

*KACIKE: Journal of Caribbean Amerindian History and Anthropology* ISSN 1562-5028

*KACIKE: Revista de la historia y antropología de los indígenas del Caribe*

**Edición especial** redactada por Lynne Guitar

**NUEVAS DIRECCIONES EN LAS INVESTIGACIONES SOBRE LA HERENCIA TAINA**

<http://www.kacike.org/Current.html>

## **El uso del ADN mitocondrial para descubrir las migraciones precolombinas al Caribe: Resultados para Puerto Rico y expectativas para la República Dominicana**

**Dr. Juan C. Martínez Cruzado**

En este estudio utilizamos la tecnología de ADN mitocondrial (ADNmt) para mejorar nuestro entendimiento sobre los migraciones precolombinas a las Antillas que dieron origen a los taínos. Como base a nuestro trabajo, debemos repasar lo que varios estudios, principalmente del tipo arqueológico, nos han dado a conocer sobre las migraciones precolombinas a las Antillas Mayores.

Se sabe que hace más de 8,000 años las Antillas Mayores estaban habitadas por nómadas que dependían de los vegetales que pudieran recoger y de los animales que pudieran cazar para su supervivencia. Esta era se conoce como la Era Lítica, que se distingue por las herramientas confeccionadas a base de piedra que estas personas elaboraban.

Unos 4,000 años más tarde, comenzamos a notar una gran cantidad de herramientas y adornos confeccionados a base de concha y algunos hechos a base de huesos. Esta era se conoce como la Era Arcaica, constituida también por nómadas que parecen haber subsistido principalmente del mar, pero que también se alimentaban de productos terrestres. No fue hasta hace apenas unos 2,200

años que llegó a las Antillas Mayores la cultura cerámica, constituida por conocedores de la agricultura que construían asentamientos permanentes cerca de sus áreas de cultivo.

Se conoce poco sobre las migraciones que dieron origen a los nómadas, mejor conocido como la cultura precerámica. Se han identificado tres rutas por las cuales pudieron ocurrir olas migratorias a las Antillas Mayores: procedentes de la península de la Florida a través de Cuba, procedentes de la península del Yucatán también a través de Cuba, y procedentes del delta del Orinoco, a través de las Antillas Menores. Estudios dentales realizados por el doctor Edwin Crespo, así como otros estudios, sugieren que ocurrieron por lo menos dos olas migratorias a las Antillas Mayores. Por esta razón, la confirmación del uso de una de las rutas no implicaría necesariamente que otras rutas no hubieran sido utilizadas también.

Existieron distintas culturas cerámicas en las Antillas Mayores. Aún en tiempos antes de Cristo, ya existían en la isla de Vieques la cultura huecoide y la cultura saladoide, claramente distinguibles

en su cerámica, pero también en otros aspectos culturales. Por ejemplo, mientras los enterramientos de los saladoide pueden ser hallados con relativa facilidad, nunca se han encontrado restos óseos de huecoide. Tan sólo un diente de leche. Por esta razón se cree que las religiones de ambas culturas podrían haber contado con elementos muy diferentes. Además, los huecoide se especializaron en trabajos con piedras semipreciosas, en los cuales frecuentemente esculpían formas de animales. Entre ellos se destaca la figura de un ave que muchos han identificado como el cóndor andino, por lo que se les adjudica un origen continental en esa región. Yacimientos con elementos cerámicos muy parecidos a los de los huecoide han sido hallados cerca de la desembocadura del Río Guapo en Venezuela. Desde allí deben haber tomado la ruta marítima hacia el este de Puerto Rico, Vieques, y otras islas en el noreste caribeño. Los saladoide, por su parte, migraron desde la región de Saladero cerca de la desembocadura del Río Orinoco a través de las Antillas Menores hasta llegar a las Antillas Mayores.

La cultura huecoide duró por unos pocos cientos de años, pero la cultura saladoide, evolucionando con el tiempo duró hasta aproximadamente el año 600 D.C. Cierta evidencia ha sido hallada en Puerto Rico que sugieren grandes eventos naturales catastróficos que pudieron haberle dado fin a la cultura saladoide. Lo cierto es que una cultura claramente distinta se desarrolló a partir de esa fecha, la ostionoide, la cual se ha subdividido en dos etapas conocidas como la pre-taína y la taína. Desconocemos si la cultura ostionoide representa un marcado cambio cultural de las personas de la cultura saladoide, desatada por eventos naturales

catastróficos o de algún otro tipo, o si representa la llegada de una nueva ola migratoria con origen suramericano.

En conclusión, la evidencia arqueológica puede identificar cuatro migraciones precolombinas a las Antillas Mayores: 2 precerámicas y 2 cerámicas. El número real de migraciones precolombinas, si bien podría haber sido solamente 4, podría haber sido mucho mayor.

Veamos ahora qué nos puede ofrecer el ADNmt que podemos extraer de los habitantes contemporáneos de las Antillas Mayores. La enorme mayoría de nuestro material genético, quizás mejor conocido como ADN, se encuentra en el núcleo de la célula. El ADNmt no se encuentra en el núcleo de la célula, sino en un organelo conocido como el mitocondrio. El ADNmt es 200,000 veces más pequeño que el ADN nuclear. Mientras el ADN nuclear se hereda por partes iguales del padre y de la madre, el ADNmt se hereda únicamente de la madre. No se mezcla con el del padre y por lo tanto permanece intacto de generación en generación, manteniendo así su identidad original. Es decir, a pesar del intenso mestizaje que ha caracterizado nuestra región a través de los siglos, los caribeños tenemos ADNmts que mantienen su identidad original y pueden identificarse como africanos, indígenas o caucásicos. Su identidad dependerá de aquella mujer que ubica en nuestro árbol genealógico al final de la línea ancestral estrictamente materna. Si esa tataratatarabuela era indígena, entonces el caribeño correspondiente tendrá un ADNmt indígena. Lo habrá heredado de forma intacta de aquella tataratatarabuela india que vivió para los terribles primeros años de la colonización a través de sus tatarabuelas, de su bisabuela y de su

abuela materna.

Hace apenas unos pocos meses que concluimos un estudio de la herencia por la línea ancestral estrictamente materna de los puertorriqueños. Utilizando la información poblacional del censo de 1990 así como un programa de muestreo computarizado, se seleccionaron aleatoriamente 1,067 residencias en todo Puerto Rico con probabilidades de acuerdo a la densidad poblacional, de tal manera que estas residencias constituyeron una muestra representativa de las residencias puertorriqueñas. Igualmente, un adulto dentro de cada una de estas residencias que estuviera habitada fue seleccionado aleatoriamente para garantizar la representatividad de nuestra muestra. De estas 1,067 residencias 985 estuvieron habitadas. De las 985 residencias habitadas pudimos contactar al adulto seleccionado en 875 de ellas. En exactamente 800 de estos 875 casos, el adulto accedió a donarnos unas muestras con raíces de cabello para estudiar su ADNmt. Es decir, 800 de los 985 (81.2%) adultos seleccionados participaron en el estudio, y podemos estar satisfechos que los 800 participantes constituyen una muestra representativa de la población puertorriqueña. De los 800 participantes, 489 (61.1%) tuvieron ADNmt de origen indígena, 211 (26.4%) lo tuvieron de origen africano al sur del Sahara y exactamente 100 (12.5%) lo tuvieron de origen caucásico.

Hay dos cosas importantes que hay que recalcar ante estos resultados. Primero, por heredarse únicamente por la madre, el ADNmt sólo rastrea migraciones de mujeres. Estos resultados implican que las migraciones de mujeres a Puerto Rico en tiempos postcolombinos han sido pocas relativo a la cantidad de mujeres locales en el país, y que el efecto

acumulativo de todas estas migraciones a lo largo de 500 años de historia colonial ha sido reducir el porcentaje de ADNmt indígena de 100% a 61%.

Segundo, es cierto que la documentación histórica revela múltiples ocasiones en que indios del Yucatán, de la Española, de la Isla Margarita, de Brasil y de otras colonias españolas y portuguesas fueron traídos como esclavos a Puerto Rico. Sin embargo, la documentación histórica también revela que la importación de esclavas africanas excedió en gran medida la importación de esclavas indias. Por lo tanto, la mayor frecuencia de ADNmts indígenas en Puerto Rico puede explicarse únicamente a base de ADNmts nativos de Puerto Rico que tienen que componer la mayor parte de los ADNmts indígenas presentes en el país.

Aunque las raíces de cabello no siempre dan suficiente material para hacer estudios en mayor detalle, muchas de las 489 muestras que resultaron ser de origen indígena tuvieron la calidad necesaria para permitirnos estudiarlas más a fondo y generar un esquema hipotético de migraciones precolombinas a Puerto Rico.

Debido a la afinidad que existía entre los taínos de Quisqueya y de Boriquén, creemos que este esquema hipotético de migraciones precolombinas debe aplicar en buena medida a la República Dominicana.

Para entender mejor estos estudios detallados es necesario que sepamos algunas cosas del campo de la genética molecular y del ADNmt. La molécula de ADNmt es la única molécula de ADN en nuestras células que es circular. También es la más pequeña. Fue secuenciada en su totalidad en el 1981 en Gran Bretaña, determinándose que era de 16,569 nucleótidos de largo. Para los menos expertos en ADN, podemos imaginarnos

la molécula de ADNmt como un collar de 16,569 perlas. Cada perla tiene un número y están puestas en orden desde el 1 hasta el 16,569. Además, cada perla tiene una letra que puede ser A, T, C ó G, dependiendo de cuál sea su base nitrogenada. El cambio de una letra por otra se conoce como una mutación.

Usualmente, la detección de mutaciones en el ADNmt se hace por medio de pruebas de restricción. Una endonucleasa de restricción es una enzima que digiere selectivamente el ADN en una secuencia específica. Por ejemplo, la endonucleasa *A1u1* corta el ADN únicamente en los puntos donde el ADN tiene la secuencia AGCT. Si hubiese una molécula que tuviera la secuencia AGCT en algún punto, esa molécula sería cortada en dos fragmentos por la endonucleasa *A1u1*. Mas si ocurriese una mutación en una de los cuatro nucleótidos que forman esa secuencia, la secuencia dejaría de existir, y *A1u1* dejaría a la molécula de ADN intacta. Este ejemplo ilustra una mutación que elimina un sitio de restricción reconocido por la endonucleasa. Otras mutaciones los crean. Hay distintas endonucleasas de restricción que nos permiten detectar mutaciones fácilmente en muchos puntos del ADNmt. Así pues, las mutaciones pueden ser identificadas citando el número de la perla donde ocurrió la mutación en conjunto con el efecto de la mutación en cuanto a la eliminación o creación de un nuevo sitio de restricción.

Usualmente pensamos en una mutación como algo muy malo que tiene que producir un cambio claramente visible y desfavorable en la persona como producirle un tercer ojo o dejarlo sin una pierna, pero recientemente se ha demostrado que la gran mayoría de las mutaciones no producen un efecto

claramente visible en la persona. Cada uno de nosotros tiene aproximadamente 175 mutaciones en el núcleo y sin embargo nos consideramos normales. Pues bien, el ADNmt es tan pequeño que en él ocurre solamente una mutación cada 3 mil años. Esas mutaciones nos permiten rastrear las migraciones humanas que han ocurrido por todo el mundo desde que surgió el ser humano en Africa hace unos 150,000 años. Frecuentemente, migraciones a lugares despoblados han sido acompañadas de mutaciones. Esto causa que las poblaciones derivadas puedan tener ciertas mutaciones que las distingua de la población original. Los ADNmts que comparten una mutación que surgió en una mujer ancestral que tienen en común forman una familia de ADNmts conocida como **haplogrupo**. La mutación que todos los ADNmts tienen en común se conoce como el **marcador del haplogrupo**. Todos los ADNmts que pertenecen a un haplogrupo tienen que tener el marcador del haplogrupo. Claro está, a medida que va pasando el tiempo los ADNmts que pertenecen a un haplogrupo van ganando mutaciones particulares. Se dice que dos ADNmts que pertenecen a un mismo haplogrupo pero que pueden distinguirse el uno del otro por mutaciones adicionales en algún otro punto de la molécula pertenecen a **haplotipos** distintos.

La mayoría de los ADNmts indígenas tienen sus orígenes en Asia. Hace unos 25,000 o 30,000 años, un grupo de siberianos cruzó el Estrecho de Bering, entrando así el ser humano por primera vez al Nuevo Mundo. Entre ellos habían mujeres que cargaban DNAmTs pertenecientes a los haplogrupos asiáticos A, C y D. Es posible que por una ruta alterna más afín al mar simultáneamente entrara al Nuevo Mundo

el haplogrupo B, que si bien es también asiático, no se encuentra en Siberia hoy en día como los haplogrupos A,C y D. Hoy día, y posiblemente también en el pasado, el haplogrupo B es común desde China central hacia el sureste en Indonesia, Polinesia y Micronesia. Un quinto haplogrupo indígena es el haplogrupo X. Este no se encuentra hoy en día en Asia, sino en Europa, y podría representar una migración independiente desde Europa vía Groenlandia al Nuevo Mundo. Hoy día dentro del Nuevo Mundo, el haplogrupo X se encuentra únicamente en América del Norte.

Los haplogrupos indígenas y sus marcadores, esas mutaciones que caracterizan los haplogrupos son: para el haplogrupo A, +663 *Haelll*, es decir una mutación que crea un sitio de restricción reconocido por la endonucleasa *Haelll* en la perla número 663, para el haplogrupo C, +13262 *Alul*, para el D, -5176 *Alul*, es decir, una mutación que elimina un sitio de restricción en la perla número 5176, y para el X +14465 *Accl*. El marcador del haplogrupo B es el único que no consiste de un cambio de restricción. Consiste de una delección de nueve perlas comenzando en la posición 8272, en una región de la molécula de ADNmt conocida como la región V.

La distribución de estos 5 haplogrupos en Puerto Rico fue la siguiente. De las 489 muestras de origen indígena, 255 (52.1%) pertenecieron al haplogrupo A, 175 (35.8%) al haplogrupo C, 42 (8.6%) al haplogrupo B, 17 (3.5%) al haplogrupo D y cero al haplogrupo X. Esta distribución estructurada en donde dos haplogrupos, específicamente los haplogrupos A y C, constituyen el 88% de las muestras indígenas es típica de las tribus del Nuevo Mundo. Es evidencia adicional de que la mayoría de los

ADNmTs de origen indígena en Puerto Rico se originan de una sola tribu que no puede haber sido otra que la local, la taína, porque de lo contrario no habríamos visto una distribución tan estructurada sino una más nivelada, con todos los haplogrupos representados en frecuencias comparables.

Concluimos que la gran mayoría de los taínos de Puerto Rico pertenecían a los haplogrupos A y C. Procedamos ahora a explorar las distintas rutas migratorias que pudieron dar origen a los taínos.

Estudios hechos con otras tribus en el continente demuestran una clara dicotomía entre los indios que ocupan la región que va desde el norte de Venezuela por el Amazonas hasta la Patagonia y los indios que ocupan la región al oeste de los Andes, Centroamérica y Norteamérica. De acuerdo a la teoría del Estrecho de Bering, los asentamientos del ser humano en el Nuevo Mundo se esparcieron de norte a sur. Ante este esquema, podemos vislumbrar en los Andes colombianos un gran obstáculo a la completa ocupación de América del Sur de parte de los indios que llegaban de Centroamérica. Pocos habrán sido los indios que cruzaron los Andes cuando los cruzaron para introducirse a la selva amazónica. En la biología evolucionaria, este tipo de evento se conoce como un evento fundador. Los eventos fundadores se caracterizan por ser susceptibles a deriva génica. La deriva génica aumenta la probabilidad de que ocurra un cambio dramático en la frecuencia de haplogrupos de una población cuando el tamaño de la población se reduce drásticamente. La reducción en el tamaño de la población que cruzó los Andes puede haber afectado la frecuencia de haplogrupos de esa población. Como consecuencia, mientras las poblaciones al oeste de los Andes

tienen al haplogrupo A como el más frecuente y al haplogrupo D como el menos frecuente, desde Venezuela hasta la Patagonia el haplogrupo A es el menos frecuente y el haplogrupo D el segundo más frecuente detrás del haplogrupo C. Las frecuencias de haplogrupos de la península de Florida y de México y Centroamérica son muy similares, pero marcadamente diferentes a la del Amazonas. La frecuencia de haplogrupos en Puerto Rico se asemeja más a las de Florida y México y Centroamérica en que el haplogrupo A es el más frecuente y el D el menos frecuente. Difiere tan sólo un poco en que el haplogrupo C es un poco más frecuente.

Aceptando que tanto la cultura saladoide como la huecoide tienen un origen suramericano, el presente esquema tiene dos explicaciones. Una es nuevamente la deriva génica. La ruta marítima a lo largo de las Antillas Menores podría haber sido acompañada de una reducción marcada en el tamaño de la población, ocasionando nuevamente un cambio drástico en la frecuencia de los haplogrupos de la población y produciendo una más parecida a la de Norte y Centroamérica que a la de la población original en Venezuela. La segunda explicación está basada en el principio del campo de la genética de poblaciones que dice que cuando una población migratoria llega a un lugar donde ya existe otra y compite con ella, la genética de la población nativa seguirá predominando. Bajo este esquema, el haplogrupo predominante, el A, pertenecería a la población original de Puerto Rico, la precerámica, que muy bien podría haberse originado en la península del Yucatán o de la Florida. El haplogrupo menor, el C, pertenecería a la cultura cerámica que llegó posteriormente desde Venezuela. Es

decir, los taínos serían el producto de una mezcla entre por los menos dos culturas indígenas ancestrales. La evidencia que estoy por mostrarles sugiere que la segunda explicación es la más probable.

Todo haplogrupo puede dividirse en dos subgrupos de acuerdo a la presencia o ausencia de un sitio de restricción *HaeIII* en la posición 16,517. Este sitio de restricción es hipermutable, por lo que tiene poco valor filogenético. Sin embargo, su valor filogenético debe ser mayor para las migraciones humanas en el Nuevo Mundo debido a lo reciente de estas migraciones.

El haplogrupo A puede dividirse en los grupos A1 y A2 de acuerdo a la presencia o ausencia del sitio de restricción *HaeIII* en la posición 16,517, respectivamente. La proporción de A1 sobre A2 en Puerto Rico es prácticamente idéntico tanto a la de la Florida como al de México y Centroamérica y distinto a la del Amazonas. La teoría de la deriva génica a través de las Antillas Menores tendría que explicar no solamente el distanciamiento de la frecuencia de grupos al del Amazonas, sino del casual acercamiento de la frecuencia de grupos a la frecuencia hallada en la Florida y en México-Centroamérica.

En contraste, un análisis similar con el haplogrupo C no revela ninguna tendencia. Puerto Rico es el único lugar de todos los estudiados donde el grupo C1 es más frecuente que el grupo C2.

Decidimos entonces estudiar al haplogrupo C más a fondo. Tomamos como punto de partida los extensos estudios que se han llevado a cabo en el laboratorio de Doug Wallace en la Universidad de Emory en Atlanta. Allí, la molécula de ADNmt completa ha sido analizada para 14 endonucleasas de restricción en 338 amerindios

pertencientes a 21 tribus del Nuevo Mundo. Estos 338 amerindios han incluido a 64 con ADNmt del haplogrupo C. Al hacer el análisis a los 64 del haplogrupo C, se pueden observar 25 ADNmts distintos conocidos como haplotipos. De estos 25 haplotipos, 21 son privados, es decir, se encuentran en tan sólo una de las 21 tribus, 2 haplotipos son casi privados, se encuentra cada uno en solamente 2 tribus amazónicas, y 2 haplotipos son cosmopolitas. Estos son AM32 que se encuentra en 7 tribus en Norte, Centro y Sur América, y AM43 que se encuentra en 4 tribus en Norte, Centro y Sur América. La única diferencia entre AM32 y AM43 está en la posición 16,517 *HaeIII*, por lo que se teoriza que AM32 fue el único haplotipo del haplogrupo C que cruzó el Estrecho de Bering. Poco después, la hipermutabilidad del sitio 16,517 *HaeIII* permitió la generación del haplotipo AM43 a partir de AM32 y ambos haplotipos se esparcieron rápidamente por todo el Nuevo Mundo antes de que surgieran mutaciones más estables. Cuando las mutaciones más estables surgieron, ya las tribus estaban formadas, y las restricciones sociales impuestas a casamientos intertribales limitó a los haplotipos generados por las mutaciones estables a una o muy pocas tribus cercanas. Así, los nuevos haplotipos permanecieron privados o casi privados.

Ante este trasfondo, nuestra meta fue analizar el ADNmt de 79 puertorriqueños pertenecientes al haplogrupo C para los 17 sitios de restricción en los cuales el laboratorio del doctor Wallace había encontrado variabilidad, además del sitio 16,517 *HaeIII*, con la esperanza de que surgiera algún haplotipo privado que nos pudiera precisar su origen a una tribu. Encontramos solamente un sitio de

restricción variable adicional, el 7013 *RsaI*. Procedimos entonces a analizar los restantes 96 ADNmts del haplogrupo C que habíamos encontrado para estos dos sitios de restricción y terminamos con solamente 3 haplotipos. Estos son 104 (59.4%) AM79, 67 (38.3%) AM32 y 4 (2.3%) AM43. AM32 y AM43 son los haplotipos fundadores del Nuevo Mundo que se encuentran tanto en Norte como en Centro y Sur América, por lo que no podemos precisar su procedencia. No así para AM79. AM79 ha sido encontrado en solamente dos tribus amazónicas: los yanomamos y los crajos. Hasta nuestro estudio, no había sido encontrado en ningún otro lugar del mundo, por lo que su presencia en Puerto Rico nos lleva a concluir sin temor a equivocarnos que la mayor parte del haplogrupo C de Puerto Rico tiene un origen amazónico. ¿De dónde vienen AM32 y AM43? No sabemos. Pero la evidencia que me presto a presentarles sugiere que llegaron a Puerto Rico mucho antes que AM79.

El ADNmt puede dividirse en dos regiones: una región codificante donde se encuentran todos sus genes y que mide 15,447 nucleótidos de largo y una región sin genes de unos 1122 nucleótidos. Dentro de la región sin genes tenemos dos regiones hipervariables de entre 300 y 400 nucleótidos cada una cuyas secuencias pueden proveernos de información muy valiosa si las analizamos utilizando el método de redes medianas. En este método, los haplotipos que surgen de las secuencias son representados por círculos de tamaño proporcional a la frecuencia en la población del haplotipo que representan. Los círculos o haplotipos son interconectados, y la relación entre un haplotipo y otro se representa con líneas entrecruzadas sobre las conexiones entre los círculos. Cada línea entrecruzada

representa una mutación entre un haplotipo y otro.

Secuenciamos ambas regiones hipervariables en 35 muestras del haplogrupo C, 21 de las cuales pertenecían a AM79, y 14 a AM32. Las diferencias son dramáticas en cuanto a la producción de haplotipos de secuencia y en cuanto a la distribución de los mismos. Las 21 muestras de AM79 producen solamente 4 haplotipos, mientras que los 14 de AM32 producen 7. En AM79 tenemos un haplotipo que representa a 18 muestras. De este haplotipo surgen los otros 3 haplotipos de AM79, cada uno representando a una sola muestra. En contraste AM32 se divide en dos grupos: uno de ellos está constituido por 8 muestras representadas en 6 haplotipos, y otro por 6 muestras representadas por un sólo haplotipo que se aparta del haplotipo más cercano por 7 mutaciones.

La interpretación es la siguiente. La simpleza de AM79 sugiere una migración reciente, pues no ha transcurrido suficiente tiempo para la acumulación de mutaciones que produzcan una red mediana compleja. Además, la ubicación en la red mediana del haplotipo que representa a 18 muestras, conectándose a los otros 3 haplotipos AM79 sugiere que es el haplotipo fundador de AM79. Aún más, su altísima frecuencia sugiere una expansión poblacional rápida, como la que podríamos esperar de una cultura agraria y cerámica que explota los recursos a su disposición más eficientemente.

AM32 se divide a su vez en dos grupos. Uno de ellos consiste de un sólo haplotipo que representa 6 muestras. Este debe corresponder a un haplotipo reciente pues no cuenta con haplotipos derivados. Posiblemente comigró con AM79 desde América del Sur, o quizás representa una

migración aún más reciente. En contraste, el segundo grupo de AM32 presenta una red mediana compleja que incluye a 6 haplotipos representando a tan sólo 8 muestras. Los 6 haplotipos se diferencian unos de otros por una sola mutación, mas no hay uno que ocupe una posición central claramente definida como en el caso de AM79. Esa es la manifestación de un grupo antiguo que no pudo lograr una expansión poblacional por mucho tiempo, lo que ocasionó la acumulación de haplotipos distintos sin que el fundador alcanzase altas frecuencias. Por la complejidad del grupo, este último grupo parece pertenecer a precerámicos muy antiguos, casi tan antiguos como los del haplogrupo A que veremos a continuación.

El laboratorio del doctor Wallace estudió la molécula completa de ADNmt para 120 amerindios del haplogrupo A en 21 tribus con 14 endonucleasas de restricción. Se generaron 35 haplotipos, 30 de los cuales fueron privados y 3 casi privados. Solamente dos fueron cosmopolitas: AM1 se encontró en 9 tribus en Norte, Centro y Sur América mientras que AM9 se encontró en 7 tribus en las mismas 3 grandes regiones geográficas. Nuevamente, la única diferencia entre AM1 y AM9 incide en la posición 16,517 *Haelll*, por lo que la teoría de un sólo fundador que cruzó el Estrecho de Bering que se levantó para el haplogrupo C también aplica para el haplogrupo A. Hicimos lo mismo que para el haplogrupo C con la esperanza de descubrir algún haplotipo privado o casi privado que nos pudiera precisar el origen de los ADNmts del haplogrupo A. Analizamos 53 muestras del haplogrupo A para todos los 21 sitios de restricción para los cuales el laboratorio de Wallace halló variables en ADNmts de este haplogrupo. Desafortunadamente, sólo se hallaron 2

haplotipos cosmopolitas, AM1 y AM9, por lo que no pudimos precisar su origen.

Procedimos entonces a secuenciar las regiones hipervariables dentro de la región del ADNmt que carece de genes. Esto fue hecho en 42 muestras del haplogrupo A. Los resultados producen 2 grupos principales. El primero compone la red mediana más compleja que hemos tenido, lo cual sugiere que representa a la ola migratoria más antigua. Contiene 2 haplotipos muy parecidos entre sí, pues se diferencian por sólo una mutación, que ocupan posiciones céntricas como haplotipos fundadores. De ambos se originan redes de complejidad similar, lo que sugiere que los dos haplotipos fundadores pertenecen a una misma ola migratoria. Uno de los haplotipos fundadores parece haberse expandido más que el otro, lo que sugiere que poco después de la migración hacia Puerto Rico uno predominó sobre el otro. Asociados a este gran grupo hay dos haplotipos representando cada uno una sola muestra que se separan de sus haplotipos más cercanos por tres mutaciones en un caso y por seis en otro. Estos deben representar migraciones postcolombinas a Puerto Rico. Finalmente, separado por cuatro mutaciones del grupo anterior, tenemos un segundo grupo con un grado de complejidad apenas mayor que el de AM79 del haplogrupo C. Sin embargo, el menor tamaño del haplotipo central de este grupo relativo a sus derivados sugiere que no disfrutó de la expansión poblacional que disfrutó AM79 tras su llegada a Puerto Rico y aumenta su edad estimada. No podemos concluir al presente si este segundo grupo pertenece a una migración cerámica menor o a una migración arcaica relativamente reciente. Estas preguntas sólo pueden ser

contestadas mediante estudios de los restos óseos de nuestros primeros pobladores.

Durante este fin de semana espero recolectar muestras en la República Dominicana con la intención de construir redes medianas de los distintos haplogrupos indígenas que encontraremos aquí. Hasta la fecha, sólo podemos decir que tuvimos la suerte de que un hermano dominicano pasó por nuestro laboratorio, nos donó una muestra de raíces de cabello y resultó pertenecer al haplogrupo A. La secuencia de bases de las regiones hipervariables lo sitúa cerca pero apartado de uno de los fundadores hipotéticos de la primera ola migratoria a Puerto Rico. Es decir, hay una relación con los haplotipos de Puerto Rico, pero menos estrecha de lo que hubiéramos esperado. Por supuesto, no es posible llegar a conclusiones para la población a base de una sola muestra.

Nuestras expectativas para la República Dominicana y las hipótesis en las cuales están basadas son las siguientes. Creemos que las olas migratorias que ocurrieron en tiempos precolombinos a La Española y a Puerto Rico deben haber sido las mismas o casi las mismas. Si esto es cierto, nuestra expectativa tiene que ser que al igual que en Puerto Rico, los haplogrupos A y C serán los predominantes en la República Dominicana. Además, creemos que la cultura arcaica fue más poderosa en La Española que en Puerto Rico por dos razones. La primera es simple. La Española es mucho más grande y con una mayor cantidad de recursos naturales explotables que Puerto Rico. La segunda es que los arcaicos deben haberse originado del Yucatán o de la Florida y por lo tanto deben haber colonizado a La Española antes que a Puerto Rico. Por otra parte, la cultura cerámica llegó a

Puerto Rico antes que a La Española. Si es verdad que los arcaicos en el Caribe están representados por el haplogrupo A y, dentro del haplogrupo C, también por el haplotipo AM32, mientras que la cultura cerámica está representada por el haplotipo AM79, entonces esperamos en la República Dominicana una frecuencia de AM79 menor que en Puerto Rico y en cambio una frecuencia mayor del haplogrupo A y del haplotipo AM32.

*Aquí tenemos un “footnote” a la ponencia del Dr. Juan Carlos Martínez Cruzado, un mensaje informal que nos envió por E-mail el 17 de noviembre. ¡Gracias, Doctor, para el permiso publicarlo! En el mensaje, habla de sus analices de las muestras que tomamos en los tres días después de la conferencia y una cantidad más que tomaba Lic. Arlene Alvarez, directora del Museo Regional de Altos de Chavón, con la ayuda de Aldofo López, un escolar independiente de España:*

Antes que nada, permítanme felicitarlas por haberse graduado con honores como colectores de material genético para la posteridad. Las muestras que mandó Arlene Alvarez están amplificando perfectamente bien. Gracias a ustedes, se vislumbra que va a haber mucho que decir sobre el ADN mitocondrial de la República Dominicana en el próximo Congreso de Arqueología.

Hasta el momento hemos hecho las pruebas para los tipos (haplogrupos) A, B, C y D a las 43 muestras que tomamos mientras estuve allá. También le hemos hecho la prueba de X (que es el único haplogrupo ausente en Puerto Rico) a 20 de ellas. Además, le hemos hecho la prueba de A a 32 de las muestras que envió Arlene.

Como historiadora, Lynne va a tener mucho trabajo. Parece que la incidencia de herencia indígena en la República Dominicana varía mucho con el lugar. Algo que comienza a verse evidente es que en los campos hay mucho más que en las metrópolis. Pero es posible que en los campos también haya bastante variabilidad. Los resultados finales podrían darnos una idea de en cuáles lugares se concentraron los taínos que se apartaron de los asentamientos españoles. Hay que tener buena memoria de los lugares donde se toman las muestras para poder encontrar cosas como topografía, vegetación, sembradíos, cercanía a lugares poblados que tengan estos lugares en común. Dos cosas

siempre hay que tener en mente:

- 1) las incidencias en los últimos 2 ó 3 siglos podrían haber borrado parcialmente alguna de las huellas genéticas dejadas por los taínos,
- 2) el ADN mitocondrial sólo detecta migraciones de mujeres.

Hay un consenso general en Puerto Rico que los barrios conocidos como las Indieras en Maricao tienen la mayor ascendencia indígena en Puerto Rico. Sin embargo, la incidencia de ADN mitocondrial indígena en las Indieras no es mayor que la de cualquier otro lugar que ubique en Puerto Rico fuera de su tercera parte oriental. Claramente, la diferencia genética entre las Indieras y la mayor parte del resto de Puerto Rico debe radicar en la herencia por vía paterna. En los lugares que no sirvieron de refugio a los taínos, los varones fueron neutralizados genéticamente pero no las mujeres. La diferencia en los refugios es que los varones pudieron también procrear para las siguientes generaciones.

Hasta ahora, hemos identificado 15 muestras indígenas en la República Dominicana, 12 de las cuales han sido A y 3 han sido C. El mejor lugar hasta el momento ha sido Tubagua, que fue donde primero paramos en el camino de Los Cocos a Santiago [el camino montañoso que se llama la Ruta Turística]. De 7 muestras que tomamos allí, 4 salieron indígenas: 2 A y 2 C. Un lugar que podría ganarle a Tubagua es El Seibo. Allí sólo hemos hecho la prueba de A para 9

muestras y ya 3 salieron positivas. Todavía falta hacerles la prueba para C. Otro lugar bueno fue Yásica, el segundo sitio en que paramos en el Camino de Los Cocos a Santiago. De 7 muestras que tomamos allí, salieron 3 indígenas (2 A y 1 C). El siguiente mejor sitio fue Monción. De 10 muestras que tomamos allí, 3 salieron indígenas, todas A. Puede que San José de las Matas termine mejor que Monción. Allí hemos hecho la prueba de A solamente, y 1 de 7 salió positiva. La muestra indígena restante fue la única que obtuvimos de Los Cocos de un total de 10 muestras. Salió A. En blanco se fueron las 3 muestras que tomó Lynne en San Juan de la Maguana y las 6 muestras que tomamos en Santo Domingo. También hicimos la prueba de A para 16 muestras de La Romana y ni una sola dio positivo. Eso sugiere que ciudades grandes costeras meridionales como Santo Domingo tienen poca incidencia. A mí me parece que sin embargo Santiago de Los Caballeros podría tener una incidencia mucho mayor. Tratándose de una ciudad grande, sería bastante significativo. Les seguiré informando.

## AUTOR

**Dr. Juan Carlos Martínez Cruzado**, puertorriqueño, es profesor del Departamento de Biología, Recinto Universitario de Mayagüez, Universidad de Puerto Rico. Su método de análisis detallado de ADN mitocondriales nos da nuevas informaciones sobre las migraciones de los indígenas al Caribe y sobre la herencia taína hoy en día.

E-mail: [ju\\_martinez@rumac.uprm.edu](mailto:ju_martinez@rumac.uprm.edu)

## CITACIONES

Favor de citar este artículo en la manera siguiente:

Martínez Cruzado, Juan C. (2002). El uso del ADN mitocondrial para descubrir las migraciones precolombinas al Caribe: Resultados para Puerto Rico y expectativas para la República Dominicana. KACIKE: Revista de la historia y antropología de los indígenas del Caribe [Revista electrónica], Edición Especial, Lynne Guitar, redactora. Disponible en: <http://www.kacike.org/MartinezEspanol.pdf> [Fecha del acceso: día, mes, año].