1	Chile/Arg. Central	0.0750	0.1000	0.4250	0.4000	0.0000	20
50.- Pehuenche 2	Chile/Arg. Central	0.0200	0.0900	0.3700	0.5200	0.0000	22
51.- Yaghan	S Tierra del Fuego	0.0000	0.0000	0.4750	0.5250	0.0000	20
52.- Shipibo (Amazonia)	Pucallpa, Perú	0.2830	0.3960	0.1320	0.1130	0.0760	PE
53.- Dogrib	Circum-Arctic, Alaska	0.9090	0.0000	0.0200	0.0000	0.0710	21
54.- Fremont (ancient)	Gr.Salt Lake,Utah-EEUU	0.0000	0.7300	0.1300	0.0700	0.0700	21, 23
55.- Kaweskar (ancient)	Patagonia	0.0000	0.0000	0.1580	0.8420	0.0000	21, 24

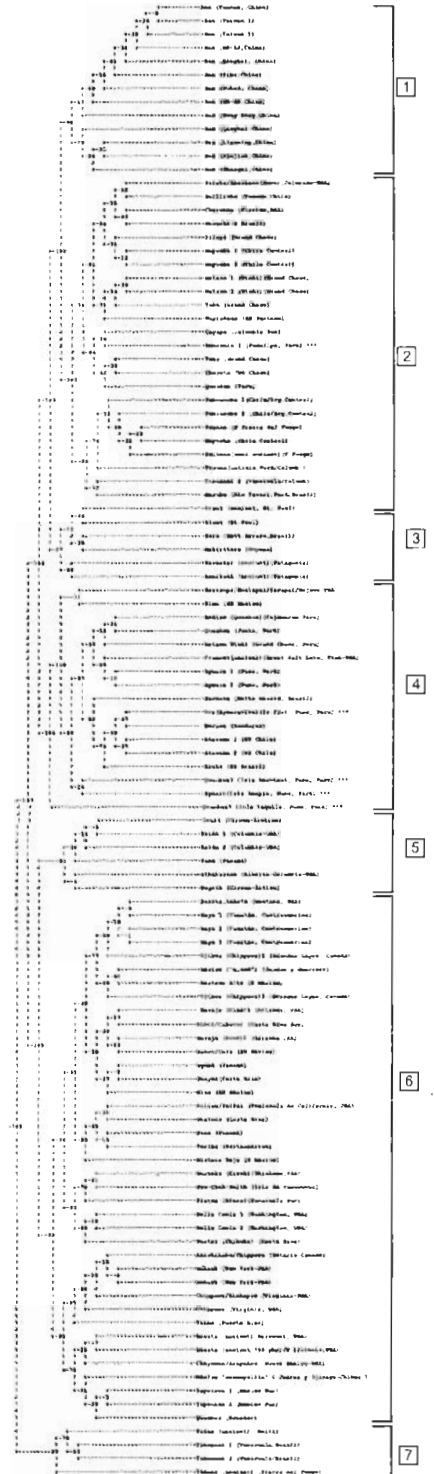
Etnia	Región Geográfica	A	B	C	D	Otr.	Ref.
56.- Aonikenk (ancient)	Patagonia	0.0000	0.0000	0.2670	0.7330	0.0000	21, 24
57.- Yamana (ancient)	Tierra del Fuego	0.0000	0.0000	0.9090	0.0910	0.0000	21, 24
58.- Selknam(Onas)(ancient)	Tierra del Fuego	0.0000	0.0000	0.4620	0.4620	0.0770	21, 24
59.- Quechua	Perú	0.2630	0.3680	0.0530	0.3160	0.0000	10
60.- Aymara 1	Puno, Perú	0.0640	0.6740	0.1220	0.1400	0.0000	10
61.- Aymara 2	Puno, Perú	0.0600	0.7000	0.1000	0.1300	0.0000	20
62.- Quechua ?	Is. Taquile, Puno, Perú	0.0000	1.0000	0.0000	0.0000	0.0000	7, PE
63.- Quechua ?	Is. Amantani, Puno, Perú	0.0000	0.8660	0.1140	0.0000	0.0200	7, PE
64.- Aymara	Is. Anapia, Puno, Perú	0.0000	0.8750	0.0840	0.0420	0.0000	7, PE
65.- Uro (Aymara + Uru)	Is. flot., Puno, Perú	0.1790	0.7510	0.0000	0.0710	0.0000	7, PE
66.- Muskoke (Creek)	Oklahoma, EEUU	0.3660	0.1550	0.0990	0.3800	0.0000	10
67.- México ("mixed") <sup>1</sup>	Oaxaca y Guerrero	0.6500	0.2170	0.1330	0.0000	0.0000	19
68.- Yanomami 1	Venezuela/Colombia	0.0000	0.0600	0.7240	0.0960	0.1200	25
69.- Yanomami 2	Venezuela/Colombia	0.0000	0.1670	0.5420	0.2910	0.0000	16
70.- Yanomami 3	Venezuela/Colombia	0.1000	0.0500	0.7500	0.1000	0.0000	20
71.- Mapuche 1	Chile Central	0.0640	0.3490	0.1900	0.2700	0.1270	26
72.- Mapuche 2	Chile Central	0.0000	0.0500	0.4500	0.5000	0.0000	20
73.- Mapuche 3	Chile Central	0.0530	0.3100	0.2060	0.2930	0.1030	21
74.- Atacama 1	NE Chile	0.2310	0.6920	0.0770	0.0000	0.0000	26
75.- Atacama 2	NE Chile	0.1430	0.7140	0.0950	0.0480	0.0000	21
76.- Huilliche	Temuco, Chile	0.0630	0.2890	0.1840	0.4740	0.0000	25
77.- Bella Coola 1	Washington-EEUU	0.6000	0.0800	0.0800	0.2000	0.0400	16
78.- Bella Coola 2	Washington-EEUU	0.6000	0.0500	0.0500	0.2400	0.0600	20
79.- Nuu-Chah-Nulth	Vancouver Island	0.4000	0.0660	0.1330	0.2660	0.1330	16
80.- Ojibwa 1	Grandes Lagos, Canadá	0.5120	0.0700	0.1630	0.0000	0.0000	26
81.- Ojibwa 2	Grandes Lagos, Canadá	0.6430	0.0360	0.0710	0.0000	0.0250	16
82.- Pima	NE México	0.0670	0.5000	0.4330	0.0000	0.0000	27
83.- Maya 2	Yucatán, Centroamérica	0.5000	0.2140	0.1430	0.0710	0.0720	27
84.- Maya 3	Yucatán, Centroamérica	0.5190	0.2220	0.1480	0.0740	0.0370	19
85.- Chippewa	Virginia-EEUU	0.2670	0.1330	0.3330	0.0000	0.2670	16
86.- Boruca	Honduras	0.2660	0.6670	0.0000	0.0660	0.0000	16
87.- Kuna 1	Panamá	1.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	16
88.- Kuna 2	Panamá	0.7720	0.2280	0.0000	0.0000	0.0000	28
89.- Ngöbé	Panamá	0.6770	0.3230	0.0000	0.0000	0.0000	16
90.- Guaymí	Costa Rica	0.6870	0.3130	0.0000	0.0000	0.0000	16
91.- Bibri/Cabecar	Costa Rica Sur	0.5420	0.4580	0.0000	0.0000	0.0000	16
92.- Piaro (Ature)	Venezuela Sur	0.5000	0.0000	0.1000	0.4000	0.0000	16
93.- Makiritare	Guyana	0.2000	0.0000	0.1000	0.6000	0.1000	16
94.- Macushi	E Brasil	0.1000	0.2000	0.3000	0.4000	0.0000	16
95.- Wapishana	SE Surinam	0.0000	0.2500	0.0830	0.6670	0.0000	16
96.- Ticuna	Leticia, Perú/Col	0.1790	0.0000	0.3210	0.5000	0.0000	16
97.- Kraho	SE Brasil	0.2860	0.5710	0.1430	0.0000	0.0000	16
98.- Marubo	Río Yavari, Perú/Bras.	0.1000	0.0000	0.6000	0.3000	0.0000	16
99.- Mataco(Wichi) 1	Grand Chaco, Argentina	0.1070	0.3570	0.0000	0.5360	0.0000	16
100.- Mataco(Wichi) 2	Grand Chaco, Argentina	0.0700	0.6320	0.0350	0.2280	0.0000	26
101.-Toba	Grand Chaco, Argentina	0.0000	0.4000	0.0000	0.6000	0.0000	26
102.-Chorote	NO Chaco, Chile/Arg.	0.1430	0.5000	0.1430	0.2140	0.0000	26
103.-Mixteca Alta	E México	0.7340	0.1330	0.1330	0.0000	0.0000	29
104.-Mixteca Baja	E México	0.7140	0.0720	0.0000	0.0000	0.2140	29
105.-Zapoteca	México Sur	0.3330	0.3330	0.3330	0.0000	0.0000	29
106.-Mixe	SE México	0.6250	0.3130	0.0620	0.0000	0.0000	29
107.-Teribe	Norteamérica	0.8000	0.2000	0.0000	0.0000	0.0000	26
108.-Guatuso	Costa Rica	0.8500	0.1500	0.0000	0.0000	0.0000	29
109.-Huetar(Chibcha)	Costa Rica	0.7000	0.0400	0.0000	0.2600	0.0000	30

**Legenda:** GD<sup>1</sup>: Guandong; Ha-HU-YA-MO<sup>1</sup>: Havasupa/Hualapai/Yarapai/Mojave; México "mixed"<sup>2</sup>: Muestra de 11 Mixteca, 06 Zapoteca y 08 "Mezclados" (Nota JHCSG: Parece que los autores quisieron obtener información por ésta muestra de los Olmeca, de los que descenderían mixtecas y zapotecas)

PE : Presente estudio.



Figura 1.- Arbol que relaciona las 109 etnias-localidades del SE de Asia y de Amerindios evaluados en el presente trabajo. Fue obtenido por el algoritmo UPGMA y en base a valores de  $F_{ST}$ . Los integrantes de los siete principales clusters se pueden reconocer por estar comprendidos en un mismo corchete . Las poblaciones peruanas procesadas en el presente trabajo se hallan marcadas por triple asterisco (\*\*\*) . La ampliación de esta figura se halla en las tres páginas siguientes.



```

+-----Han (Yunnan, China)
+--8
+--16 +-----Han (Taiwan 1)
! !
+--22 +-----Han (Taiwan 2)
! !
+--34 +-----Han (GD-ZJ, China)
! !
+--41 +-----Han (Qinghai, China)
! !
+--56 +-----Han (Zibo, China)
! !
+--60 +-----Han (Wuhan, China)
! !
+--67 +-----Han (GD-GZ, China)
! !
+-----Han (Hong Kong, China)
+90
! ! +-----Han (Qinghai, China)
! !
! +--79 +-----Han (Liaoning, China)
! ! +--33
! ! +--36 +-----Han (Xinjian, China)
! !
! +-----Han (Shangai, China)
!
! +-----Paiute/Shoshone (Newe) (Colorado-EUU)
! !
! +--42
! ! +-----Huilliche (Temuco, Chile)
! !
! +--55
! ! +-----Cherokee (Florida, EEUU)
! !
! +--43
! ! +--64 +-----Macushi (E Brasil)
! !
! ! +-----Pilagá (Grand Chaco)
! !
! ! +--31
+102 ! ! +-----Mapuche 1 (Chile Central)
! !
! ! +--12
! ! +--91 +-----Mapuche 2 (Chile Central)
! !
! !
! ! +-----Mataco 1 (Wichi) (Grand Chaco)
! !
! ! +--26
! ! +--54 +-----Mataco 2 (Wichi) (Grand Chaco)
! !
! ! +--96 +--71 +-----Toba (Grand Chaco)
! !
! ! +-----Wapishana (SE Surinam)
! !
! ! +-----Cayapa (Colombia Sur)
! !
! ! +--50
! ! +-----Amazonia 1 (Pucallpa, Perú) ***
! !
! ! +--84
! ! +-----Toba (Grand Chaco)
! !
! ! +--30
! ! +--62 +-----Chorote (NO Chaco)
! !
! ! +--101
! !
! ! +-----Quechua (Perú)
! !
+103 ! ! +-----Pehuenche 1 (Chile/Arg. Central)
! !
! ! +--53 +-----Pehuenche 2 (Chile/Arg. Central)
! !
! !
! ! +--44 +-----Yaghan (N Tierra del Fuego)
! !
! ! +--20
! ! +--74 +--32 +-----Mapuche (Chile Centra)
! !
! ! +-----Selknam (Onas ancient) (T. Fuego)
! !
! ! +--86
! ! +-----Ticuna (Leticia, Perú/Colomb.)
! !
! ! +-----Yanomami 2 (Venezuela/Colomb.)
! !
! ! +--72
! ! +-----Marubo (Rio Yavari, Perú/Brasil)
! !
! ! +-----Aleut (ancient, St. Paul)

```

1

2

```

! ! +46
! ! +-----Aleut (St. Paul)
! ! +73
! ! ! +-----Zoro (Matt.Grosso, Brasil)
! ! ! +38
! ! +97 +-----Makiritare (Guyana)
+-106 ! +-----Kaweskar (ancient) (Patagonia)
! ! +69
! ! +-----Aonikenk (ancient) (Patagonia)
! !
! ! +-----Havasupa/Hualapai/Yarapai/Mojave, EEUU
! ! +11
! ! +-----Pima (NE México)
! !
! ! +-----Andino (Quechua) (Cajamarca, Perú)
! ! +21
! ! +52 +-----Quechua (Junin, Perú)
! ! !
! ! +57 +-----Mataco Wichi (Grand Chaco, Perú)
! ! !
! ! +-----Fremont(ancient) (Great Salt Lake, Utah-EEUU)
! ! +100 ! +45
! ! ! +-----Aymara 1 (Puno, Perú)
! ! ! +87 +10
! ! ! +-----Aymara 2 (Puno, Perú)
! ! !
! ! ! +-----Xavante (Matto Grosso, Brasil)
! ! !
! ! ! +-----Uro (Aymara+Uru) (Is. Flot. Puno, Perú) ***
! ! ! +82 +47
! ! ! +-----Boruca (Honduras)
! ! +104 +94 ! +48
! ! ! +-----Atacama 1 (NE Chile)
! ! ! +75 +37
! ! ! +-----Atacama 2 (NE Chile)
! ! !
! ! ! +-----Kraho (SE Brasil)
! ! !
! ! ! +-----Quechua? (Isla Amantani, Puno, Perú) ***
! ! +24
! ! +-----Aymara (Isla Anapia, Puno, Perú) ***
+-107 !
! ! +-----Quechua? (Isla Taquile, Puno, Perú) ***
! !
! ! +-----Inuit (Circum-Ártico)
! ! +5
! ! +14 +-----Haida 1 (Columbia-EEUU)
! ! !
! ! +66 +-----Haida 2 (Columbia-EEUU)
! ! !
! ! +81 +-----Kuna (Panamá)
! ! !
! ! +-----Athabaskan (Alberta-Columbia-EEUU)
! ! +6
! ! +-----Dogrib (Circum-Ártico)
! ! !
! ! +-----Dakota, Lakota (Montana, EEUU)
! ! +9
! ! +-----Maya 1 (Yucatán, Centroamérica)
! ! !
! ! +18
! ! ! +-----Maya 2 (Yucatán, Centroamérica)
! ! !
! ! +59 +1
! ! ! +-----Maya 3 (Yucatán, Centroamérica)
! ! !
! ! +77 +-----Ojibwa (Chippewa)1 (Grandes Lagos, Canadá)
! ! !
! ! +-----México ("mixed") (Oaxaca y Guerrero)
! ! ! +40
! ! ! +68 +-----Mixteca Alta (E México)
! ! !
! ! +-----Ojibwa (Chippewa)2 (Grandes Lagos, Canadá)
! ! !
! ! +88
! ! ! +-----Navajo (Diné)1 (Arizona, EEUU)

```

3

4

5



!	!	!	!	!	! +17	-----Bibri/Cabecar (Costa Rica Sur)		
!	!	!	!	!	! +39	-----Navajo (Diné)2 (Arizona-EEUU)		
!	!	!	!	!	! +23	-----Nahua/Cora (SE México)		
!	!	!	!	!	! +58	-----Ngöbé (Panamá)		
!	!	!	!	!	! +95	! +--2	-----Guaymi (Costa Rica)	
!	!	!	!	!	! +27	-----Mixe (SE México)		
!	!	!	!	!	!	-----Kiliwa/PaiPai (Península de California, EEUU)		
!	!	!	!	!	! +35	-----Guatuso (Costa Rica)		
-108	!	!	!	!	! +65	-----Kuna (Panamá)		
!	!	!	!	!	! +98	! +93	! +13	-----Teribe (Norteamérica)
!	!	!	!	!	!	-----Mixteca Bajo (E México)		
!	!	!	!	!	!	-----Muskoke (Creek) (Oklahoma, EEUU)		
!	!	!	!	!	! +61	-----Nuu-Chah-Nulth (Isla de Vancouver)		
!	!	!	!	!	! +70	-----Piaroa (Ature) (Venezuela Sur)		
!	!	!	!	!	! +83	-----Bella Coola 1 (Washington, EEUU)		
!	!	!	!	!	! +19	-----Bella Coola 2 (Washington, EEUU)		
!	!	!	!	!	! +49	-----Huetar (Chibcha) (Costa Rica)		
!	!	!	!	!	! +99	-----Anishinabe/Chippewa (Ontario-Canadá)		
!	!	!	!	!	! +15	-----Mohawk (New York-EEUU)		
!	!	!	!	!	! +28	! +--4	-----Mohawk (New York-EEUU)	
!	!	!	!	!	! +80	-----Chippewa/Kickapoo (Virginia-EEUU)		
!	!	!	!	!	! +85	-----Chippewa (Virginia, EEUU)		
!	!	!	!	!	!	-----Taino (Puerto Rico)		
!	!	!	!	!	! +92	-----Oneota (ancient) (Missouri, EEUU)		
!	!	!	!	!	! +--7	-----Oneota (ancient 700 ybp) (W Illinois, EEUU)		
!	!	!	!	!	! +25	-----Cheyenne/Arapahoe (Nuevo México-EEUU)		
!	!	!	!	!	! +76	-----México "cosmopolita" (C. Juárez y Ojinaga-Chihua.)		
!	!	!	!	!	! +51	-----Zapoteca 1 (México Sur)		
!	!	!	!	!	! +--3	-----Zapoteca 2 (México Sur)		
!	!	!	!	!	! +29	-----Quechua (Ecuador)		
!	!	!	!	!	!	-----Taino (ancient) (Haití)		
!	!	!	!	!	! +78	-----Yanomami 1 (Venezuela/Brasil)		
!	!	!	!	!	! +89	! +63	-----Yanomami 2 (Venezuela/Brasil)	
!	!	!	!	!	!	-----Yámana (ancient) (Tierra del Fuego)		

6

7

**Tabla 3. Valores de Divergencia entre Nodos - Ancestros y Etnias-Localidades.**

Entre Nodo o Ancestro	y Nodo Terminal	Valor de Divergencia			
108	107	0.04718	71	WapisTORa	0.01752
107	106	0.01166	96	84	0.02604
106	103	0.05493	84	50	0.02253
103	102	0.01152	50	CayapaX	0.01010
102	90	0.05879	84	AmazoniaI	0.01010
90	67	0.02674	62	62	0.01850
67	60	0.00377	62	30	0.00982
60	56	0.00122	30	TobaX	0.00430
56	41	0.00444	30	ChoroteBI	0.00430
41	34	0.00256	62	QuechuaM	0.01412
34	22	0.00278	101	86	0.05292
22	16	0.00068	86	74	0.01389
16	8	0.00105	74	53	0.00966
8	HanYNY	0.00045	53	PehuenchX	0.01029
8	HanTWIY	0.00045	53	44	0.00234
16	HanTW2Y	0.00150	44	FeneuncSS	0.00795
22	HanGDZJX	0.00218	44	32	0.00340
34	HanQHY	0.00496	32	20	0.00275
41	HanZBY	0.00752	20	YaghanX	0.00180
56	HanWHY	0.01196	20	MapucheX	0.00180
60	HanGDGZY	0.01318	32	SelknamSS	0.00455
67	HanHKY	0.01694	74	TicunTORa	0.01995
90	79	0.01825	86	72	0.01624
79	HanQDY	0.02543	72	YanomTORa	0.01760
79	36	0.01971	72	MarubTORa	0.01760
36	33	0.00093	103	97	0.04804
33	HanLNY	0.00480	97	73	0.04726
33	HanXJY	0.00480	73	46	0.01049
36	HanSHY	0.00572	46	AleutAnX	0.00820
102	101	0.01571	46	AleutStPX	0.00820
101	96	0.02809	73	38	0.01229
96	91	0.01495	38	ZoroX	0.00640
91	64	0.02820	38	MakirTORa	0.00640
64	55	0.00423	97	69	0.04850
55	42	0.00347	69	KaweskaSS	0.01745
42	PaiutShoX	0.00780	69	AonikenSS	0.01745
42	Huilliche	0.00780	106	104	0.04590
55	43	0.00342	104	100	0.04371
43	CherokeeX	0.00785	100	11	0.07837
43	MacusTORa	0.00785	11	HaHuYaMoX	0.00095
64	31	0.01113	11	PimaSCH	0.00095
31	PilagaX	0.00438	100	94	0.02914
31	12	0.00338	94	87	0.01540
12	MapucheBI	0.00100	87	57	0.02193
12	MapucheSS	0.00100	57	52	0.00257
91	71	0.02620	52	21	0.00822
71	54	0.00654	21	AndCajPeX	0.00205
54	26	0.00722	21	QuechHPeX	0.00205
26	MatacoX	0.00375	52	MatacBI	0.01028
26	MatacTORa	0.00375	57	45	0.00467
54	TobaBI	0.01097	45	GGSLFreSS	0.00818
			45	10	0.00752
			10	AymaraM	0.00065
			10	AymaraX	0.00065
			87	82	0.00453
			82	XavanteX	0.03024
			82	75	0.01005
			75	48	0.01095
			48	47	0.00104
			47	UroS	0.00820
			47	BorucTORa	0.00820
			48	37	0.00339
			37	AtacamaBI	0.00585

37	AtacameSS	0.00585	61	OklaMuskM	0.01405
75	KrahoTORa	0.02019	61	NuuChTORa	0.01405
94	24	0.04682	70	PiaraTORa	0.01748
24	AmantaniS	0.00335	83	49	0.02271
24	AnapiaS	0.00335	49	19	0.00790
104	TaquileS	0.12302	19	BellaTORa	0.00165
107	105	0.03460	19	BellaCooX	0.00165
105	81	0.11999	49	HuetarSAN	0.00955
81	66	0.01016	99	92	0.03133
66	14	0.01456	92	85	0.01195
14	5	0.00103	85	80	0.00772
5	InuitX	0.00025	80	28	0.02191
5	HaidaX	0.00025	28	15	0.00239
14	HaidaSS	0.00128	15	AnishChiX	0.00148
66	KunaTORa	0.01583	15	4	0.00128
81	6	0.02574	4	MohawkX	0.00020
6	AthabasX	0.00025	4	MohawkM	0.00020
6	DogribSS	0.00025	28	ChipKickX	0.00387
105	99	0.06920	80	ChipeTORa	0.02578
99	98	0.00641	85	TainoHoyX	0.03350
98	95	0.01404	92	76	0.02510
95	88	0.02124	76	25	0.01680
88	77	0.01245	25	7	0.00325
77	59	0.00952	7	OneotaAnX	0.00030
59	18	0.01159	7	OneotaASS	0.00030
18	9	0.00100	25	CheyenArX	0.00355
9	DakotaLaX	0.00055	76	51	0.01012
9	MayaSCh	0.00055	51	MexicoCoX	0.01023
18	1	0.00150	51	29	0.00606
1	MayaX	0.00005	29	3	0.00407
1	MayaTORb	0.00005	3	ZapotecaX	0.00010
59	OjibwaBI	0.01314	3	ZapotTORc	0.00010
77	68	0.00545	29	QuechuEcX	0.00418
68	40	0.00980	108	89	0.19023
40	Mexico	0.00740	89	78	0.01468
40	MixtATORc	0.00740	78	TainoAncX	0.02285
68	OjibwTORa	0.01720	78	63	0.00870
88	58	0.02212	63	Yanomamil	0.01415
58	39	0.00616	63	YanomamiX	0.01415
39	17	0.00526	89	YamanaSS	0.03753
17	NavajoX	0.00155			
17	BibCaTORa	0.00155			
39	23	0.00391			
23	NavajoSS	0.00290			
23	NahuaCorX	0.00290			
58	27	0.00920			
27	2	0.00368			
2	NgobeTORa	0.00010			
2	GuaymTORa	0.00010			
27	MixeTORc	0.00377			
95	93	0.00924			
93	65	0.03150			
65	35	0.00990			
35	KiliPaiPX	0.00570			
35	GuatuTORd	0.00570			
65	13	0.01445			
13	KunaBAT	0.00115			
13	TeribTORd	0.00115			
93	MixtBTORc	0.04710			
98	83	0.03812			
83	70	0.01478			
70	61	0.00343			



