

**UNIVERSIDAD DE CIENCIAS Y
ARTES DE CHIAPAS**

FACULTAD DE INGENIERÍA

TESIS

**ESTUDIO GENÉTICO Y CULTURAL DEL
GRUPO OTOMANGUE EN LA REGIÓN
ISTMO-COSTA Y DEPRESIÓN CENTRAL
DEL ESTADO DE CHIAPAS**

QUE PARA OBTENER EL GRADO DE:

**MAESTRO EN CIENCIAS EN
DESARROLLO SUSTENTABLE Y
GESTIÓN DE RIESGOS**

PRESENTA

LEIDY DOMÍNGUEZ MOLINA

DIRECTORES

DR. EDUARDO E. ESPINOZA MEDINILLA

DR. CARLOS URIEL DEL CARPIO PENAGOS



TUXTLA GUTIÉRREZ, CHIAPAS.

NOVIEMBRE, 2021

UNIVERSIDAD DE CIENCIAS Y ARTES DE CHIAPAS

**INSTITUTO DE POSGRADOS
MAESTRÍA EN DESARROLLO SUSTENTABLE Y GESTIÓN DE
RIESGOS**

TESIS

**ESTUDIO GENÉTICO Y CULTURAL DEL GRUPO
OTOMANGUE EN LA REGIÓN ISTMO-COSTA Y
DEPRESIÓN CENTRAL DEL ESTADO DE CHIAPAS**

PRESENTA

LEIDY DOMÍNGUEZ MOLINA

DIRECTOR

DR. EDUARDO E. ESPINOZA MEDINILLA

**PROFESOR-INVESTIGADOR
UNICACH**

CODIRECTOR

DR. CARLOS URIEL DEL CARPIO PENAGOS

**PROFESOR-INVESTIGADOR
UNICACH**

ASESOR

**DR. ROBERTO LÓPEZ BRAVO
PROFESOR-INVESTIGADOR
UNICACH**

ASESORA

**M. EN C. CHRISTIAN RUIZ CASTILLEJOS
UNICACH**



TUXTLA GUTIÉRREZ, CHIAPAS.

NOVIEMBRE, 2021



UNIVERSIDAD DE CIENCIAS Y ARTES DE CHIAPAS

DIRECCIÓN GENERAL DE INVESTIGACIÓN Y POSGRADO

Tuxtla Gutiérrez, Chiapas a 17 de noviembre de 2021

Oficio No. DGIP/886/2021

Asunto: Autorización de impresión de tesis

C. Leidy Domínguez Molina
Candidata al Grado de Maestra en Ciencias en
Desarrollo Sustentable y Gestión de Riesgos
Facultad de Ingeniería
UNICACH
Presente

Con fundamento en la **opinión favorable** emitida por escrito por la Comisión Revisora que analizó el trabajo terminal presentado por usted, denominado **Estudio Genético y Cultural del Grupo Otomangue en la Región Istmo-Costa y Depresión Central del Estado de Chiapas** cuyo director de tesis es el Dr. Eduardo Estanislao Espinoza Medinilla, quien avala el cumplimiento de los criterios metodológicos y de contenido; esta Dirección General a mi cargo **autoriza** la impresión del documento en cita, para la defensa oral del mismo, en el examen que habrá de sustentar para obtener el **Grado de Maestra en Ciencias en Desarrollo Sustentable y Gestión de Riesgos**.

Es imprescindible observar las características normativas que debe guardar el documento impreso, así como realizar la entrega en esta Dirección General de un ejemplar empastado.

ATENTAMENTE
"POR LA CULTURA DE MI RAZA"

DRA. CAROLINA ORANTES GARCÍA
DIRECTORA GENERAL



DIRECCIÓN GENERAL DE
INVESTIGACIÓN Y POSGRADO

C.c.p. Ing. Mónica Catalina Cisneros Ramos, Directora de la Facultad de Ingeniería, UNICACH. Para su conocimiento.
Dr. Arturo Carrillo Reyes, Coordinador del Posgrado, Facultad de Ingeniería, UNICACH. Para su conocimiento.
Expediente

*COG/eco/igp/gtr



Dirección General de
Investigación
y Posgrado

2021, Año de la Independencia

Dirección General de Investigación y Posgrado
Libramiento Norte Poniente No. 1150
Colonia Lajas Maciel, CP 29039,
Tuxtla Gutiérrez, Chiapas.
Tel (961)6170440 Ext.4360
investigacionyposgrado@unicach.mx

DEDICATORIA

La presente Tesis, realizado con mucho esfuerzo y dedicación, se la dedico principalmente a Dios por acompañarme siempre en mi vida, en los pasos que doy y que nunca me deja sola, ya que gracias a él he logrado concluir mi maestría.

A mi madre Leidde Molina, que tanto amo. Por todo el amor y el cariño incondicional que siempre me ha brindado. Reconozco de esta forma los sacrificios que ha hecho por mi hermana y por mí, y sé que no hay una mamá tan fuerte y comprometida como ella, porque para mí es única. Te dedico y agradezco de todo corazón este proyecto, que tú sabes cuánto me costó, pero que logré terminarla gracias a tu apoyo y tus consejos para hacer de mí una mejor persona.

A mi padre Daniel Domínguez, que últimamente ha estado más presente en mi vida y que amo a pesar de todo. Gracias por tu apoyo incondicional y por orientarme a creer en mí, para poder salir adelante.

A mi hermana Martha Daniela Domínguez, por sus palabras de aliento en seguir adelante y no rendirme. Por ser mi ejemplo a seguir, aunque yo sea la mayor, la admiro mucho como persona. Gracias por estar en mi vida, ya que no sería lo mismo sin ti. Te amo hermanita.

A mi novio, pareja, confidente Fernan J. Méndez, por su amor, su confianza, por todas las porras y motivaciones para salir adelante en este proyecto, porque su ayuda ha sido fundamental y ha estado conmigo incluso en los momentos más turbulentos y difíciles para mí. Quién a lo largo de este tiempo juntos ha deseado siempre lo mejor para mí y nunca ha faltado en los momentos cruciales de mi vida. Va dedicada a ti también mi amor, Te amo.

A mis amigos, compañeros y todas aquellas personas que de una u otra manera han contribuido para el logro de este proyecto. A todos ellos, dedico el presente trabajo, porque han fomentado en mí, el deseo de superación y de triunfo en la vida. Espero contar siempre con su valioso e incondicional apoyo.

LEIDY DOMÍNGUEZ MOLINA

AGRADECIMIENTOS

Agradezco a Dios por haberme otorgado una familia maravillosa, quienes han creído en mí siempre, dándome ejemplo de superación, humildad y sacrificio; enseñándome a valorar todo lo que tengo y a no rendirme nunca.

Dr. Eduardo Espinoza Medinilla, muchísimas gracias por el apoyo incondicional y la confianza que depositó en mí para el término de este proyecto. Agradezco de corazón su tiempo, sus enseñanzas, su paciencia y la amabilidad con la que me trató siempre. Lo admiro mucho como persona y quiero que sepa que podrá contar conmigo, así como sé que podré contar con usted siempre.

Dr. Carlos Uriel Del Carpio Penagos, gracias por su tiempo y enseñanzas para finalizar este proyecto, me dio mucho gusto conocerlo y saber que puedo contar con su apoyo.

Dr. Roberto López Bravo, gracias por el apoyo brindado en la colaboración de este proyecto, por su tiempo y sus correcciones.

Mtra. Christian Ruiz Castillejos, gracias por tus consejos, por la ayuda en este proyecto y siempre darme ánimos para concluirlo. Has estado conmigo no solo en lo laboral, sino también me has brindado una bonita amistad que espero dure muchos años más, recuerda que tú ya formas parte de esas amistades que se cuentan con los dedos, ¡te quiero!

Mtra. Nancy Gabriela Santos H, por todo el conocimiento dado y sus aportaciones a este proyecto, así como también la ayuda para la realización de la red de haplogrupos.

Al Dr. Moises Hussein Chávez, le agradezco el apoyo brindado en las observaciones y sugerencias para mejorar la Tesis, así como también en la ayuda de búsqueda de alumnos que tuvieran el perfil buscado para el proyecto.

Le agradezco al Lic. Irving Omar de los Santos Hernández, coordinador de la subselección Acapetahua de la Universidad de Ciencias y Artes de Chiapas, por

permitirme realizar mis actividades de búsqueda de alumnos de acuerdo a los criterios de inclusión para la realización de la Tesis.

También quiero agradecer a todas esas personas encuestadas de los 12 municipios de Chiapas, que me abrieron sus puertas y me brindaron su confianza para tomarles las muestras biológicas, sin ellos este proyecto no hubiera iniciado.

Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT) por la beca otorgada con número (CVU/Becario): 859786/628020; que fue de gran importancia para el desarrollo de la tesis de maestría en el programa Maestría en ciencias en Desarrollo Sustentable y Gestión de Riesgos en la Universidad de Ciencias y Artes de Chiapas.

Al laboratorio de “Ecología Evolutiva” de la Universidad de Ciencias y Artes de Chiapas por el espacio otorgado, así como también prestarme los instrumentos y reactivos necesarios para la realización de la Tesis de maestría.

Finalmente, gracias a la vida por este nuevo triunfo, gracias a todas las personas que me apoyaron y creyeron en la realización de esta tesis.

¡Muchas gracias!

TABLA DE CONTENIDOS

RESUMEN

1. INTRODUCCIÓN	1
2. MARCO TEÓRICO	4
3. ANTECEDENTES.....	17
4. OBJETIVOS	21
5. HIPÓTESIS	21
6. METODOLOGÍA GENERAL	22
7. CAPÍTULO 1. ESTUDIO SOCIOCULTURAL: PLANTAS Y ANIMALES.....	26
7.1 MÉTODO CULTURAL	26
7.2 RESULTADOS CULTURALES.....	28
7.3 DISCUSIÓN	44
7.4 CONCLUSIÓN	56
8. CAPÍTULO 2. ESTUDIO DEL LINAJE MITOCONDRIAL EN CHIAPAS.....	57
8.1 MÉTODO GENÉTICO	57
8.2 RESULTADOS GENÉTICOS	62
8.3 DISCUSIÓN.....	73
8.4 CONCLUSIÓN	78
9. DISCUSIÓN Y CONCLUSIÓN FINAL	79
10. LITERATURA CITADA	81
11. ANEXOS	100
12. PRODUCTOS	113

FIGURAS

FIGURA 1. MAPA DE MESOAMÉRICA QUE INDICA LA LOCALIZACIÓN APROXIMADA DE LOS TERRITORIOS DONDE SE HAN HABLADO LENGUAS OTOMANGUES. HTTPS://ES.WIKIPEDIA.ORG/WIKI/LENGUAS_OTOMANGUES	5
FIGURA 2. MAPA DE DISTRIBUCIÓN DEL GRUPO OTOMANGUE, MOSTRANDO LAS DIFERENTES FAMILIAS EN MESOAMÉRICA DEL NORTE Y CENTRO (CHÁVEZ-PEÓN, 2014). SIN EMBARGO, NO MUESTRA LA DISTRIBUCIÓN DE LOS SUBTIABAS Y MANGUES, QUE SE UBICAN EN CHIAPAS, NICARAGUA Y PENÍNSULA DE NICOYA, EN COSTA RICA.	6
FIGURA 3. CLASIFICACIÓN DEL TRONCO OTOMANGUE SEGÚN KAUFMAN, (1974). LAS LENGUAS CON UN SIGNO (+), SIGNIFICA QUE YA ESTÁ EXTINTA.	7
FIGURA 4. LÍMITE TERRITORIAL DE LOS CHIAPANECAS EN EL ESTADO DE CHIAPAS, EN DONDE SE ENCIERRAN CON ROJO LOS MUNICIPIOS DONDE SE DISTRIBUYERON (NAVARRETE, 1966).	8
FIGURA 5. GENOMA MITOCONDRIAL HUMANO (ADN _{MT}). A. MOLÉCULA CIRCULAR DE DOBLE CADENA ESTRUCTURADO POR LA CADENA PESADA (OH) Y LIGERA (OL), ASÍ COMO LAS SUBUNIDADES QUE CODIFICAN AL SISTEMA. B. REGIÓN DE CONTROL PRINCIPAL DEL ADN _{MT} HUMANO CONOCIDO COMO D-LOOP. (COPELAND, 2002). ...	14
FIGURA 6. MAPA DE MIGRACIÓN EN EL MUNDO DEL ADN _{MT} HUMANO DE ACUERDO A LOS RFLP DE ALTA RESOLUCIÓN UTILIZADOS DDE I 10394/ ALU I 10397, QUE SON REPRESENTADOS POR LOS SÍMBOLOS +/-, ++ Y -/- CON UNA TAZA DE MUTACIÓN DE 2.2 – 2.9% (LOTT, 2019).	16
FIGURA 7. MAPA DEL ÁREA DE MUESTREO EN LOS MUNICIPIOS DEL ISTMO-COSTA Y DEPRESIÓN CENTRAL DE CHIAPAS Y UN GRUPO CONTROL PERTENECIENTE A LOS OTOMANGUES EN UN MUNICIPIO DE OAXACA. QGIS VERSIÓN 2.18 POR ALEJANDRO VÁZQUEZ.	25
FIGURA 8. <i>C. CUJETE</i> USADA COMO VASO CON POZOL O PUMPO PARA LLEVAR AGUA.	36
FIGURA 9. VENTA DE CURTIDO.	37
FIGURA 10. IMAGEN DE LA IZQUIERDA SE PUEDE OBSERVAR LA IGUANA USADA PARA LA DANZA DEL CHAMULA Y EN LA IMAGEN DE LA DERECHA ES EL MONUMENTO CORPUS CRISTO “DANZA DEL CALALÁ” EN EL MUNICIPIO DE SUCHIAPA. CHIAPAS.	41
FIGURA 11. CAPARAZÓN DE ARMADILLO.	42
FIGURA 12. VISUALIZACIÓN DE EXTRACCIÓN DEL ADN EN GEL DE AGAROSA AL 1% P/V DE ALGUNOS INDIVIDUOS DE LAS LOCALIDADES DE ARRIAGA, TONALÁ, OAXACA Y PIJIAPAN.	58
FIGURA 13. VISUALIZACIÓN DE LA AMPLIFICACIÓN DE ADN GENÓMICO EN GEL AGAROSA AL 2% CON LADDER DE 100 PB.	59
FIGURA 14. SECUENCIAS ALINEADAS DE LOS INDIVIDUOS DEL ISTMO COSTA Y DEPRESIÓN CENTRAL DE CHIAPAS.	60
FIGURA 15. ÁRBOL FILOGENÉTICO BASADO EN MODELO DE 2 PARÁMETROS DE KIMURA Y EL ALGORITMO MÁXIMA VEROSIMILITUD; EL NÚMERO EN LOS NODOS CORRESPONDE A LOS VALORES DE SOPORTE BOOTSTRAP. EN EL QUE SE OBSERVAN 6 HAPLOGRUPOS PRINCIPALES.	64

FIGURA 16. ÁRBOL FILOGENÉTICO BASADO EN MODELO DE 2 PARÁMETROS DE KIMURA Y EL ALGORITMO MÁXIMA VEROSIMILITUD; EL NÚMERO EN LOS NODOS CORRESPONDE A LOS VALORES DE SOPORTE BOOTSTRAP. EN EL QUE SE OBSERVAN INDIVIDUOS DE CHIAPAS Y NICARAGUA.	65
FIGURA 17. ÁRBOL FILOGENÉTICO BASADO EN MODELO DE 2 PARÁMETROS DE KIMURA Y EL ALGORITMO MÁXIMA VEROSIMILITUD; EL NÚMERO EN LOS NODOS CORRESPONDE A LOS VALORES DE SOPORTE BOOTSTRAP. ANÁLISIS CON POCOS INDIVIDUOS DE CHIAPAS Y NICARAGUA.	66
FIGURA 18. RED DE HAPLOTIPOS DEL ADN MITOCONDRIAL REGIÓN DLOOP CONSTRUIDA A PARTIR DE 85 HAPLOTIPOS OBTENIDOS DE DOS REGIONES GEOGRÁFICAS DIFERENTES Y 12 MUNICIPIOS DEL ESTADO DE CHIAPAS POR EL MÉTODO MEDIAN-JOINING EN EL PROGRAMA NETWORK 6.0. EL CÍRCULO VERDE ES EL GRUPO A Y EL CIRCULO AZUL REPRESENTA AL GRUPO B.	68

GRÁFICAS

GRÁFICA 1. GRÁFICA DE BARRAS DEL NIVEL DE ESTUDIO POR GÉNERO DE LA POBLACIÓN DE ESTUDIO DE CHIAPAS.	29
GRÁFICA 2. GRÁFICA DE PASTEL QUE INDICA LA LENGUA MATERNA HABLANTE DE LAS PERSONAS ENTREVISTADAS EN LA POBLACIÓN DE CHIAPAS.	30
GRÁFICA 3. GRÁFICA DE BARRAS QUE INDICA EL PADECIMIENTO DE ALGUNA ENFERMEDAD CRÓNICA DE LA POBLACIÓN DE ESTUDIO.	31
GRÁFICA 4. GRÁFICA DE BARRAS QUE INDICA LA MORTALIDAD DE LA POBLACIÓN DE ESTUDIO DE CADA MUNICIPIO.	31
GRÁFICA 5. GRÁFICAS DE BARRAS DEL NOMBRE COMÚN CON QUE LO CONOCEN LAS PLANTAS ENCUESTADAS EN LA POBLACIÓN DE ESTUDIO, EN DONDE 1) CRESCENTIA CUJETE, 2) BYRSONIMIA CRASSIFOLIA, 3) CEIBA PENTANDRA, 4) SPONDIA Y 5) PLUMERIA RUBRA.	34
GRÁFICA 6. GRÁFICA DE BARRAS DEL USO DE LA CEIBA PENTANDRA EN LA POBLACIÓN DE ESTUDIO DE CHIAPAS.	38
GRÁFICA 7. GRÁFICA DE BARRAS DEL USO DE PLUMERIA RUBRA EN LA POBLACIÓN DE ESTUDIO DE CHIAPAS.	39

TABLAS

TABLA 1. ESTADÍSTICOS DE EDAD EN LA POBLACIÓN DE ESTUDIO DE CHIAPAS	28
TABLA 2. PORCENTAJE DE ENCUESTADOS POR MUNICIPIO EN LA POBLACIÓN DE ESTUDIO DE CHIAPAS. * PERSONAS QUE VIVEN EN LA COMUNIDAD SIN DEFINIR SU ORIGEN.	28
TABLA 3. CONOCIMIENTO DE LAS PLANTAS RELACIONADA A LA CULTURA OTOMANGUE EN LA POBLACIÓN DE ESTUDIO.	33
TABLA 4. PORCENTAJE TOTAL DE USOS DE LA FLORA EN LA POBLACIÓN DE ESTUDIO DE CHIAPAS.	35

TABLA 5. CONOCIMIENTO DE LOS ANIMALES RELACIONADOS A LA CULTURA OTOMANGUE EN LA POBLACIÓN DE ESTUDIO.	40
TABLA 6. PORCENTAJE TOTAL DE USOS DE LA FLORA EN LA POBLACIÓN DE ESTUDIO DE CHIAPAS.	41
TABLA 7. PADECIMIENTOS TRATADOS CON PLANTAS Y ANIMALES USADOS COMO MEDICINA TRADICIONAL EN LAS COMUNIDADES DE LA DEPRESIÓN CENTRAL Y COSTA DE CHIAPAS.	43
TABLA 8. DISTANCIAS GENÉTICAS DE LA POBLACIÓN DE ESTUDIO DE CHIAPAS BAJO EL MODELO 2 PARÁMETRO DE KIMURA. LA DISTANCIA GENÉTICA MÁS CERCANA ES DE 0.00.	70

RESUMEN

Los avances de la genética humana en el estudio de las variaciones del Ácido desoxirribonucleico mitocondrial (ADN_{MT}), han aportado información a la biología evolutiva; permitiendo estudiar el origen, la dinámica y reconstrucción de las filogenias humanas.

En particular, para dar respuesta molecular a las interrogantes del origen y evolución del pueblo de los chiapanecas (de la familia *otomangue*), el presente trabajo llevó a cabo un análisis genético de 104 individuos de un total de 218, de 12 localidades del estado de Chiapas: 6 municipios de la región Istmo-costa (Arriaga, Tonalá, Pijijiapan, Escuintla, Villa Comaltitlán) y 6 municipios de la Depresión Central (Acala, Chiapa de Corzo, Chiapilla, Totolapa, Suchiapa, Villa Flores y Jiquipilas). Como grupo control se obtuvieron muestras de una localidad de habla zapoteca, en Juchitán, Oaxaca. Paralelamente a la obtención de muestras biológicas se aplicó una encuesta para recolectar información sobre el conocimiento y uso del hábitat y los recursos naturales entre la población muestreada; concretamente sobre su conocimiento y uso de nance (*Byrsonima crassifolia*), jocote (*Spondias sp.*) morro (*Crescentia cujete*), flor de mayo (*Plumeria rubra*), ceiba (*Ceiba pentandra*), iguana (*Iguana sp.*), guardabarranco (*Momotus sp.*) y armadillo (*Dasypus novemcinctus*), éste último originalmente no estaba considerada, pero fue ampliamente referida por los individuos entrevistados.

El objetivo del estudio fue determinar la estructura genética de las poblaciones que habitan el corredor Istmo-costa y Depresión Central del estado de Chiapas, tratando de identificar la presencia significativa de individuos pertenecientes al grupo lingüístico y cultural denominado *otomangue*, correlacionando características biológicas de la población muestreada, con los datos culturales arrojados por la encuesta.

Según las investigaciones en antropología e historia, los *otomangues* pudieron haber migrado del norte hacia el sur de Mesoamérica, pasando por el estado de Chiapas, a través de dos rutas que pueden formar grupos genéticos y

culturales afines. Una de las rutas siguió, a partir del Istmo de Tehuantepec por el corredor costero del Pacífico, y la otra, a partir del mismo punto se internó por la Depresión Central de Chiapas. En ambas, el ecosistema predominante es el llamado Bosque Seco del Pacífico o Selva Baja Caducifolia, el cual se extiende hasta la Península de Nicoya, en la provincia de Guanacaste, Costa Rica. Los siglos transcurridos en estos desplazamientos debieron desarrollar una estrecha relación entre las personas y su hábitat, de tal manera que este conocimiento debe reflejarse en la cultura del grupo en cuestión. Nuestro estudio explorará si existe una correlación entre ser otomangue en términos biológicos y el conocimiento y uso del ecosistema denominado Selva Baja Caducifolia o Bosque Seco del Pacífico.

En cuanto a los resultados culturales a partir de encuestas analizadas en el programa estadístico SPSS. Se obtuvo que debido al mestizaje actual que presenta la población chiapaneca, revelaron una conexión importante no solo con la cultura de la familia otomangue si no también otras familias lingüísticas como los *maya* y *mixe-zoque*. Además, la población chiapaneca demostró tener un conocimiento empírico para el uso de las plantas y animales, siendo el uso medicinal el más frecuente.

Por otro lado, en cuanto a la parte genética se logró la extracción y amplificación de ADN de 218 muestras, de los cuáles se purificaron y secuenciaron 104 muestras con 852 pb cada una, en el que se obtuvieron tres árboles filogenéticos y una red de haplogrupos. Como resultado de los árboles filogenéticos, del primer árbol se obtuvo 6 haplotipos, resultando una alta hibridación o mestizaje de los individuos tanto de la costa como la depresión central de Chiapas. Los otros dos árboles resultaron de la comparación del trabajo de Espinoza y colaboradores (2018) con individuos de Nicaragua, ya que a partir de esta investigación resultó el presente trabajo. Estos análisis confirmaron la estrecha relación genética que hay con los individuos de Chiapas y Nicaragua a pesar de la distancia geográfica.

La red de haplogrupos muestra que la mayoría de los individuos de Chiapas se encuentran bien conservados genéticamente y que la distancia genética que hay entre ellos (0.000), tanto en individuos de la costa y depresión central de Chiapas, es casi nula a pesar de la distancia geográfica, genéticamente son similares. Sin embargo, se requiere otras investigaciones genéticas como el linaje patrilineal para tener un panorama más completo de la población Chiapaneca.

Con ambos tipos de información se logró establecer la relación genética y cultural entre las poblaciones de la costa y la Depresión Central de Chiapas, e inferir la ruta migratoria que utilizaron para llegar al sur de Mesoamérica.

Palabras claves: Otomangues, genética humana, ADN_{MT}, región D-loop, árboles filogenéticos, redes de haplotipos.

Abstract

Advances in human genetics in the study of mitochondrial deoxyribonucleic acid (MTDNA) variations have contributed information to evolutionary biology; study the origin, dynamics and reconstruction of human phylogenies.

In particular, to give a molecular answer to the questions of the origin and evolution of the people of Chiapas (of the *otomangue* family), the present work carried out a genetic analysis of 106 individuals out of a total of 218, from 12 localities of the state of Chiapas: 6 municipalities of the Isthmus-Costa region (Arriaga, Tonalá, Pijijiapan, Escuintla, Villa Comaltitlán) and 6 municipalities of the Central Depression (Acala, Chiapa de Corzo, Chiapilla, Totolapa, Suchiapa, Villa Flores and Jiquipilas). As a control group, samples were obtained from a Zapotec-speaking locality, in Juchitán, Oaxaca. Parallel to obtaining biological samples, a survey was applied to collect information on the knowledge and use of habitat and natural resources among the sampled population; specifically on his knowledge and use of nance (*Byrsonima crassifolia*), jocote (*Spondias sp.*) morro (*Crescentia cujete*), May flower (*Plumeria rubra*), ceiba (*Ceiba pentandra*), iguana (*Iguana sp.*),

guardabarranco (*Momotus sp.*) and armadillo (*Dasypus novemcinctus*), which was not initially considered, but was widely referred to by the individuals interviewed.

The objective of the study was to determine the genetic structure of the populations that inhabit the Isthmus-coast and Central Depression corridor of the state of Chiapas, trying to identify the significant presence of individuals belonging to the linguistic and cultural group called *otomangue*, correlating biological characteristics of the population sampled, with the cultural data produced by the survey.

According to research in anthropology and history, the Otomangues may have migrated from the north to the south of Mesoamerica, passing through the state of Chiapas, through two routes that can form related genetic and cultural groups. One of the routes continued, from the Isthmus of Tehuantepec through the Pacific coastal corridor, and the other, from the same point, entered the Central Depression of Chiapas. In both, the predominant ecosystem is the so-called Pacific Dry Forest or Deciduous Forest, which extends to the Nicoya Peninsula, in the province of Guanacaste, Costa Rica. The centuries that have elapsed in these movements must have developed a close relationship between people and their habitat, in such a way that this knowledge must be reflected in the culture of the group in question. Our study will explore whether there is a correlation between being Ottoman in biological terms and the knowledge and use of the ecosystem called the Lower Deciduous Forest or the Pacific Dry Forest.

Regarding the cultural results from surveys analyzed in the SPSS statistical program. It was obtained that due to the current miscegenation that the Chiapas population presents, they revealed an important connection not only with the culture of the Otomangue family but also other linguistic families such as the Mayans and Mixe-Zoque. In addition, the Chiapas population demonstrated to have an empirical knowledge for the use of plants and animals, being the medicinal use the most frequent.

On the other hand, regarding the genetic part, the extraction and amplification of DNA from 218 samples was achieved, from the results 104 samples were purified and sequenced with 852 bp each, in which three

phylogenetic trees and a network of haplogroups were obtained. As a result of the phylogenetic trees, 6 haplotypes were obtained from the first tree, resulting in high hybridization or miscegenation of individuals from both the coast and the central depression of Chiapas. The other two trees resulted from the comparison of the work of Espinoza and collaborators (2018) with individuals from Nicaragua, since the present work resulted from this research. These analyzes confirm the close genetic relationship that exists with the individuals of Chiapas and Nicaragua despite the geographical distance.

The network of haplogroups shows that the majority of individuals in Chiapas are genetically well conserved and that the genetic distance between them (0.000), both in individuals from the coast and central depression of Chiapas, is almost nil despite the geographical distance, genetically they are similar. However, other genetic investigations such as the patrilineal lineage are required to have a more complete picture of the chiapaneca population.

With both types of information, it was possible to establish the genetic and cultural relationship between the populations of the coast and the Central Depression of Chiapas, and to infer the migratory route they used to reach southern Mesoamerica.

Keywords: Otomangues, human genetics, MTDNA, D-loop region, phylogenetic trees, haplotype networks

1. INTRODUCCIÓN

México es un país multicultural y pluriétnico con una riqueza lingüística de más de 200 lenguas pertenecientes a once familias diferentes, razón por la cual ocupa el quinto lugar dentro de los países con mayor diversidad de lenguas. El área que más destaca en el país es la mesoamericana, ya que cuenta con cinco familias lingüísticas que contienen las lenguas *yuto azteca*, *otomangue*, *totonaca*, *mixe-zoque* y *maya* (Chamoreau, 2014). Del país, los estados con mayor diversidad lingüística son Oaxaca, Chiapas, Veracruz y Guerrero (De Ávila, 2004); además, las lenguas que cuentan con el mayor número de hablantes son el *náhuatl*, *maya*, *zapoteco*, *mixteco* y *otomí* (CDI, 2014).

El grupo *otomangue* es la familia lingüística con mayor historia en México y Centroamérica, siendo también la más diversa y representada por al menos dieciocho etnias nativas mexicanas (aproximadamente 2 millones de hablantes) difundidas principalmente en Mesoamérica y extendiéndose desde la periferia norte (pames de San Luis Potosí) hasta el extremo sur, donde se hablaba chiapaneca, una lengua extinta, y el occidente de Nicaragua y noroeste de Costa Rica (De Ávila, 2004). Está constituida por ocho ramas: *mixteca*, *popoloca*, *mangue-chiapaneca*, *otopame*, *zapoteca*, *chinanteca*, *amuzga* y *tlapaneca-subtiaba*, que en México se extienden desde el centro norte (*otomí* y *pame*) hasta Chiapas (*chiapaneca*) y se prolongan a la frontera de Nicaragua- Costa Rica (*subtiaba* y *mangue*) (Campbell, 2017b; Espinoza *et al.*, 2018).

Los hablantes de *chiapaneca* se asentaron en la Depresión Central de Chiapas y, como indican las fuentes coloniales también habitaron en “el desierto del Soconusco” (Lothrop, 1998:10), es decir, el área correspondiente a los municipios de Tonalá y Arriaga, en el corredor costero de Chiapas. La familia lingüística de los *otomangue*, es considerada una lengua de gran importancia histórica, social y política para Chiapas, que incluso le da nombre al estado. Aunque esta lengua se extinguió a finales del siglo XIX, sobreviven toponimias, nombres patronímicos, como fiestas y rituales tanto en Chiapas como en Nicaragua (Del Carpio y Álvarez, 2014; Espinoza *et al.*, 2018).

La extinción de las poblaciones puede deberse a múltiples movimientos migratorios que han provocado pérdida de patrimonio cultural, expresado en conocimientos, costumbres, domesticación de animales y lengua; así como las transformaciones e interacciones que tuvo el pueblo chiapaneca al establecerse en los territorios discontinuos desde Oaxaca hacia Chiapas, yendo hacia al sur de Mesoamérica (Moreno, 2006; Salgado y Fernández-León, 2011).

Por otro lado, es importante mencionar que la reconstrucción de los datos migratorios en el país es un proceso lento y complicado, y no hay muchas investigaciones sobre ello. Es por ello que se requiere de una herramienta molecular como el análisis de ADN mitocondrial (ADN_{MT}), que se encuentra específicamente en la región D-loop (región no codificante) extendiéndose desde la posición 16024 hasta la posición 576 del ADN_{MT} ; el cual permitirá definir la diversidad genética de la población del área de estudio. Nuestro trabajo, además, trata de correlacionar contenido genético con cultura.

En cuanto al desarrollo sustentable, uno de los mayores problemas a los que se enfrenta la humanidad es la erosión del saber tradicional y de la diversidad biológica, la base del equilibrio ecológico y de una agricultura sostenible; por lo que, es importante el tema de la pérdida de diversidad biológica y cultural. Hay que tener claro que la relación que existe entre la genética y la cultura, se ha invertido como producto del desarrollo de la cultura, que permite manipular los procesos evolutivos de la vida, gracias a los avances en el ámbito genético y que crean la contingencia de desaparición de la cultura (Leff *et al.*, 2002). Hoy día la evolución cultural predomina sobre la evolución biológica, por lo que el periodo de duración de los cambios evolutivos ha disminuido, haciendo que estos sean más rápidos y continuos.

El presente trabajo pretende reconocer las relaciones genéticas y culturales en la zona Istmo-Costa y Depresión Central del estado de Chiapas con el grupo *otomangue* a partir de análisis genéticos, especialmente del genoma mitocondrial (marcadores de ADN_{MT}); para conocer la historia evolutiva de las poblaciones humanas; que permita identificar la estructura genética, las posibles rutas migratorias y el reconocimiento de las dinámicas poblacionales humanas tales

como deriva génica, cuellos de botella, flujo génico, equilibrio de Hardy-Weinberg. Además, pretende contribuir al conocimiento de la diversidad biológica y aportar información de interés a los campos de la biología evolutiva y la antropología cultural; permitiendo estudiar el origen, la dinámica y reconstrucción de las filogenias humanas, a su vez, el mestizaje, la migración y el cambio cultural de las poblaciones (Moreno, 2006; Barabás, 2008; Salgado y Fernández-León, 2011).

2. MARCO TEÓRICO

Desarrollo sustentable

El hombre, a través de la historia ha utilizado los recursos naturales para la satisfacción de sus necesidades, y conforme fue creciendo la población las sociedades se volvieron más diversas y complejas, incrementándose la presión sobre el medio ambiente, naciendo así una problemática ambiental. Ante esto y la necesidad de crecimiento y desarrollo económico de la sociedad, surgió como respuesta la idea del desarrollo sustentable (Badii, 2004).

El 19 de diciembre de 1983 se definió el concepto de Desarrollo Sustentable en la Comisión Mundial para el Medio Ambiente y el Desarrollo (CMMAD), establecida por la Organización de las Naciones Unidas (ONU), como el “desarrollo que satisface las necesidades del presente sin comprometer las capacidades que tienen las futuras generaciones para satisfacer sus propias necesidades”; concepto dado en el informe Brundtland en 1987 (Estrella y González, 2017).

Este proyecto de investigación trata de combinar los datos culturales con la genética de poblaciones para ser parte de una herramienta más hacia el desarrollo sustentable.

Antropología Socio-cultural

La Antropología es el estudio científico de las especies humanas, la exploración de la diversidad humana en el tiempo y el espacio. Cuando nos referimos a la antropología sociocultural, estamos estudiado al ser humano como miembro de un grupo social y como integrante de una cultura. Tiene como objeto de estudio a la cultura humana, pasada y presente, y en el sustrato humano que la porta. Se basa en tres conceptos fundamentales: Sociedad, Cultura y Evolución (Pérez & Fernández, 2009).

La cultura es una definición compleja que comprende conocimientos, creencias, arte, moral, derecho, costumbres y otras capacidades, así como hábitos adquiridos por el hombre pertenecientes de una sociedad (Barrera, 2013).

Historia y antropología otomangue

Los otomangues son una de las familias lingüísticas más antiguas en Mesoamérica, el nombre “otomangueanos” es atribuido a Schmidt (1926), quién incluyó el grupo “otomí-mangue” en el mapa de lenguas norteamericanas y más tarde, el nombre fue reducido a “otomangue” por Jiménez Moreno (1962). Los otomangues jugaron papeles importantes en el desarrollo de la civilización mesoamericana, por lo que son el grupo más ampliamente distribuido, desde la región del noroeste del estado de México, como son los estados de Hidalgo, Puebla, Tlaxcala, Veracruz, Guanajuato y Querétaro (Figura 1 y 2). Un componente clave de ese desarrollo fue la agricultura, particularmente del maíz, calabaza, frijol, aguacate, zapote, guayaba, algodón, maguey, y más. Otras plantas importantes son la ceiba, morro, nanchi, jocote, flor de mayo, que tienen usos alimenticios, medicinales, artesanales y rituales, importantes para este grupo lingüístico (Campbell, 2017a).

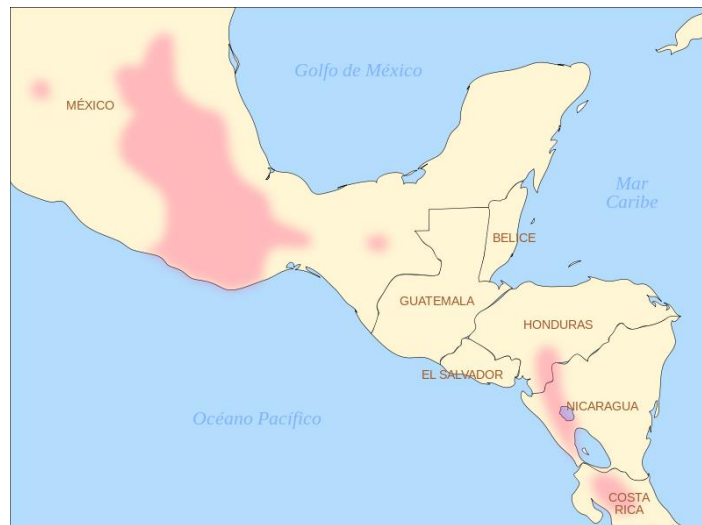


Figura 1. Mapa de Mesoamérica que indica la localización aproximada de los territorios donde se han hablado lenguas otomangues. https://es.wikipedia.org/wiki/Lenguas_otomangues.



Figura 2. Mapa de distribución del grupo *otomangue*, mostrando las diferentes familias en Mesoamérica del norte y centro (Chávez-Peón, 2014). Sin embargo, no muestra la distribución de los *subtiabas* y *mangues*, que se ubican en Chiapas, Nicaragua y Península de Nicoya, en Costa Rica.

La clasificación de los lenguajes *otomangueanos* más ampliamente reconocida es la de Kaufman (1974), dividiéndola primero en dos grupos (occidental y oriental) y dos subgrupos (Figura 3); esos cuatro subgrupos se bifurcan cada uno, produciendo ocho subgrupos principales: *mixteca*, *popoloca*, *chorotega*, *otopame*, *zapoteca*, *chinanteca*, *tlapaneca-sutiaba* y *amuzgo* (De Ávila 2004; Lagunas y López, 2014; Espinoza *et al.*, 2018).

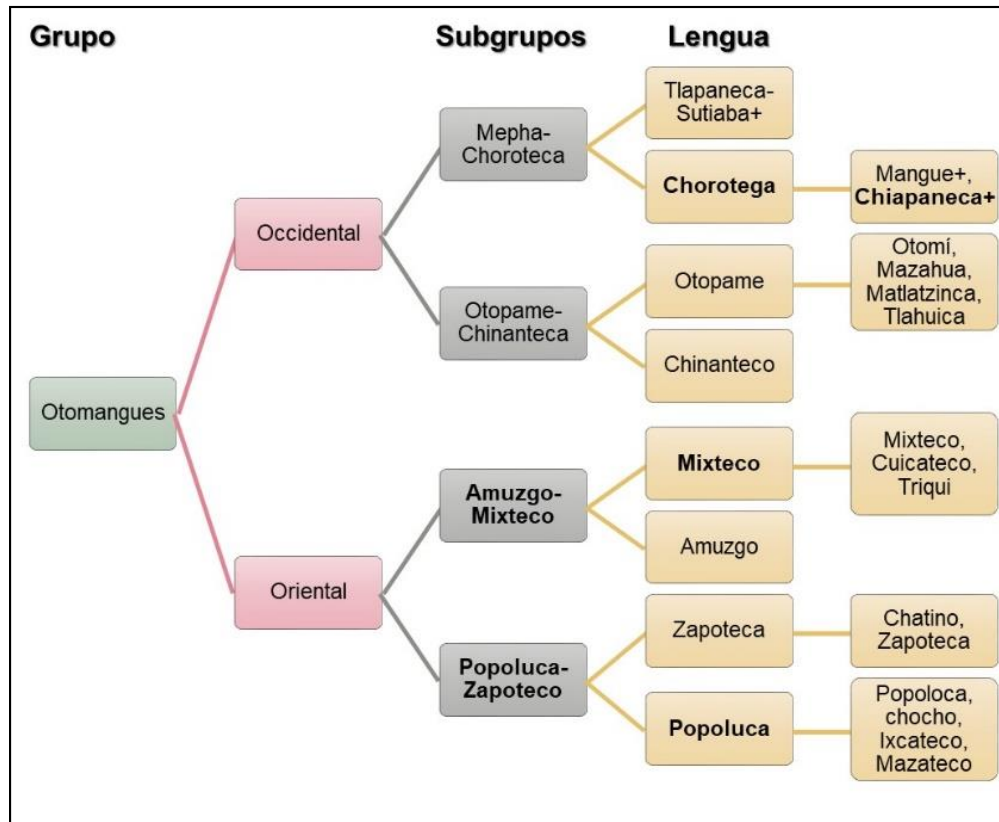


Figura 3. Clasificación del tronco otomangué según Kaufman, (1974). Las lenguas con un signo (+), significa que ya está extinta.

El subgrupo *Chorotega* consiste en los idiomas *mangue* y *chiapaneca*, ambos estrechamente relacionados. La lengua *mangue* se hablaba a lo largo del Pacífico en lo que hoy es el Salvador, Honduras, Nicaragua y Costa Rica; mientras que el idioma *Chiapaneca* se hablaba en Chiapas, México (Campbell, 2017b). El *chiapaneca* se habló cuando menos en las localidades siguientes: Chiapa de Corzo, Suchiapa, Acala, Copainalá (Fabre, 2005). Sin embargo, Navarrete (1966), también menciona la distribución de los *chiapanecas* en las localidades de Villa Flores, Villa Corzo, Chiapilla y Totolapa (Figura 4).

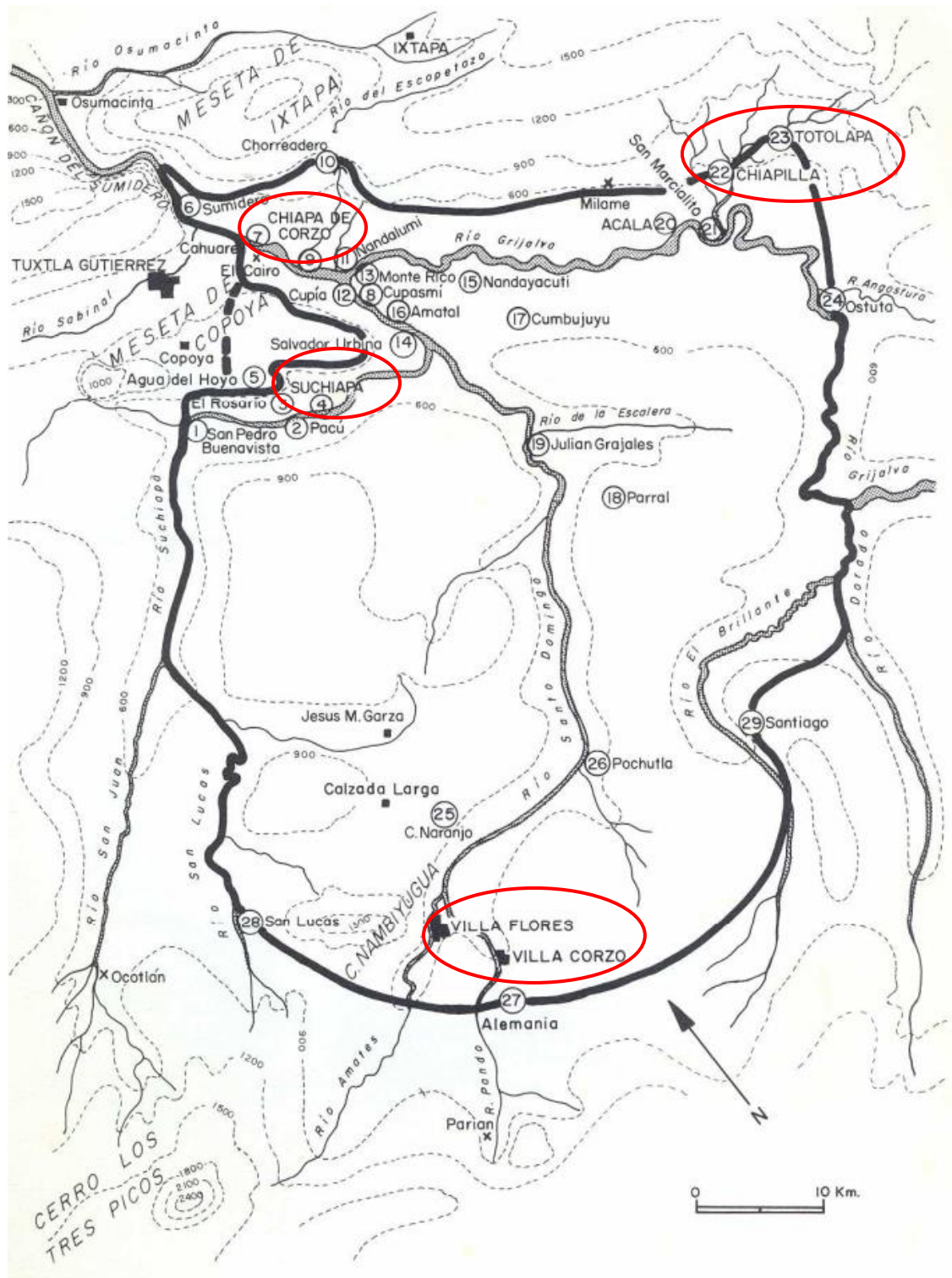


Figura 4. Límite territorial de los Chiapanecas en el estado de Chiapas, en donde se encierran con rojo los municipios donde se distribuyeron (Navarrete, 1966).

El pueblo chiapaneca se caracterizó por ser una sociedad de cultura avanzada que tenía un grupo guerrero, durante la batalla de la segunda entrada de los españoles (1523) muchos chiapanecas perdieron el equilibrio y cayeron al río, dando así origen a la leyenda de que prefirieron arrojarse al precipicio antes de someterse a los conquistadores (Espinoza *et al.*, 2018). El chiapaneca es una lengua que se extinguió a finales del siglo XIX. Los hablantes originales provenían del centro de México, migrando hacia el sur y estableciéndose en la Depresión Central de Chiapas y en el “desierto del Soconusco” (Figura 4), un área que corresponde a los actuales municipios de Tonalá y Arriaga. La cultura chiapaneca comenzó un proceso de integración a la cultura española que condujo a la extinción del idioma, sobreviviendo sin embargo una extensa toponimia como nombres patronímicos y algunos rituales (Del Carpio y Álvarez, 2014).

Para el estudio de este grupo etnolingüístico o de otras comunidades indígenas, se requiere de un método de investigación que permita analizar y enfatizar las cuestiones descriptivas e interpretativas en un ámbito sociocultural, como lo es la investigación etnográfica (Murillo F. Javier & Martínez-Garrido, 2010). Los antropólogos y lingüistas han propuestos diferentes clasificaciones lingüísticas de acuerdo a la información cultural y lingüística, sin embargo, los estudios de antropología molecular nos hablan de la presencia del flujo genético entre las poblaciones indígenas, por lo que a partir de análisis genéticos se puede conocer la relación entre genes, lenguaje y cultura en las poblaciones indígenas (González *et al.*, 2013).

La historia ha dejado evidencias de tipo arqueológico, osteológico, lingüístico y oral con los que ha sido posible revelar nuestros orígenes. Pero el paso del tiempo también ha dejado un importante registro biológico en los genes, y es precisamente a través de la información genética transmitida de generación en generación que podemos contribuir a la reconstrucción de nuestra historia y de la composición actual de la población (Moreno y Sandoval, 2013).

Diversidad biológica

El concepto que importa saber para este trabajo es la de biodiversidad genética, el cual se refiere a la variación de genes y genotipos entre las especies y dentro de ellas. Se considera que es la suma de la información genética que contienen los genes de las plantas, los animales y los microorganismos que habitan la Tierra. La diversidad dentro de una especie permite que ésta pueda adaptarse a los cambios ambientales, del clima, de los métodos agrícolas que son empleados, o ante las plagas y enfermedades que pueden afectarla. Existen distintos genes y muchos de ellos se expresan en el ámbito individual; son heredables y resultan ser la materia prima de la selección natural. Un ejemplo claro de este último aspecto es la propia especie humana, cuya diversidad genética le ha permitido adaptarse a condiciones de vida muy diferentes a lo largo de su proceso evolutivo (PNUMA, 2005).

Genética de Poblaciones

La genética de poblaciones es la ciencia que estudia las fuentes de la variabilidad (Herrera-Paz, 2013), se encarga de investigar la distribución de los alelos de diferentes poblaciones, como fundamento de todo cambio evolutivo. Además, la estructura genética de las poblaciones, es el producto de la acumulación de diversos cambios en la constitución genética a causa del efecto de las fuerzas evolutivas.

La genética de poblaciones se vale de los más variados tipos de marcadores con la condición de que estos sean hereditarios y presenten variabilidad poblacional (polimórficos). Entre ellos se incluyen proteínas, grupos sanguíneos, genes, marcadores neutros del ADN como los microsatélites y minisatélites, polimorfismos de nucleótido único (SNPs, por las siglas en inglés de Single Nucleotide Polymorphisms), haplotipos y haplogrupos mitocondriales e incluso en la actualidad, genomas completos. Éstos han sido utilizados para determinar (a bajo costo) patrones migratorios históricos, estructura poblacional y relaciones filogenéticas entre poblaciones (Herrera-Paz, 2013).

Las migraciones hacia nuevos territorios producen la fundación y poblamiento de comunidades, pero las migraciones entre poblaciones ya establecidas derivan en grados variables de mezclas. Es posible trazar estas rutas históricas de las poblaciones mediante el análisis de frecuencias alélicas de marcadores o genes del ADN humano. La reconstrucción de las migraciones humanas es posible gracias al estudio de la diversidad genética de las poblaciones humanas actuales, que nos revela cuáles han sido los acontecimientos demográficos y movimientos migratorios pasados que han dejado una huella en nuestro genoma (Herrera-Paz, 2013; Comas, 2014).

Herramientas moleculares

Los marcadores moleculares de ADN son una herramienta necesaria que permiten conocer cómo se encuentran las proporciones de genes en las poblaciones naturales de manera indirecta. Los diferentes tipos de marcadores se distinguen por su capacidad de detectar polimorfismos en *loci* únicos o múltiples y son de tipo dominante o co-dominante (Eguiarte *et al.*, 2007).

Los microsatélites o *SSR* (por sus siglas en inglés), son secuencias formadas de 1 a 4 pares de bases que tienen un elevado nivel de polimorfismo. Se encuentran en regiones codificantes y no codificantes del ADN, resultan útiles para definir un único genotipo multilocus de interés en estudios de variabilidad genética, que requiere de una técnica en donde se cita el uso de marcadores genéticos, basada en la clonación y secuenciación de fragmentos de ADN. Los microsatelites de ADN mitocondrial (SSRm), permite contestar preguntas evolutivas muy puntuales relacionadas con el monitoreo del flujo genético, introgresión, análisis de paternidad, para hacer inferencias de parámetros demográficos y para determinar patrones evolutivos de los procesos históricos del origen de especies, formas o razas (Aranguren-Méndez *et al.*, 2005; Eguiarte *et al.*, 2007).

Una de las técnicas más importantes para el estudio del ADN, probablemente, la más importante, es la reacción en cadena de la polimerasa (PCR, por sus siglas en inglés) descrita por Mullis (1983). La PCR es un método enzimático *in vitro* que permite la amplificación de secuencias específicas de ADN,

basada en la síntesis repetida del ADN dirigida por el ADN polimerasa, de tal manera que cantidades pequeñas de ADN pueden ser sintetizadas y copiadas para analizarse con diferentes fines, permitiendo estudiar y manipular el ADN (Tamay, Ibarra, y Velasquillo, 2013). Se lleva a cabo a través de tres pasos necesarios para lograr esta síntesis, de manera repetida y sucesiva a diferentes temperaturas, permitiendo duplicar la cantidad de ADN después de cada ciclo: 1) desnaturalización, se funde el ADN bicatenario y se separan a una temperatura entre 90- 98°C durante 20-30 segundos, dependiendo de la cantidad de G-C del templado; 2) hibridación (o alineamiento), los dos primers (oligonucleótidos o cebadores) sintéticos se alinean al extremo 3' del templado en los sitios de la región de ADN a amplificar, el cual debe tener una temperatura adecuada (37-65°C) para estabilidad y especificidad del complejo y; 3) extensión, donde el ADN polimerasa actúa sobre el complejo templado-primers con temperatura óptima de 72 °C, y empieza su función catalítica agregando los desoxinucleótidos (dNTP) complementarios para crear las cadenas complementarias de ADN (Hill & Stewart, 1992; Tamay *et al.*, 2013).

Para saber si la PCR fue eficiente, los amplicones son visualizados a través de una electroforesis en geles de agarosa. El gel de agarosa es químicamente inerte, de propiedades uniformes, capaz de ser preparado de forma rápida y reproducible. Sus geles son transparentes con estabilidad mecánica, insolubles en agua, relativamente no iónicos y que permiten buena visualización de las bandas durante tiempo prolongado. La electroforesis es una técnica que constituye un excelente medio de soporte para la separación de grandes moléculas como los ácidos nucleicos a través de una matriz sólida, por sus propiedades: transparencia, elasticidad, porosidad controlable y compatibilidad con una gran variedad de compuestos químicos (García, 2001; Lomonte, 2007).

La separación de biomoléculas se hace bajo un buffer o tampón (TAE o TBE) en el que la electroforesis resulta mediante la migración de solutos iónicos bajo la influencia de un campo eléctrico; éstas partículas migran hacia el cátodo o ánodo (electrodos - y +), dependiendo de la combinación de su carga, peso

molecular y estructura tridimensional. En el caso de los ácidos nucleicos, el grupo fosfato les proporciona carga negativa, por lo que durante la electroforesis migran hacia el polo positivo (Tamay *et al.*, 2013).

Las mitocondrias y el ADN mitocondrial

Las mitocondrias son orgánulos citoplasmáticos de doble membrana que usan el transporte de electrones junto con la fosforilación oxidativa para generar ATP. Se encuentran en todos los tipos celulares, su número varía según el tipo celular, por ejemplo, en células hepáticas suelen hallarse de 1,000 a 2,000 mitocondrias y su reproducción es por fisión binaria, multiplicando su tamaño para dividirse (De Robertis & Hib, 2004).

Su papel principal es la producción energética mediante la oxidación de azúcares para la transducción de energía y la participación en funciones importantes como la homeostasis iónica, el metabolismo intermedio y la apoptosis. Una característica destacada de estos pequeños orgánulos es que tiene componentes codificados por ADN mitocondrial (ADN_{MT}), en la mayoría de las proteínas mitocondriales son especificadas por genes nucleares, siendo éstas los únicos orgánulos celulares que poseen su propio material genético debido a su estructura y mecanismo de expresión génica, que tiene la capacidad de replicarse. Se cree que estos orgánulos eucariotas evolucionaron a partir de procariotas que fueron engullidos por células eucarióticas primitivas y desarrollaron una relación simbiótica con ellas; esto explica el por qué las mitocondrias tienen su propio ADN, que codifica algunas de sus proteínas (Finnilä, 2000; Burger *et al.*, 2003).

El ADN mitocondrial (ADN_{MT}) se caracteriza por su estructura y mecanismos de expresión génica; posee un tamaño entre 15-60 kbp aproximadamente y 16569 bp de longitud que codifica 13 subunidades: el ARN ribosómico 12S y 16S, las NADH-coenzima, Q oxidorreductasa (ND), citocromo-c oxidasa (COX), citocromo-b (Cyt b) y ATP sintasa (A), y 22 tRNAs. La estructura del ADN_{MT} consiste en una molécula circular cerrada de doble cadena; la cadena pesada (H) rica en Guaninas y la cadena ligera (L) rica en Citosinas, no tiene proteínas asociadas; así mismo se encuentra organizado por la región codificante (presenta el 90 % del genoma mitocondrial humano con 37 genes) y la región no

codificante o D-Loop (Figura 5). (Anderson *et al.*, 1981; Finnilä, 2000; Copeland, 2002; Malyarchuk *et al.*, 2002; Burger *et al.*, 2003).

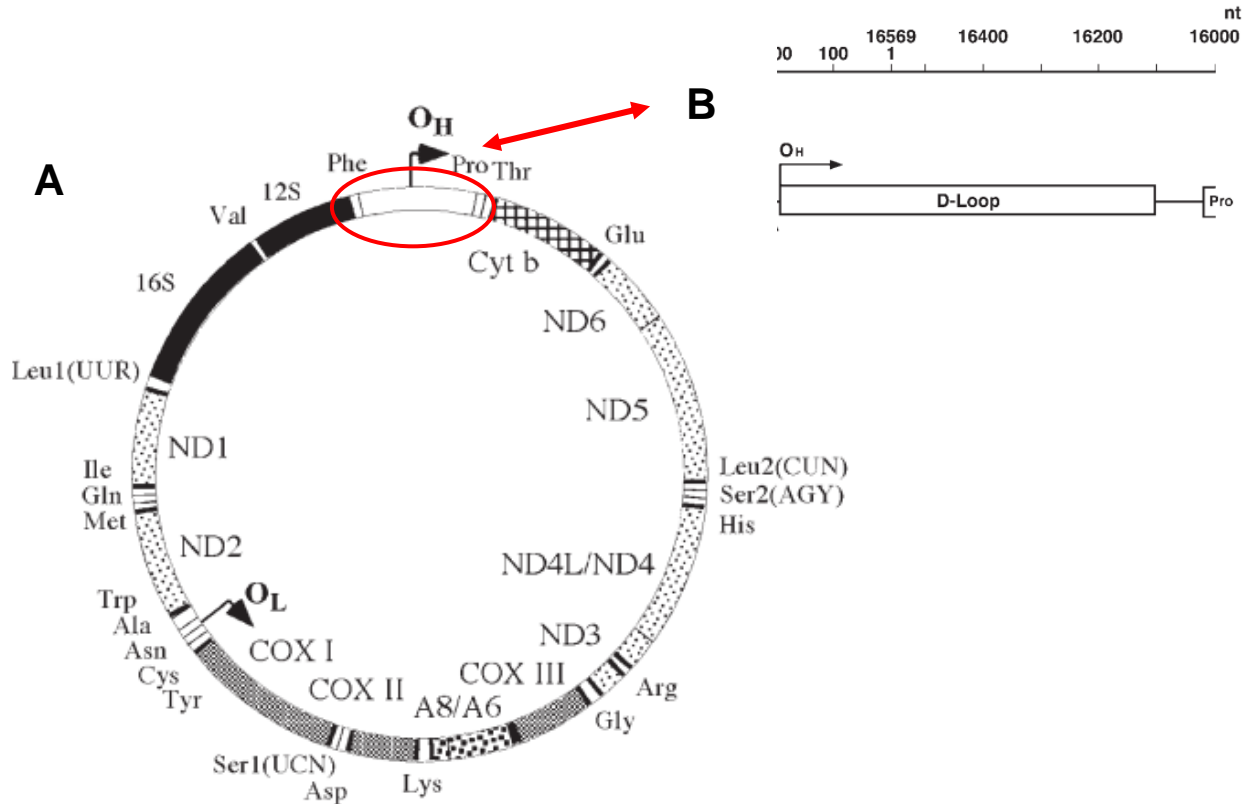


Figura 5. Genoma mitocondrial humano (ADN_{MT}). **A.** Molécula circular de doble cadena estructurado por la cadena pesada (OH) y ligera (OL), así como las subunidades que codifican al sistema. **B.** Región de control principal del ADN_{MT} humano conocido como D-Loop. (Copeland, 2002).

La región control del ADN_{MT} conocido como región D-Loop, es una región no codificante de 1.1 kb, involucrado en la regulación de transcripción y regulación de la molécula. Se extiende desde la posición 16024 pb a la 576 pb del ADN_{MT}, contiene dos regiones cortas conocidas como "segmentos hipervariables": HVS-I y HVS-II que no codifican a ninguna proteína y son neutros. La definición precisa de las diferentes secuencias hipervariables varía de un contexto a otro, la función específica de estas regiones no se conoce, pero son de suma importancia para las funciones de la molécula ya mencionadas (Bandelt *et al.*, 2006).

Variación de ADN_{MT} en poblaciones humanas

El genoma mitocondrial humano ha sido estudiado desde inicio de los años 80's del siglo XX, su secuencia comprende 16.569 pares de bases (pb) de longitud (Anderson *et al.*, 1981), el ADN_{MT} se han acumulado secuencialmente a lo largo de linajes maternos irradiados que han divergido aproximadamente en la misma escala de tiempo que las poblaciones humanas que han colonizado diferentes regiones geográficas del mundo. Es heredado únicamente por el óvulo proveniente por la madre debido al mayor número de moléculas de ADN_{MT} que posee, aproximadamente 100.000 moléculas de ADN_{MT}, que son heredados a sus hijos sin perderse, y que se segregan rápidamente de generación en generación (Finnilä, 2000). Así las mujeres que migraron de África a los diferentes continentes cerca de 130,000 años, albergaron mutaciones de ADN_{MT} que hoy se ven como polimorfismos de ADN_{MT} específicos de la población de alta frecuencia que crean grupos de haplotipos o haplogrupos de ADN mitocondrial (Torroni *et al.*, 1994; Finnilä, 2000).

En la actualidad se puede reconocer la distribución de las secuencias alélicas del ADN_{MT} entre las poblaciones geográficamente separadas detectadas por polimorfismos en el tamaño de los fragmentos de restricción (RFLPs), que pueden correlacionarse con el origen étnico y geográfico de los individuos; estos estudios demuestran que el ADN_{MT} se puede clasificar en varios grupos monofiléticos (haplogrupos de ADN mitocondrial), definidos por uno o varios sitios de restricción, y que la genealogía materna tiene características marcadas específicas del continente, por lo que el análisis de los polimorfismos del ADN_{MT} se ha utilizado en el estudio filogenético de las poblaciones humanas. (Malyarchuk *et al.*, 2002; Coral *et al.*, 2009). Otra de las variaciones del ADN_{MT} son los haplogrupos, definidos como polimorfismos que pueden presentar un locus determinado a partir de una mutación de una familia de ADN_{MT} surgidos de una mujer ancestral. Los polimorfismos que los determinan son específicos continentales, lo que permite realizar estudios acerca de aportes producto de migraciones, establecer posibles rutas migratorias, llevar a cabo diversos estudios evolutivos, entre otros (Figura 6) (Martínez-Cruzado, 2002).

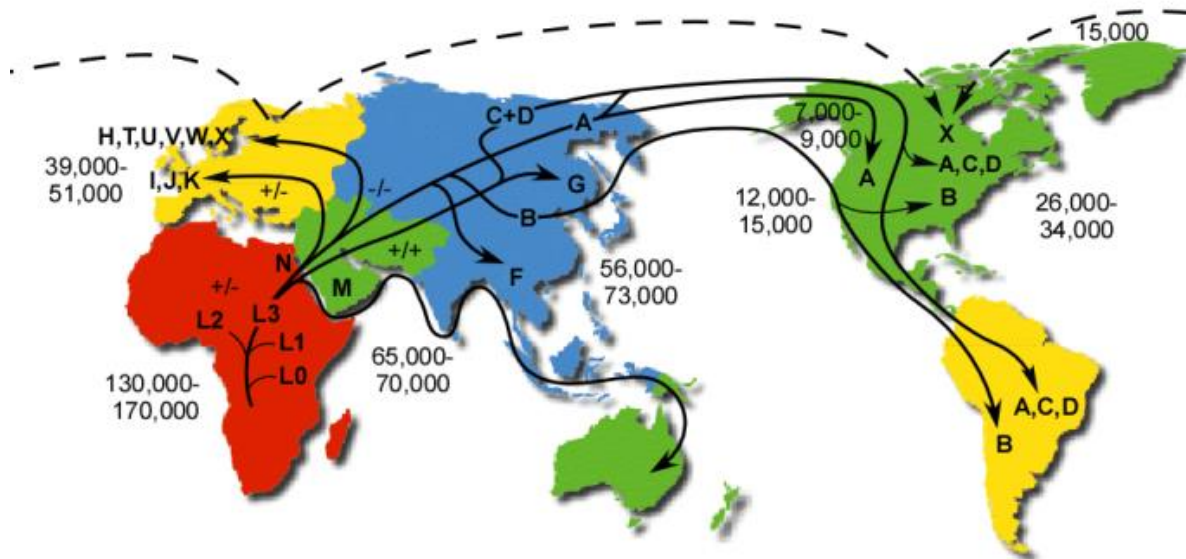


Figura 6. Mapa de migración en el mundo del ADN_{MT} humano de acuerdo a los RFLP de alta resolución utilizados Dde I 10394/ Alu I 10397, que son representados por los símbolos +/-, +/+ y -/- con una tasa de mutación de 2.2 – 2.9% (Lott, 2019).

Los haplogrupos nos permite tener una marcada subdivisión genealógica entre poblaciones o grupos de poblaciones, observada en escalas regionales más amplias en los estudios filo geográficos. Ha permitido determinar el grado de estructuración poblacional de las especies a lo largo de su área de distribución, así como descifrar cuáles han sido los procesos que han determinado dicha distribución (Eguiarte *et al.*, 2007).

3. ANTECEDENTES

Se han realizado varios estudios basados en análisis genéticos a través del ADN mitocondrial y estudios culturales para explicar algunas cuestiones sobre el grupo lingüístico otomangue (en especial de los *chiapanecas*), dando paso a la realización de nuevas investigaciones. Algunos trabajos importantes para la realización de este trabajo son las siguientes:

Navarro-Garza y colaboradores (2012), realizaron un estudio descriptivo para identificar y describir la diversidad de árboles y arbustos, sus usos y tipos de sistemas agroforestales en México. Identificaron 81 especies y 34 familias, de los cuales el 55.6 % de especies tienen diversas funcionalidades: 7.42 %, con cinco tipos de usos; 11.1 % con cuatro tipos; 14.8 %, con tres; y 22.2 % con dos. Tipos de usos: leña, 41 especies; medicinales, 30; elaboración de utensilios, 29; madera, 25; fines alimenticios, 23; forrajeras, 20, y cercos vivos, seis especies. De los sistemas familiares, 91.7 % utilizan sistemas agro silvícolas, y 41.7 %, silvopastoriles, según diversos propósitos socioeconómicos y combinaciones de usos.

Otro estudio realizado en México, fue por Navarro-Sigüenza y colaboradores (2014), donde presentan un análisis del listado actualizado de las aves, abarcando todas aquellas especies que tengan registros recientes e históricos de presencia dentro del territorio nacional. Además, se presenta una síntesis de la riqueza de especies, riqueza taxonómica, estatus estacional, distribución ecológica, su grado de endemismo y estatus de conservación, así como de los patrones geográficos de la riqueza y el endemismo. Obtuvieron como resultado, un total de entre 194 y 212 especies endémicas de México, que se concentran a lo largo del oeste de México, principalmente en las zonas montañas del Eje Neo volcánico, las Sierras Madre Occidental y del Sur, y la planicie costera del Pacífico.

Para continuar, Ávila-Nájera y colaboradores (2018), realizaron un estudio para conocer el uso y valor cultural de la herpetofauna en México. Para ello utilizaron el Índice de Importancia Cultural (IIC) que permite cuantificar el valor de las especies con diversos usos y puede ser útil para enfocar estrategias de

conservación, tomando en cuenta el valor cultural de las especies. Registraron 103 reptiles y 32 anfibios que tienen al menos un uso, dentro del cual las especies *Rhinella marina* (27.13 %) y *Crocodylus moreletii* (15.42%) fueron las especies con mayor IIC.

En cuanto a los trabajos realizados en Chiapas, Vázquez y colaboradores (2006) estudiaron dos grupos indígenas los tsotsiles y tseltales, ubicados en la región Altos; para conocer las especies de animales utilizadas para curar enfermedades y cuál fue la forma de empleo. Encontraron 74 especies de animales para tratar más de 128 enfermedades o padecimientos registrados y los animales más importantes para estos propósitos en el área de estudio son tlacuache (*Didelphys sp.*), armadillo (*Dasypus novemcinctus*) y zorrillo (*Mephitis macroura*).

Por otra parte, Salgado-Mora y colaboradores (2007), estudiaron 80 parcelas productoras de cacao en la región del Soconusco, Chiapas, con el objetivo de conocer la diversidad arbórea. Encontraron 47 especies agrupadas en 23 familias, sobresaliendo la familia *Fabaceae* como el grupo con mayor diversidad, seguido por *Bignoniaceae* y *Moraceae* con 3 especies cada una.

Un trabajo más actual, fue el de Orantes-García y colaboradores (2018), realizaron un enlistado de las plantas utilizadas en la medicina tradicional de cuatro comunidades de la Selva Zoque, Chiapas, El listado florístico medicinal estuvo conformado por 113 especies, 96 géneros y 50 familias. Asteraceae, Fabaceae y Lamiaceae fueron las más representativas. Se obtuvieron 84 indicaciones de uso medicinal, clasificadas en 13 enfermedades, gastrointestinales, dermatológicas y respiratorias, fueron las más frecuentes.

Con respecto a las investigaciones genéticas, Starikovskaya y colaboradores (2005), realizaron estudios genéticos de 9 poblaciones indígenas en la zona sur de Siberia. Analizaron el ADN_{MT} de 531 individuos indígenas usando 14 endonucleasas de restricción, encontrando los macrohaplogrupos M (subhaplogrupos C1 y D1 en la región Amur) y N (subhaplogrupos A1 y B1, de la población Altai-Sayan). La filogenia de los linajes mencionados, revelan que este estudio es consistente con la hipótesis de los antepasados de nativos americanos

eran un producto híbrido de diferentes grupos siberianos que migraron al este de Beringia en diferentes momentos y siguieron diferentes rutas.

Estudios nacionales, como el de Moreno (2006), realizó la descripción genética de 73 individuos procedentes de una población de *mazahua* en 4 localidades al noroeste de México (El Ejido, Miahuatlán Hidalgo, Milpilla y San Miguel) y su posible relación con otras etnias mexicanas a partir de haplogrupos mitocondriales, usando enzimas de restricción (HaeII y AluI). Como resultados, encontró 3 linajes (A, B y C) siendo las más representantes el A y B (60.27% y 35.6%, respectivamente). Este estudio arrojó una relación genética con grupos como los Pames o los otomíes (familia lingüística otomangue), sin embargo, por el poco estudio a estos grupos, se observa una relación más estrecha con la población Nahua (familia lingüística Azteca).

Castro y colaboradores (2009), realizaron un estudio al Noroeste de Venezuela para conocer las probables rutas migratorias prehispánicas a partir de ADN mitocondrial. Extrajeron el ADN de sangre con el método salino de 193 individuos y se identificaron haplogrupos amerindios (A, B, C, D), africanos (L, L3d, L3e) y europeos (H, I, J, K, T, U, V) a partir de 13 enzimas de restricción y RFLP (Fragmentos de restricción de longitud polimórfica). Los haplogrupos amerindios más frecuentes son el haplogrupo B (51%) y el haplogrupo A (22%) predominante en toda el área mesoamericana hasta el noroeste de Colombia. Estos resultados sugieren entonces que los principales grupos que habitaron el territorio del noroccidente venezolano recibieron importantes oleadas migratorias provenientes de Aridoamérica, Mesoamérica y los Andes.

En otro estudio, Núñez y colaboradores (2010), realizaron análisis genéticos para conocer el origen de los antepasados nicaragüenses, mediante el análisis de las regiones hipervariables mitocondriales (HVS I y HVS II), 17 STR del cromosoma Y, y 15 STR autosómicos en 165 individuos mestizos de Nicaragua. Los resultados revelan que los linajes mitocondriales tienen una estrecha relación con poblaciones centroamericanas, siendo los amerindios una gran contribución a la población nicaragüense (89.57%), sin embargo, los resultados del cromosoma Y y los marcadores autosómicos, revelan una estrecha relación con los europeos. Por

lo tanto, la explicación de las proporciones observadas, indica que las mujeres son nativas americanas y los hombres son los inmigrantes.

Otro estudio a destacar es el de Sánchez-Boiso y colaboradores (2011), que realizaron estudios genéticos en tres comunidades indígenas mexicanas de lengua tepehua, otomí y zapoteca, pertenecientes a la familia lingüística otomangue basadas en ADN_{MT} y grupo sanguíneo. Usaron enzimas de restricción HaeIII, HincII y AluI para realizar los análisis genéticos y se obtuvo el grupo "O" Rh + como predominante. Además, se encontraron cuatro haplogrupos (A, B, C y D), de los cuáles el haplogrupo B fue el más frecuente. Sin embargo, los autores mencionan que pueden tomarse otros haplogrupos X (del país de Mongolia), H, J, K, T, U y V) para brindar información adicional sobre las relaciones genéticas entre los diferentes grupos de mexicanos nativos.

González y colaboradores (2013), analizaron 108 individuos contemporáneos *mazahuas* y 68 *otomíes* del Estado de México para identificar las relaciones genéticas entre estos grupos y compararlos con otras poblaciones antiguas y contemporáneas de México. Encontraron el haplogrupo B como el más frecuente en los *mazahuas* y el A en los *otomíes*, el haplogrupo C presenta frecuencias similares en ambos grupos y la población otomí presenta una baja frecuencia del haplogrupo D, por lo tanto, no hay flujo genético por vía materna y estadísticamente también resultaron diferentes por el método de ji cuadrada ($p \leq 0.05$).

Espinoza y colaboradores (2018), investigaron el origen de los *chiapanecas* (lengua de la familia *otomangue*) a partir de ADN mitocondrial usando los cebadores L-29 y H-408 de la región D-loop en 10 individuos de Chiapas (habitantes de Chiapa de Corzo), 18 de distinto origen y 21 individuos de Nicaragua. Obtuvieron ADN de muestras sanguíneas y fueron secuenciadas con ABISPRISM (marca Perkin Elmer en Seúl, Corea del sur). Los resultados muestran que hay una estrecha relación genética mediante la línea materna entre chiapanecas y nicaragüenses, (distancias genéticas de 0.030), lo que indica que ambos grupos se encuentran emparentados por diferentes eventos históricos y se

refuerza la hipótesis de las migraciones del grupo otomangue del Centro de México hacia el sur, llegando a la península de Nicoya.

4. OBJETIVOS

GENERAL

Definir el linaje materno del grupo Otomangue que habitaron en el corredor Istmo-costal y depresión central del estado de Chiapas mediante el análisis de ADN_{MT} y estudios culturales.

ESPECÍFICOS

- Establecer la filogenia de ADN_{MT} de las poblaciones con el fin de determinar los linajes mitocondriales más representativos a través de árboles filogenéticos y redes de haplogrupo.
- Comparar las relaciones culturales e históricas entre las regiones de estudio que conforman el grupo lingüístico otomangue a partir de la aplicación de encuestas estructuradas.
- Comparar los datos culturales con los análisis genéticos obtenidos de las regiones de estudio para confirmar la hipótesis planteada de este proyecto.

5. HIPÓTESIS

Los grupos otomangues, migraron del norte al sur de Mesoamérica; pasando por el Istmo de Tehuantepec, tomando dos rutas: una de ellas los conducía hacia la Depresión Central de Chiapas y la otra hacia la costa del Pacífico, por lo tanto, el ADN obtenido de ambas regiones debe formar grupos genética y culturalmente afines.

6. METODOLOGÍA GENERAL

Área de estudio

Este trabajo se llevó a cabo en el sureste de México, en el estado de Chiapas que se encuentra entre las coordenadas extremas, al norte 17°59'07", al sur 14°31'56" de latitud norte; al este 90°22'13", al oeste 94°08'21" de longitud oeste. El área tiene una extensión de aproximadamente 7.4 millones de hectáreas, equivalente al 3.7 % del país; posee más de 300 km de litorales con una plataforma continental de 67,000 km² y un vasto sistema hidrológico (INEGI, 2018).

Se tomó en cuenta dos regiones del estado de Chiapas, la región Istmo-Costa y la Depresión Central. La región socioeconómica Istmo-Costa tiene una superficie de 5,409.18 km² y se integra por 4 municipios localizados en la parte sur oeste del estado (Arriaga, Tonalá, Pijijiapan y Mapastepec). Se ubica dentro de las provincias fisiográficas que se reconocen como Llanura Costera del Pacífico y Sierra Madre de Chiapas. La altitud del territorio en esta región varía desde los 0 metros (al sur del municipio de Pijijiapan) hasta los 2,765 metros sobre el nivel del mar (en el extremo norte del municipio de Mapastepec). La vegetación del estado es muy diversa, las más importantes son selva alta perennifolia, selva baja caducifolia, bosque mesófilo de montaña, bosque de pino-encino, manglar, sabana, tular, entre otras (INEGI, 2011). Sin embargo, para nuestro estudio, el tipo de vegetación en el cual se muestreo fue selva baja caducifolia (también conocida como selvas secas), remarcando que este tipo de vegetación se ha encontrado relacionado con la cultura otomangue de acuerdo a estudios históricos (Navarrete, 1966).

Las selvas secas se encuentran en altitudes que van desde el nivel del mar hasta casi 2000 m, Su distribución suele coincidir con el clima cálido subhúmedo (Aw0), que es el de menor humedad de los subhúmedos, según a la clasificación de Köppen modificada por García (2004). Los elementos predominantes en la flora son de origen neotropical, con abundancia de especies de las familias *Leguminosae*, *Euphorbiaceae*, *Cactaceae*, *Burseraceae*, *Compositae*, *Malpighiaceae*, *Rubiaceae* y *Anacardiaceae*; al igual especies con tejidos

suculentos de las familias Bombacaceae, Cochlospermaceae y Convolvulaceae (Ceballos *et al.*, 2010).

La región fisiográfica de la Depresión Central de Chiapas, es una zona semi plana bordeada por la Sierra Madre de Chiapas al sur, la Altiplanicie Central al Nor-oriental y las Montañas del Norte; está formada por rocas sedimentarias y depósitos aluviales. La vegetación original es de selvas bajas caducifolias y en lomeríos de altitudes superiores a los 800 metros se encuentran selvas medianas y bosques de encinos por arriba de los 1500 msnm. Está constituida por 17 municipios de Chiapas, iniciando desde Cintalapa y concluyendo en La Trinitaria, esta región comprende 250 km de largo y un ancho de 40 km. Dentro de esta región destaca el sistema hidrológico del Grijalva en el cuál se encuentra uno de los ríos más caudalosos de México (CONABIO, 2013). Encontrándose evidencia de ocupación Chiapaneca en Chiapa de Corzo, Acala, Chiapilla, Totolapa, Villa Flores, Villa Corzo y Suchiapa (Navarrete, 1966).

Población

En México las regiones del sur y el oriente son las que concentran mayores proporciones de la población indígena del país, dentro de los estados que albergan poblaciones indígenas importantes son México, Veracruz, Quintana Roo, Campeche, Hidalgo, Yucatán, Oaxaca y Chiapas. Oaxaca ocupa el 10° lugar a nivel nacional por su número de habitantes, 3 967 889 habitantes, que es el 3.3% del total del país. De los 570 municipios, 58.7% de la población pertenecen a una población indígena (CEPAL, 2014; INEGI, 2015d). Algunos municipios como Juchitan, Zanatepec, Nitepec, Tapanatepec, Chahuites (éste último municipio colinda con Arriaga, Chiapas) que forman parte del Istmo de Tehuantepec, están relacionados con grupos étnicos importantes (Zapotecos, Popolucas, Nahuatlacos, Zoques, Huaves, Mixes, Chontales, Mixtecos, Tzotziles, Chinantecos, Mazatecos y Chochocos) (Gómez-Martínez, 2005; Torres, 2017). Chiapas cuenta con 5, 217, 908 habitantes, de los cuales 1, 141, 499 son hablantes de una lengua indígena, lo que representa 27% de la población de la entidad (INEGI, 2015a). Las lenguas indígenas más habladas en el estado de

Chiapas son: Tseltal (461, 236), Tsotsil (417, 462), Chol (191, 947) y Zoque (53, 839), de acuerdo con el Instituto Nacional de Estadística y Geografía (INEGI, 2010).

La población hablante de lengua indígena en Chiapas se ubican en todo el territorio, aunque preferentemente en las regiones Altos, Selva y Norte del estado donde se concentran los hablantes de las principales lenguas indígenas, mientras que en la parte sur la población hablante se encuentra dispersa (INEGI, 2016). La mayor parte de la población hablante de lengua indígena también habla español, sin embargo, aún es considerable el número de personas que solo habla lengua indígena, a quienes se les conoce como monolingües de habla indígena. Esta condición puede limitar su interacción con otras personas fuera de su comunidad e incluso su propio desarrollo. En el año 2000, el porcentaje de personas de 5 años y más hablantes de lengua indígena que no hablan español fue de 36.5%, este porcentaje tiende a disminuir: bajó a 32.5 en 2010 y a 27.1% en 2015. En contraste, la proporción de hablantes de lengua indígena que también hablan español, se ha incrementado (INEGI, 2016).

En cuanto al número de habitantes de los municipios muestreados son muy variados, en Acala son 28 947 habitantes, Chiapa de Corzo son 87 603 habitantes, Chiapilla tiene 5 405 habitantes, Totolapa tiene 6 375 habitantes, Suchiapa con 21 045 habitantes, Villa Flores tiene 98 618 habitantes, Jiquipilas con 37 818 habitantes, Arriaga 40 042 habitantes, Tonalá 84 594 habitantes, Pijijiapan 50 079 habitantes, Escuintla 30 068 habitantes y Villa Comaltitlan un total de 27 899 habitantes (INEGI, 2015a).

Trabajo de campo

El estudio se llevó a cabo en 12 localidades rurales de los municipios de la región Istmo-Costa y Depresión Central de Chiapas (Arriaga, Tonalá, Pijijiapan, Escuintla, Villa Comaltitlán, Acala, Chiapa de Corzo, Chiapilla, Totolapa, Suchiapa, Villa Flores, Jiquipilas), considerando un grupo control de hablantes zapotecos en Juchitán, Oaxaca (Figura 7), ubicada en la posición geográfica entre los paralelos 16°32'24" y 15°22'16" de latitud norte, y entre 93° 36'35" y 92° 40'19" de longitud

oeste (INEGI, 2015a), Los municipios muestreados se encuentran aproximadamente a una altura de 525 m (para los municipios de la Depresión Central) y 60 m (para los municipios del Istmo-costa) sobre el nivel del mar, la vegetación predominante es selva baja caducifolia. En cada municipio se seleccionaron un mínimo de 16 individuos que dieron su consentimiento y estuvieron de acuerdo en colaborar con el proyecto, firmando una carta de consentimiento escrito, informado y voluntario de participación (Anexo 1). En términos estadísticos lo ideal es muestrear el máximo de individuos posibles; sin embargo, los recursos y el tiempo que se dispone para realizar la investigación, se calculó que se pueden obtener un total de 192 muestras, divididas entre 12 municipios, correspondiendo 16 individuos por municipio, elegidos al azar.

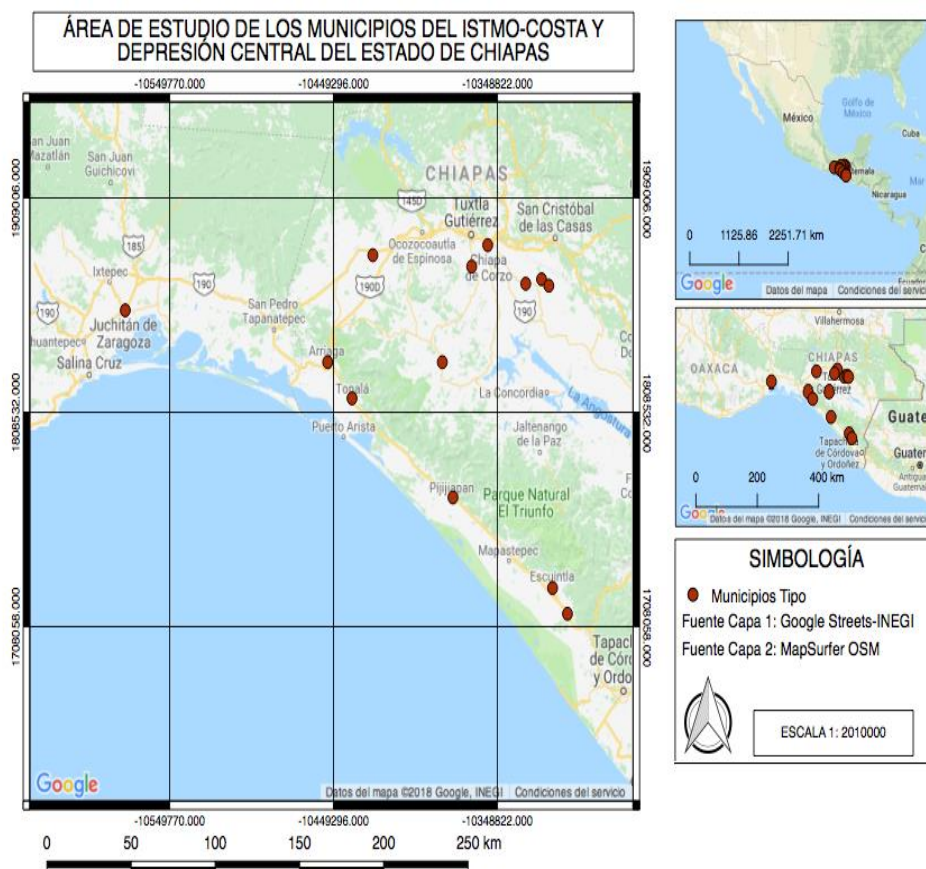


Figura 7. Mapa del área de muestreo en los municipios del Istmo-costa y Depresión Central de Chiapas y un grupo control perteneciente a los otomangues en un municipio de Oaxaca. QGIS versión 2.18 por Alejandro Vázquez.

Éste trabajo se encuentra estructurado por dos capítulos, en el primer capítulo se presenta el estudio sociocultural analizado a partir de encuestas y el segundo capítulo comprende la descripción filogenética del linaje mitocondrial de los individuos pertenecientes a los municipios de estudio en la región Istmo-costa y Depresión de Chiapas.

7. CAPÍTULO 1. ESTUDIO SOCIOCULTURAL: PLANTAS Y ANIMALES

7.1 MÉTODO CULTURAL

Se realizaron de 16 a 17 encuestas estructuradas por municipio en el estado de Chiapas en torno a la historia familiar (origen étnico, lengua original, lugar de nacimiento), uso y conocimiento de plantas y animales como *Crescentia cujete*, *Byrsonima crassifolia*, *Ceiba pentandra*, *Spondias*, *Plumeria rubra*, *Iguana sp.*, *Ctenosaura similis*, *Momotus sp.* y *Eumomota sp.* utilizadas por gente de cultura otomangue en la Selva Seca del Pacífico Centroamericano (Del Carpio, 2018 - comunicación personal-). Además de las encuestas (Anexo 2), se complementó con observación directa a través de recorridos de campo, fotografías *in situ* y registros en libreta de campo.

Las encuestas se analizaron con criterios cualitativos y se categorizaron de acuerdo a los datos obtenidos de las localidades en estudio convirtiéndolos en datos cuantitativos mediante el programa SPSS versión 24, llamado por sus siglas en inglés *Statistical Product and Service Solutions*; es un software informático que permite realizar análisis estadísticos de datos cualitativos aplicada a las Ciencias Sociales que se destaca por su utilidad, fácil manejo y fácil comprensión (Herrerías, 2005). Este programa ayudó a categorizar los resultados de las encuestas y así presentar un análisis estadístico adecuado.

Cabe mencionar que las variables o categorías usadas en el programa SPSS fueron más de una, en cuanto al uso que le daban a las plantas y animales, por lo que se agruparon en uno o más usos y así, de esa manera no se traslapaban las variables. En la siguiente tabla se pueden observar las variables que se corrieron en el programa en donde se observa claramente la diferencia que hay entre cada categoría.

Tabla 1. Variables registradas en el programa SPSS para el análisis estadístico.

Plantas		Animales	
Nombre	Valor= Variables	Nombre	Valor= Variables
<i>Crecentia cujete</i>	1= Consumo 2= Medicinal 3= Utensilio/medicinal/Adorno 4= Venta 5= Artesanal 6= Juguete 7= Utensilio/adorno/ofrenda 8= Ninguno	<i>Iguana sp.</i>	1=Consumo 2=Consumo/Ritual/ Religión 3=Ninguno
<i>Byrsonima crassifolia</i>	1= Consumo 2= Consumo/venta 3= consumo/medicinal	<i>Momotus sp.</i>	1=Consumo 2=Ninguno
<i>Ceiba pentandra</i>	1= Ornamental 2= Ritual 3= Construcción/Industrial 4= Ritual/ Construcción/ Industrial 5= Ninguno	<i>Dasyus novemcinctus</i>	1=Consumo/adorno 2=Consumo/ Adorno/ medicinal 3=Ninguno
<i>Spondias sp.</i>	1= Consumo 2= Consumo/ medicinal 3= Consumo/venta 4= Ninguno		
<i>Plumeria rubra</i>	1= Adorno/Ofrenda 2= Consumo 3=Adorno/ornamental 4=Medicinal 5= Ninguno		

7.2 RESULTADOS CULTURALES.

Perfil sociodemográfico de la población de estudio de Chiapas

Se obtuvo un total de 206 encuestados, 53.9% hombres y 46.1% mujeres con un rango de edad de 18 a 93 años, la mitad de la población tiene 42 años o menos (Tabla 1) en el periodo de los meses abril-septiembre del año 2018.

El mayor número de encuestados resultó en el municipio de Tonalá, y los menos encuestados, en los municipios de Arriaga y Jiquipilas (Tabla 2).

Tabla 1. Estadísticos de edad en la población de estudio de Chiapas

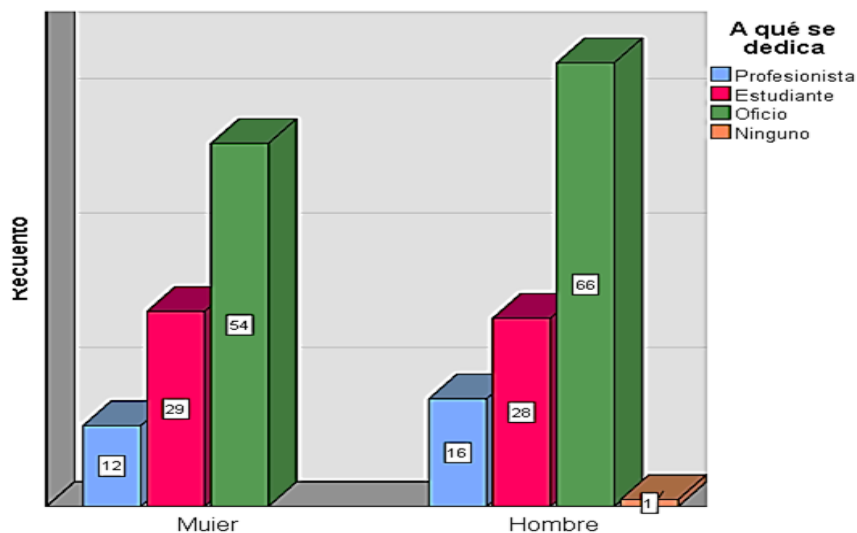
Frecuencia		Porcentaje
Mujer	95	46.1
Hombre	111	53.9
Total	206	100.0
Media		42.70
Error estándar de la media		1.436
Mediana		40.00
Moda		19
Desv. Desviación		20.603
Varianza		424.502
Asimetría		.516
Error estándar de asimetría		.169
Rango		75
Mínimo		18
Máximo		93
Percentiles	25	21.00
	50	40.00
	75	58.25

Tabla 2. Porcentaje de encuestados por municipio en la población de estudio de Chiapas. * Personas que viven en la comunidad sin definir su origen.

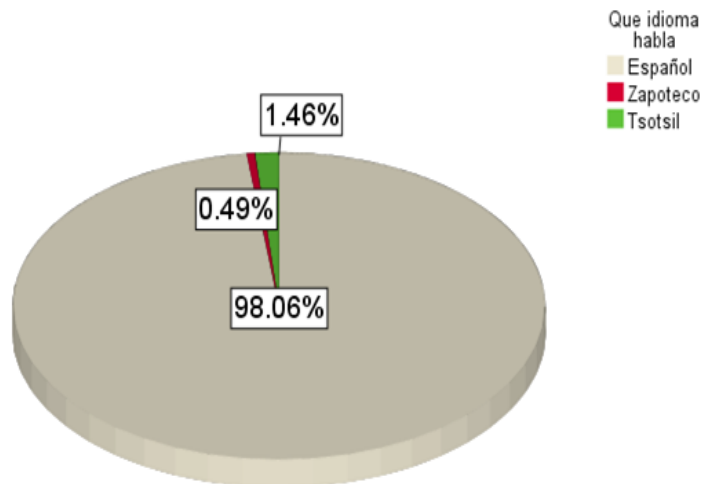
Municipio	Frecuencia	Porcentaje
Totolapa	15	7.3
Chiapilla	18	8.7
Acala	17	8.3
Chiapa de Corzo	16	7.8

Suchiapa	16	7.8
Villa Flores	15	7.3
Jiquipilas	14	6.8
Arriaga	13	6.3
Tonalá	22	10.7
Pijjiapan	18	8.7
Escuintla	16	7.8
Villa Comaltitlan	18	8.7
*Otro lugar	6	2.9
Oaxaca	2	1.0
Total	206	100.0

De la población de estudio, pocas son las personas con alguna profesión (16% hombres, 12% mujeres), la mayoría de las personas entrevistadas tienen un oficio (66% hombres, 54% mujeres) como agricultor, empleado de alguna institución pública, ama de casa, albañil, comerciante, chofer, intendente, panadero, velador. También se encontró que el idioma materno en la población es español (98%), pocas personas de habla tsotsil y zapoteca (1.46 y 0.49% respectivamente). (Gráfica 1 y 2).



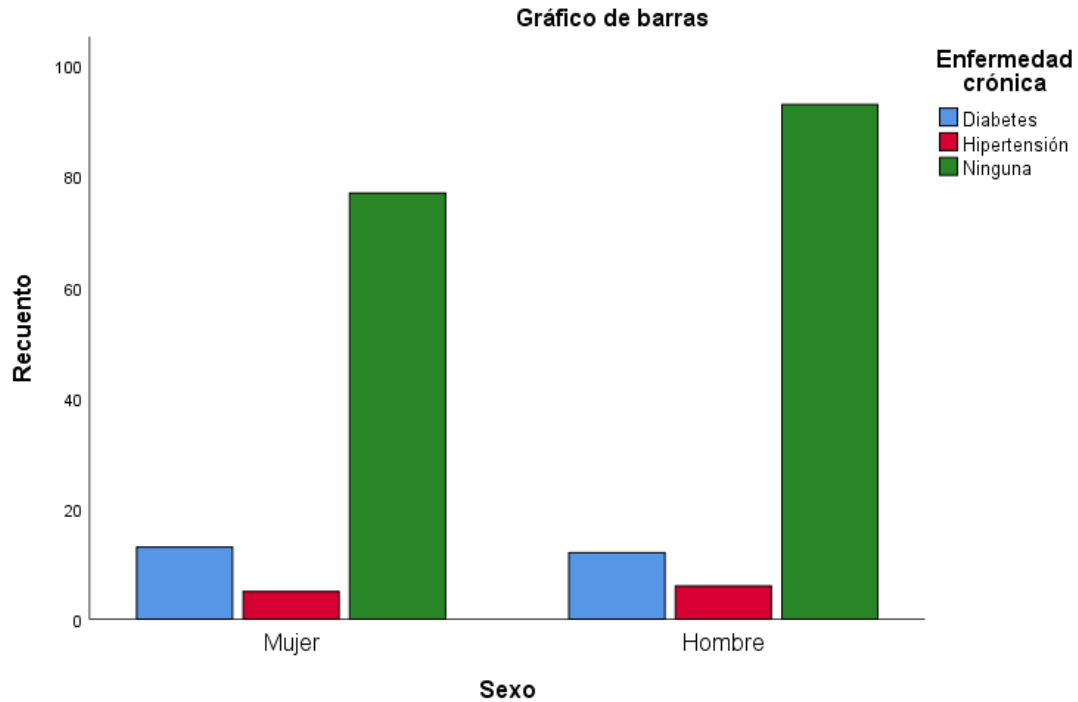
Gráfica 1. Gráfica de barras del nivel de estudio por género de la población de estudio de Chiapas.



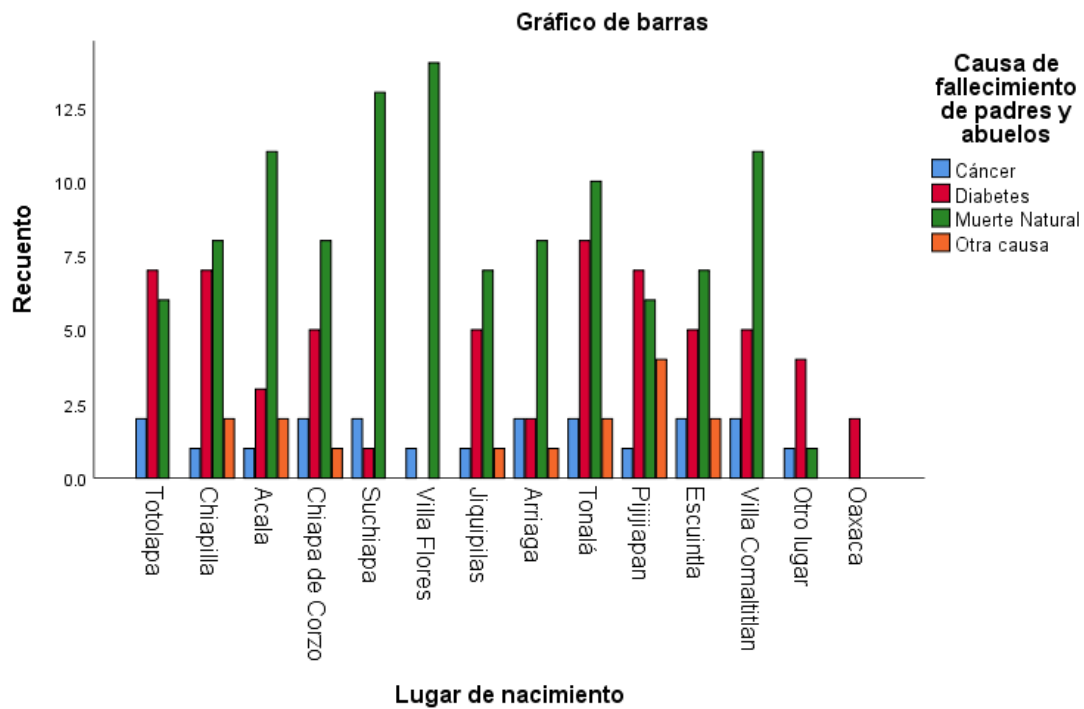
Gráfica 2. Gráfica de pastel que indica la lengua materna hablante de las personas entrevistadas en la población de Chiapas.

De acuerdo a las estadísticas de las enfermedades crónicas, un poco más del 80% de la población de estudio, dijeron no tener alguna enfermedad crónica. Sin embargo, las personas que dijeron padecer alguna enfermedad crónica, hicieron mención de Diabetes mellitus e hipertensión. En las mujeres, el 13.7% padecen de Diabetes y un 5.3% padecen hipertensión. Los hombres padecen un 10.8% de Diabetes y un 5.4% de hipertensión (Gráfica 3).

En cuanto a las estadísticas de mortalidad por alguna enfermedad crónica (Gráfica 4), solo mencionan dos enfermedades que causaron mortalidad en la población longeva: una de las enfermedades es Diabetes mellitus (29.6%) y el cáncer (9.7%). El 53.4% de la población de estudio fallecían de muerte natural y un 7.3% mencionaron otras causas de fallecimiento como accidentes automovilísticos, asesinatos, o simplemente no sabían la causa de fallecimiento de sus parientes.



Gráfica 3. Gráfica de barras que indica el padecimiento de alguna enfermedad crónica de la población de estudio.



Gráfica 4. Gráfica de barras que indica la mortalidad de la población de estudio de cada municipio.

Conocimiento y uso de flora y fauna relacionada con la cultura Otomangue

El desplazamiento de la población Otomangue, se llevó a cabo en Chiapas a través del corredor de Selva Baja Caducifolia (Espinoza *et al.*, 2018). Las relaciones de las personas con el ecosistema que los rodeaba, permitió un vínculo importante con la flora y fauna del lugar. Es así como de generación en generación han pasado el conocimiento de los usos de las plantas y los animales como el morro, nanchi, jobo, ceiba, flor de mayo, iguana, pájaro guardabarranco y armadillo (*Crecentia kujete*, *Byrsonima crassifolia*, *Spondias*, *Ceiba pentandra*, *Plumeria rubra*, *Iguana sp.* ó *Ctenosaura similis*, *Momotus sp.* ó *Eumomota sp.*, *Dasypus novemcinctus*); que jugaron un papel importante en las tradiciones familiares y que aportan información acerca del conocimiento tradicional de animales y plantas en esta población (Campbell, 2017a).

Conocimiento de la flora en la población de estudio

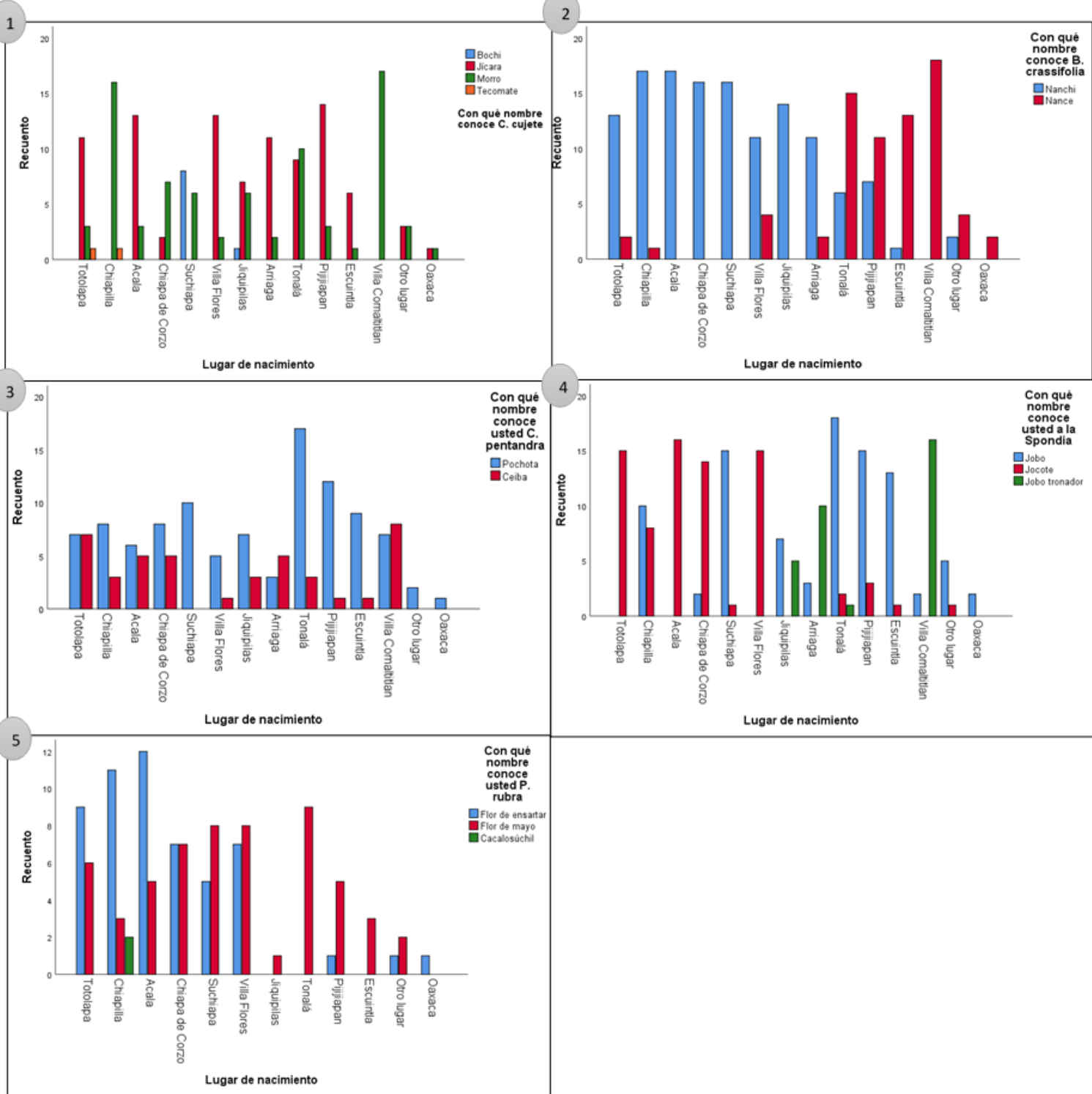
Como resultado se obtuvo que, todas las plantas encuestadas son conocidas por la población de estudio.

- 1) *Crecentia kujete*, comúnmente conocida como Jícara (45.6%) o morro (44.7%) (Tabla 3), puede observarse en la gráfica de barras (gráfica 5: 1) qué, en todos los municipios de estudio son conocidos con ambos nombres, la diferencia es mínima de 0.9% en la población.
- 2) *Byrsonima crassifolia*, conocida como nanchi (63.6%) por los de la depresión central y nance (35%) en la costa (Tabla 3), de acuerdo a los resultados obtenidos y como puede observarse en la gráfica 5:2.
- 3) *Ceiba pentandra*, del total de la población de estudio, sólo el 79% la conoce y es tiene como nombre común pochota (49.5%) y un 20.5% la conoce como ceiba en todos los municipios muestreados (Tabla 3, Gráfica 5:3).
- 4) *Spondias*, conocida comúnmente como jobo (44.7%) en la costa y como jocote (36.9%) en la Depresión Central (Tabla 3, Gráfica 5:4).

5) *Plumeria rubra*, conocida comúnmente como flor de mayo (26.2%) o flor de ensartar (27.7%) para la Depresión central, en la costa son pocas las personas que la conocen (Tabla 3, Gráfica 5:5).

Tabla 3. Conocimiento de las plantas relacionada a la cultura Otomangue en la población de estudio.

Nombre científico	Nombre común	Frecuencia	Porcentaje
<i>Crecentia cujete</i>	Bochi	11	5.3
	Jícara	94	45.6
	Morro	92	44.7
	Tecomate	2	1.0
	Total	199	96.6
		206	100.0
<i>Byrsonima crassifolia</i>	Nanchi	131	63.6
	Nance	72	35
	Total	203	98.6
		206	100.0
<i>Ceiba pentandra</i>	Pochota	102	49.5
	Ceiba	42	20.5
	Total	144	79
		206	100
<i>Spondia</i>	Jobo	92	44.7
	Jocote	76	36.9
	Jobo tronador	32	15.5
	Total	200	97.1
		206	100
<i>Plumeria rubra</i>	Flor de ensartar	54	26.2
	Flor de mayo	57	27.7
	Cacalosúchil	2	1.1
	Total	113	55
		206	100



Gráfica 5. Gráficas de barras del nombre común con que lo conocen las plantas encuestadas en la población de estudio, en donde 1) *Crescentia cujete*, 2) *Byrsonimia crassifolia*, 3) *Ceiba pentandra*, 4) *Spondia* y 5) *Plumeria rubra*.

Conocimiento y usos de la flora entre la población de estudio

En la siguiente tabla se muestra el resumen de los usos que le daban a la flora encuestada en la zona de estudio.

Tabla 4. Porcentaje total de usos de la flora en la población de estudio de Chiapas.

Usos/Plantas	<i>Crecentia cujete</i>	<i>Byrsonima crassifolia</i>	<i>Ceiba pentandra</i>	<i>Spondias</i>	<i>Plumeria rubra</i>
Consumo	1.5%	83.3%	-	87%	1.8%
Consumo/ medicinal	-	5.9%	-	3.0%	
Consumo/siembra y venta	-	10.8%	-	9%	
Utensilio/ medicinal/ adorno	91.8%	-	-	-	
Construcción/ industrial	-	-	36.1%	-	
Construcción/ Ritual/ Industrial	-	-	8.3%	-	
Adorno/ Ofrenda	-	-	-	-	84.1%
Adorno/ Ornamental	-	-	-	-	5.3%
Ornamental	-	-	35.4%	-	
Medicinal	1.5%	-	-	-	4.4%
Ritual	-	-	11.8%	-	
Siembra y venta	0.5%	-	-	-	
Artesanal	0.5%	-	-	-	
Juguete	0.5%	-	-	-	
Ninguno			8.3%	1%	4.4%
Total=	100%	100%	100%	100%	100%

Crescentia cujete

Es una de las plantas con mayor uso en los municipios encuestados, el uso más frecuente que mencionó la población de estudio es como utensilio/ medicinal/ adorno con un 91.8% de la población encuestada (Tabla 4).

Utensilio: la población la usaba dependiendo del tamaño del fruto, es usada como vaso, recipiente para cargar agua como thermo o comúnmente conocido como pumpo, para guardar tortillas, como cuchara, como traste para guardar alimentos, guardar sal o jabón de baño (Figura 11).

Adorno: pintaban el fruto y lo colgaban en sus hogares para adornar la habitación.

Medicinal (tabla 7): 1) Hierven la pulpa del fruto con agua y se toma un vaso diario para la gripa, tos, asma, cólicos menstruales, desparasitarse; 2) La pulpa fresca es usada para quemaduras o curar heridas abiertas; 3) La pulpa con miel y hierba sirve para curar heridas del ganado; y 4) usado para hacer ventosas, que combaten dolores en cualquier parte del cuerpo.



Figura 8. *C. cujete* usada como vaso con pozol o pumpo para llevar agua.

Byrsonima crassifolia* y *Spondias

El mayor uso que se le dan a estas dos plantas es de consumo con un 83.3% para la *B. crassifolia* y un 87% para las *Spondias* de la población encuestada (Tabla 4). Pocas son las personas (9 -10.8%) que mencionan hacer un curtido de estos frutos con alcohol y azúcar para vender (Figura 12).



Figura 9. Venta de curtido *B. crassifolia* y *spondias*

Sin embargo, también mencionan darles un uso medicinal a estas plantas:

- *B. crassifolia* hierven la flor de la planta y la consumen para desinflamar o cicatrizar. La cáscara usada para el dolor de muelas o cicatrizar granos de viruela (Tabla 7).
- *Spondias*, la hoja de planta se frota con alcohol y se pasa con huevo para combatir el mal de ojo (Tabla 7).

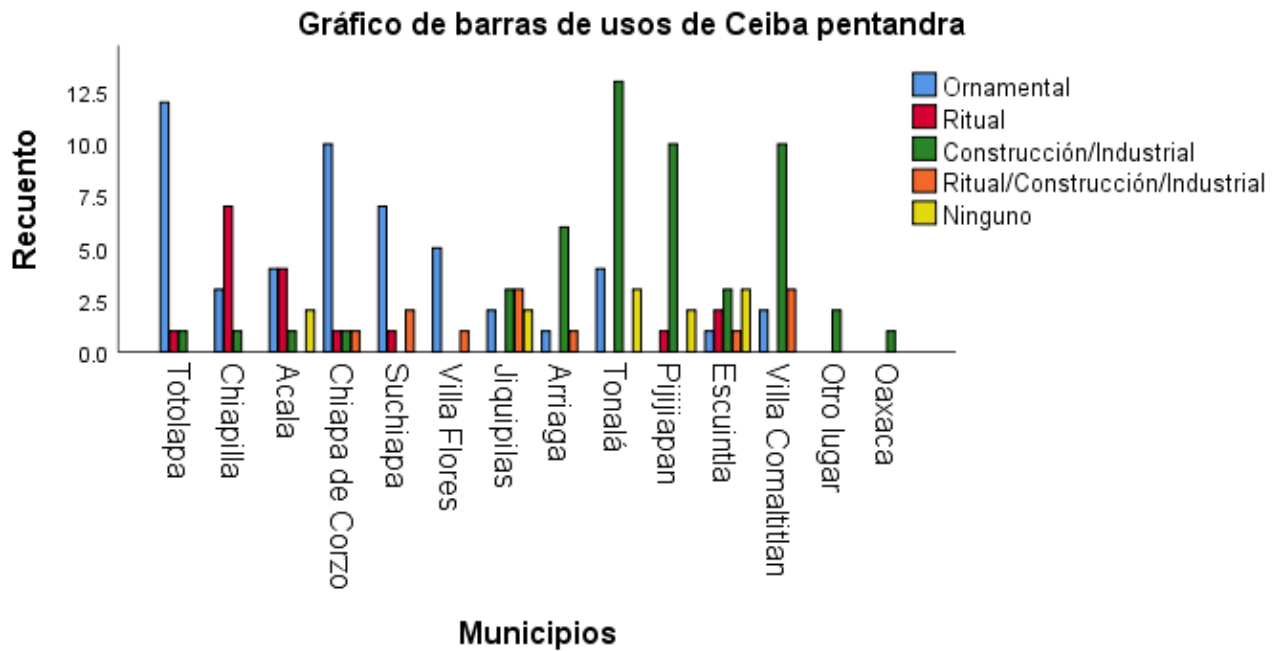
Ceiba pentandra

El mayor uso que le dan a la ceiba es como construcción/ industrial con un porcentaje de 36.1% de la población para los municipios de la costa y el 35.4% para los de la depresión central que mencionan darle un uso ornamental (Tabla 4). Las poblaciones de la costa le dan un uso de Construcción/ industrial, es decir, el algodón lo usaban para hacer almohadas, la madera para hacer postes de luz,

vigas, hacer canoas, lavaderos, corrales de ganado, base para camas, ataúd, usado como leña.

Las poblaciones de la Depresión Central mencionan darle uso ornamental para dar sombra; sin embargo, también le dan uso como Ritual (11.8% de la población total), que consistía en apadrinar la ceiba, es decir, nombrarlo padrino, abrazar el árbol, encenderle una veladora y así se curaban los granos que tenían las personas.

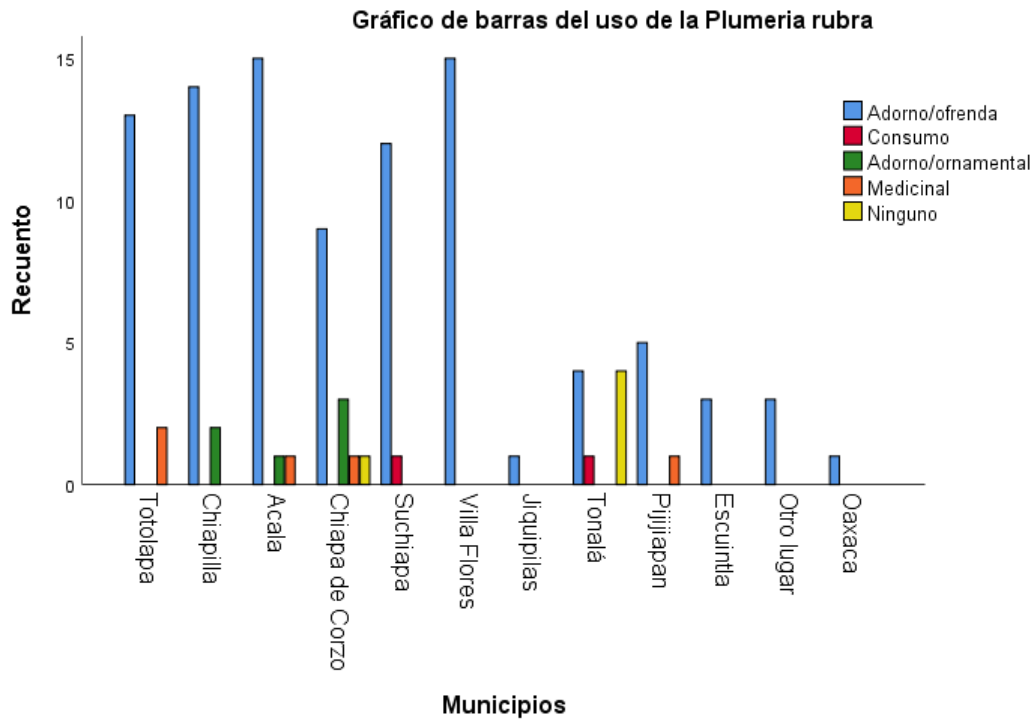
Estas diferencias en cuanto al uso de la ceiba en los municipios de la Depresión central y Costa, pude observarse en la gráfica 6.



Gráfica 6. Gráfica de barras del uso de la *Ceiba pentandra* en la población de estudio de Chiapas.

Plumeria rubra

Esta flor es usada mayormente como Adorno/ofrenda (84.4%), sin embargo, este uso se lo dan más en la Depresión central que en la Costa debido a que muy pocas personas de la Costa conocen esta planta (Gráfica 7). El 4.4 % de la población que le da un uso medicinal (Tabla 4 y 7), mencionan que hervían la flor en agua y lo usaban para la gripa, dolor de estómago, bajar la fiebre, sinusitis, como relajante.



Gráfica 7. Gráfica de barras del uso de *Plumeria rubra* en la población de estudio de Chiapas.

Conocimiento de la fauna relacionada con los otomangues en la población de estudio

Los resultados obtenidos de la fauna en las localidades de Chiapas son las siguientes:

- 1) *Iguana sp.*, el nombre común con que lo conocen es iguana con un 96.1% del total de la población (Tabla 5).
- 2) *Momotus sp.*, del total de la población encuestada, el 18.5% conoce esta ave. Lo conocen comúnmente como pájaro guardabarranco (17.5%), (Tabla 4). En los municipios de Escuintla y Arriaga no la conocen.
- 3) *Dasypus novemcinctus* conocido comúnmente como armadillo, solo la mitad de la población muestreada lo conocen (51.5%) (Tabla 5).

Tabla 5. Conocimiento de los animales relacionados a la cultura Otomangue en la población de estudio.

Nombre científico	Nombre común	Frecuencia	Porcentaje
<i>Iguana sp.</i>	Iguana verde	198	96.1
	Total	206	100
<i>Momotus sp.</i>	Guardabarranco	36	17.5
	Pájaro péndulo	1	0.5
	Tijerilla	1	0.5
	Total	38	18.5
		206	100.0
<i>Dasypus novemcinctus</i>	Armadillo	106	51.5
	Total	206	100

Usos de la fauna relacionada con los otomangues en la población de estudio.

En la siguiente tabla se muestra el resumen de los usos que le daban a la fauna encuestada en la zona de estudio.

Tabla 6. Porcentaje total de usos de la flora en la población de estudio de Chiapas.

Usos/Animales	<i>Iguana sp.</i>	<i>Momotus sp.</i>	<i>Dasyopus sp.</i>
Consumo/ adorno	93%	2.6%	51.9%
Consumo/ adorno/ medicinal	-	-	16%
Consumo/ Ritual/ religión	3.5%	-	-
Ninguno	3.5%	97.4%	32.1%
Total=	100%	100%	100%

Iguana sp. En la mayoría de las localidades mencionan consumirlo, ya sea en caldo, asado, en condimento como pepita o en mole. Sin embargo, en la localidad de Suchiapa, este animal es usado como ritual en el mes de junio cuando celebran al santísimo sacramento del altar “Corpus christi”, en donde ofrendan la iguana más grande que encuentren y las personas se lo colocan en los hombros para bailar el famoso “baile del calalá” o la “danza del chamula” (véase figura 13).



Figura 10. Imagen de la izquierda se puede observar la iguana usada para la danza del Chamula y en la imagen de la derecha es el monumento Corpus Cristo “danza del calalá” en el municipio de Suchiapa. Chiapas.

Momotus sp., la mayoría de la población encuestada no le da un uso a esta ave, solo el 2.6% menciona haberla consumido alguna vez o haberla pintado en manta; recordando que nuestro 100% del total son solo 38 personas (Tabla 5 y 6).



Figura 11. Caparazón de armadillo.

Dasypus sp., el mayor uso que le dan al armadillo es de consumo/adorno con el 51.4% (Tabla 6) tomando en cuenta el 100% a la mitad de la población. Sin embargo, algunas personas mencionan que le dan otros usos como adorno para la pared (Figura 14), que usaban el caparazón para guardar cosas como herramientas de trabajo o semillas para ir a sembrar. También mencionan darle uso medicinal (Tabla 7): en donde doraban el caparazón y lo molían, se lo dejaba remojar en agua. 1) remojar un algodón y lo usaban para el dolor de oído; 2) lo tomaban para curar la tos, anemia, gripa, bronquitis, cáncer; 3) la grasa del armadillo era usado para lubricar los engranes de las carretas.

A continuación se muestra una tabla con los usos medicinales que le dan a las plantas y animales estudiadas en las poblaciones de Chiapas.

Tabla 7. Padecimientos tratados con plantas y animales usados como medicina tradicional en las comunidades de la Depresión central y Costa de Chiapas.

Nombre científico	Padecimiento	Estructura vegetal/animal usada	Forma de preparación	Vía de administración
<i>Crecentia cujete</i>	gripa, tos, asma, cólicos menstruales, desparasitarse, quemaduras, heridas abiertas, ventosas	Pulpa Epicarpio del fruto	Hervido Fresco	Oral Dérmico
<i>Byrsonima crassifolia</i>	Cicatrizar granos de viruela Dolor de muelas Mal de ojo	Flor Hoja	Hervido Fresco	Oral Dérmico
<i>Spondia spp.</i>	Mal de ojo	Hoja Fruto	Frotarse	Dérmico
<i>Plumeria rubra</i>	gripa, dolor de estómago, bajar la fiebre, sinusitis, como relajante	Flor	Hervido	Oral
<i>Dasypus novemcinctus</i>	Dolor de oído, tos, anemia, gripa, bronquitis, cáncer	Caparazón	Molido y hervido	Oral

7.3 DISCUSIÓN

La investigación realizada en el estudio sociocultural de la población de Chiapas se encontró que, del total de la población (206 personas), sólo el 15 y 16% tienen una profesión, la mayoría tienen un oficio como se observa en la gráfica 1. Estos valores encontrados, al compararlos con los datos obtenidos del Instituto Nacional de Estadística y Geografía (INEGI, 2015b), Chiapas tiene el 15% del total de la población en un nivel superior del nivel educativo, por lo que el 85% al no tener una profesión se quedan en niveles de estudio básicos, infiriendo que requieren de un oficio para salir adelante económicamente.

En cuanto a la lengua indígena hablada en la población de estudio de Chiapas, los resultados que se obtuvieron en la gráfica 2 nos muestra que el 98% de la población encuestada no hablan ninguna lengua indígena, se esperaba encontrar un porcentaje aceptable de habla indígena que se pudiera relacionar a la familia lingüística otomangue. Sin embargo, como menciona el informe del Instituto Nacional de Lenguas Indígenas (INALI, 2012, 2018), se cree que los hablantes de lenguas indígenas se encuentran en riesgo de desaparición debido a la disminución del número de hablantes, en la dispersión geográfica, en el predominio de hablantes adultos y en la tendencia al abandono de estrategias de transmisión a las nuevas generaciones, entre otros. Esto podría justificar por qué en este estudio la mayoría de las personas encuestadas no hablan alguna lengua indígena. Se esperaba encontrar un porcentaje significativo del número de hablantes, pero fueron pocas las encontradas de habla tsotsil (1.46%) y zapoteco (0.49%), que pertenecen a la familia lingüística maya y otomangue respectivamente.

Otro dato importante en los resultados sociodemográficos es relacionado con las enfermedades crónicas, siendo el 24.5% de la población con Diabetes mellitus y como causante de la mortalidad en la población longeva con un 29.6% como se observa en la gráfica 3 y 4. Estas cifras son estadísticamente significativas debido a que esta enfermedad tipo crónico-degenerativo, es causa de fallecimiento en Chiapas de acuerdo a las investigaciones de Jiménez y Núñez

(2016), con datos obtenidos del Instituto Nacional de Estadística y Geografía (INEGI) en 2014, donde menciona que la principal causa de muerte en México y Chiapas del año 2013 es por Diabetes mellitus con un 75.5% y 49.7% respectivamente. También mencionan que, en Chiapas, durante el período de 1998 a 2013 las cifras se duplicaron pasando de 21.3% muertes a 49.7%. Así pues, a nivel mundial la Organización Mundial de Salud (OMS, 2016), reporta en su informe que en el año 2012 ocurrieron en el mundo 1,5 millones de defunciones provocado por diabetes como consecuencia directa del sobrepeso y de la obesidad. Así como también, la Secretaría de Salud (SSA, 2018) menciona que, la causa de mortalidad en mayores de 20 años es por Diabetes mellitus y menciona que, durante el periodo 2011-2016, la tasa de mortalidad por diabetes se incrementó pasando de 114.1 a 135.7.

Por otro lado, el conocimiento de flora (*Crescentia cujete*, *Byrsonima crassifolia*, *Ceiba pentandra*, *Spondia*, *Plumeria rubra*) y fauna (*Iguana sp.*, *Momotus sp.*, *Dasybus novemcinctus*.) analizada en las encuestas de este proyecto, fue clave para obtener datos que nos conecte de alguna u otra manera con la cultura de la lengua zapoteca o chiapaneca (aunque ya está extinta esta lengua) pertenecientes a la familia lingüística otomangue de acuerdo a la clasificación de Kaufman (1974). Todas estas especies de plantas y animales se encuentran reportadas como especies frecuentes en la región de selvas bajas caducifolias por Ceballos y colaboradores (2010).

Boege (2006, 2008) menciona que, del total de la vegetación de selva baja caducifolia, el 12.5% se encuentran en territorios indígenas, el cual pertenecen a 28 pueblos indígenas de los que destacan los tarahumaras, huicholes, zapotecos, tepehuanes, nahuas de guerrero, guarijios, mixtecos, cora, pame, mixe y mayos. Así mismo nos menciona que, los estados de Oaxaca, Chiapas, Veracruz, Guerrero, Nayarit y Yucatán, tienen una alta presencia de pueblos indígenas que juegan un papel principal para la conservación y el desarrollo sustentable.

El tipo de vegetación de selva baja caducifolia es muy importante en este proyecto, ya que se trata de comparar las lenguas de la familia otomangue con su

distribución geográfica y la vegetación. Además como nos menciona Navarro-Garza y colaboradores (2012), la selva baja caducifolia es importante por su amplia distribución en la República mexicana, en particular por su alta diversidad, endemismo y su importancia en los servicios agroecosistémicos. A partir de ello, se discuten los resultados obtenidos sobre las especies de plantas y animales.

Para empezar, los resultados obtenidos de la especie *Crescentia cujete*, arrojó que es conocida como jícara (45.6%) o morro (44.7%) (véase tabla 3, gráfica 5), además no se encontró diferencias entre las regiones geográficas (Depresión Central y Costa de Chiapas) sobre el nombre común como se le conoce a esta especie. Tanto Geilfus (1989) como Pool-Chalé (2014) mencionan que la especie *C. cujete* pertenece a culturas mesoamericanas, nativo de México y conocida con varios nombres comunes como jícaro, jícara, morro, guacal, calabacero totumo, cujete, cirián, tocomate, guaje.

En cuanto al uso que le dan a *C. cujete*, en este estudio se encontró que, el 91.8 % de la población encuestada lo utiliza como utensilio, adorno y medicinal, véase en la tabla 4. Quezada y colaboradores (2010), mencionan que en Nicaragua la especie *C. cujete* tiene diferentes usos como la pulpa, se usa para tratar afecciones bronquiales y pulmonares; la jícara se manufacturan cuchara, huacales, jícara (en sustituto de vasos o pocillo), pascón. La pulpa y follaje se usa como barbasco para pesca, mata ratas. Por otro lado, Pool-Chalé (2014) menciona que en Yucatán utilizan el epicarpio del fruto de *C. cujete* para la elaboración de utensilios como cucharas, vasijas, entre otros; y que utilizan las jícaras como recipientes para colocar diversos dulces y bebidas regionales. También menciona la elaboración de vasijas para su venta, así como para uso doméstico.

Al compararlos con los resultados obtenidos, el uso que le dan es similar al que se le da en las comunidades de Chiapas, ya que las personas mencionan usarlo como vaso, plato, cuchara, para guardar cosas de uso doméstico, además de la elaboración de vasijas para su venta que representa el 0.5% de la población encuestada, véase tabla 4. El uso de la jícara para bebidas regionales, acá en

Chiapas se usa mucho para tomar bebidas refrescantes como el Pozol, el cual viene siendo parte de la originalidad de nuestras tradiciones y costumbres. Estas similitudes de los usos de *C. kujete* en Chiapas, Yucatán y Nicaragua, puede relacionarse quizás por la cercanía geográfica o por los asentamientos de las culturas pertenecientes a la familia otomangue, como nos menciona De Ávila (2004).

Referido al uso medicinal de *C. kujete*, Heinrich y colaboradores (1999) mencionan que los zapotecas (familia otomangue) y los mixes (familia mixe-zoque) usaban a la especie para enfermedades respiratorias, y de acuerdo a los resultados obtenidos, las personas mencionaban curar el asma, la tos y la bronquitis con la pulpa del fruto (Tabla 7); al igual que mencionan Orantes-García y colaboradores (2018), en su listado florístico medicinal en la Selva Zoque usado para los mismos síntomas que se encontraron en nuestros resultados. Y por último Farrera-Sarmiento y colaboradores (2019), nos mencionan que en municipios de Berriozabal, Cintalapa, Jiquipilas, Tuxtla Gutiérrez y Ocozocoautla de Chiapas, usan la pulpa de la ceiba para enfermedades respiratorias.

En seguida tenemos la especie *Byrsonimia crassifolia*, conocida comúnmente como nanchi (63.6%) en la Depresión Central y como nance (35%) en la Costa de Chiapas, esto puede observarse en la tabla 3 y en cuanto a las diferencias del nombre común en las regiones geográficas, se observa mejor en la gráfica 5. En el estudio de Avilés-Peraza (2015) menciona que esta especie es conocida comúnmente como nance o nanchi en Yucatán, como nandzin en Chiapas y nance agrio en Tabasco. Sin embargo, Espinosa y colaboradores (2017), mencionan que en Tabasco *B. crassifolia* es conocida como maricao, manteco, chi, maricao verde, nance, nance agrio, nance verde, nanche o nanchi.

De acuerdo al uso que le dan a esta especie *B. crassifolia*, Heinrich y colaboradores (1999) mencionan que es utilizada para tratar enfermedades gastrointestinales usado principalmente por zapotecas, tselsat, tsotsil y mixe. Otros autores como Martínez-Moreno y colaboradores (2006) mencionan que la especie *B. crassifolia* forma parte de la flora autóctona de Mesoamérica, el cual

son usados para cultivar en huertos familiares y en parcelas pequeñas para la producción generalmente de autoconsumo. De acuerdo a lo mencionado por estos autores, *B. crassifolia* tiene mucha importancia en la población principalmente como alimento, medicinal, ornamental, construcción, maderable y combustible. En este proyecto se obtuvo que el 83.3% de la población mencionan consumirlo y un 5.9% mencionan darle un uso medicinal para desinflamar, cicatrizar (granos de viruela) y para el dolor de muelas, véase en la tabla 4 y 7.

Además Avilés-Peraza (2015) menciona que en Yucatán los usos cotidianos que le dan a *B. crassifolia*, es como ornamental o para hacer cercas vivas, usada a veces para carpintería y construcciones ligeras, pero mayormente usada como leña y carbón. También nos menciona el uso de medicina tradicional, para curar padecimientos como diarrea, enfermedades infecciosas de la piel, enfermedades respiratorias, para reafirmar los dientes, para cicatrizar úlceras, para el fortalecimiento post parto y estimulación de la lactancia, para favorecer la digestión, limpiar el vientre, estimular el apetito, en el tratamiento de disentería, estomatitis y trastornos menstruales, entre otros.

Los autores Orantes-García y colaboradores (2015, 2018), mencionan que en las comunidades de Chiapas utilizan esta especie en la medicina tradicional como antidiarréico por sus propiedades astringentes; también se utiliza para infecciones en la matriz e inflamación en los ovarios y otros tipos de desórdenes digestivos como disentería y dolor de estómago. Además, mencionan el uso de la madera como leña y carbón, en la construcción de muebles, gabinetes, puertas, ventanas, y como herramientas. Por su contenido de taninos, la corteza se ha utilizado para curtir y teñir pieles y como veneno artesanal para la pesca en ríos. Por último Farrera-Sarmiento y colaboradores (2019), mencionan usar la *B. crassifolia* como medicinal para curar enfermedades gastrointestinales en los municipios de Berriozabal, Cintalapa, Jiquipilas, Tuxtla Gutiérrez y Ocozocoautla de Chiapas.

En cuanto a los resultados obtenidos por el género de las *Spondias*, se encontró que es conocido como Jobo (44.7%) mayormente en comunidades de la

costa de Chiapas y como jocote (36.9%) en la Depresión central de Chiapas, esto puede observarse en la tabla 3, gráfica 5. Se consideró utilizar solo el género porque como nos menciona Arce-Romero y colaboradores (2017), se reconocen dos especies importantes de las ciruelas mexicanas: *Spondias purpurea* y *Spondias mombin*; de las cuales nos dice que *S. purpurea* está relacionada con selvas medianas y bajas caducifolias y de *S. mombin* con selvas medianas y altas perennifolias. Por lo que se discutirá la especie *S. purpurea* por que se distribuye en el tipo de vegetación de selva baja caducifolia.

Al comparar los resultados obtenidos del nombre común con otros autores, justifica el por qué la diferencia en las regiones geográficas de Chiapas. En el trabajo realizado por Salgado-Mora y colaboradores (2007), mencionan que las *Spondias* son conocidas como Jobo, por municipios de la costa de Chiapas y en el trabajo de Alia-Tejacal y colaboradores (2012), mencionan ser conocidas en Chiapa de corzo (municipio ubicado en la Depresión Central de Chiapas) como Jocote grande, Jocote de ostuta, Jocote de azúcar, Jocote de agua, Roja dulce. Por otro lado, Mitchell y Daly (2015) mencionan ser conocidas como ciruela o ciruelo en Colombia, República Dominicana, México (Jalisco), Puerto Rico, Brasil, Ecuador, Panamá, Honduras y Bolivia; como jocote en Costa Rica, Nicaragua, Belice, Panamá, Honduras y El Salvador; y como Jobo en Chiapas, México.

De acuerdo al uso que le dan a las *Spondias*, se encontró que el 87% de la población muestreada la consume, el resto de las personas la usan como venta (9%) y medicina tradicional (3%), esto puede observarse en la tabla 4 y 7. Ruenes Morales y colaboradores (2012), mencionan que en Yucatán, consumen el fruto ya sea fresco, dulce, guisados o en bebida refrescante. Similar al uso que le dan en los municipios de Chiapas aunque también son fermentados con alcohol como lo mencionan Mitchell y Daly (2015) donde dicen consumirlo crudas, en jugos o con bebidas alcohólicas (para aromatizar o fermentar).

Respecto al uso medicinal de las *Spondias*, específicamente en el municipio de Villa Comaltitlán, lo utilizan para la irritación en la piel aplicando la hoja mezclada con alcohol en la parte afectada y el mal del ojo empleando el fruto con

alcohol. Espinosa y colaboradores (2017) indican que la corteza y la hoja son antipiréticos y antidiarreicos, por lo que la hoja puede usarse como tratamiento para el salpullido, la infusión de hojas se usa para lavar heridas, inflamaciones y quemaduras. Otros usos medicinales encontrados son: la preparación de jarabe para curar la diarrea crónica con el fruto, la decocción astringente de la corteza se usa como remedio para la sarna, úlceras, disentería y para hinchazón causado por gas intestinal en bebés. Mitchell y Daly (2015) nos comentan que en la Guayana Francesa se ha utilizado para purificar la sangre, en Panamá se ha usado la infusión de hojas para problemas de la piel y en Nicaragua, usan la decocción de la corteza y las hojas como abortivo y para tratar la fiebre, la malaria y la diarrea.

En los resultados obtenidos de la especie *Ceiba pentandra*, se encontró que el 49.5% de la población lo conocen como pochota y el 20.5% lo conocen como ceiba. No se encontró diferencias de cómo lo conocen en ambas regiones geográficas de Chiapas, véase en la tabla 3, gráfica 5. Sin embargo, en los estudios de Salgado-Mora y colaboradores (2007) y Orantes-García y colaboradores (2018), hallaron que en los municipios de la costa de Chiapas lo conocen como Ceiba y en los municipios de la selva-zoque del estado de Chiapas, lo conocen como pochota.

Por otro lado, Mari Mut (2015), señala que el árbol de la Ceiba es conocida por distintos nombres según idioma y dialecto a lo largo de su distribución geográfica. En México es conocida por lo menos por 14 nombres, siendo algunos como *cuyishtin* (lengua popoluca, Veracruz), *pishtin* (Chiapas), *póchotl* (lengua náhuatl), *tunuum* (lengua mixteca, Oaxaca) y *yaga-xeni* (lengua zapoteca, Oaxaca); todas las lenguas mencionadas pertenecen a la familia otomangue.

En los resultados obtenidos sobre el uso de la *C. pentandra*, se encontraron diferencias de uso entre las dos regiones geográficas, ya que en la Depresión central de Chiapas mencionan darle uso ornamental o ritual (34.5 y 11.8%) véase tabla 3, gráfica 6. En cambio, en la costa de Chiapas, las personas le dan uso de construcción-industrial (36.1%), usando el algodón para el relleno de almohadas y la madera del árbol para hacer canoas, postes de luz, muebles y como leña. Solo

el 8.3% de la población no le dan uso a la ceiba. Los autores, Del Carpio (2005), Segleau (2008) y; Orantes-García y colaboradores (2015) mencionan que la *C. pentandra* es considerado como árbol sagrado en toda Mesoamérica. Llamado como el *tloatoani*, el “gran señor”, el gobernante, maestro, que protege y guía al pueblo (Del Carpio, 2005). En los municipios de la Depresión Central mencionan hacer un ritual al árbol de la ceiba para curarse de los granos, que consistía en nombrarse padrino con la ceiba, prender una veladora y abrazar el árbol. Quizás el ritual usado tiene que ver con el pensamiento de los mayas de que la ceiba permite la comunicación con un mundo celestial, a través de las ramas y con las fuerzas del inframundo a través de las raíces (Del Carpio, 2005).

La Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (CONABIO, 2013), señala que le dan uso a la fibra fina para relleno y Mari Mut (2015) menciona que durante siglos se ha usado la fibra llamada kapok (fibra que se encuentran en los frutos) para rellenar almohadas, colchones y cojines; y que por ser muy inflamables, probablemente algunos grupos indígenas lo usaron para comenzar fuegos. En cuanto al uso de la madera, Mari Mut (2015) menciona que la ceiba probablemente fue usada para la construcción de canoas, siendo de suma importancia para los grupos indígenas para conseguir alimento y para la navegación. Sin embargo, menciona que probablemente los indígenas preferían otros árboles como el cedro, el tabonuco y otras especies por su mayor durabilidad. Por otro lado, Orantes-García y colaboradores (2015), mencionan usar la madera en comunidades campesinas e indígenas de la Selva Zoque, Chiapas, para la elaboración de mango de herramientas, artesanía, construcción rural y como leña.

Aunque en la investigación realizada en las comunidades de Chiapas no se encontraran usos medicinales para a la especie *C. pentandra*, algunos estudios como Segleau (2008) menciona que en Costa Rica le dan distintos usos medicinales de acuerdo a las partes del árbol. La decocción de la corteza se usa para el dolor de estómago, diarrea, problemas cardiacos, asma, y heridas. Los tallos se consideran anti-inflamatorios para postemas y tumores. Las hojas son

emolientes, usada para quemaduras y salpullido. La decocción de la flor como emoliente, y contra el estreñimiento. Orantes-García y colaboradores (2015, 2018) mencionan usar el tronco de la ceiba como antiinflamatorio de postemas y tumores, así como dolor de muelas e inflamación de encías.

Para terminar la discusión de plantas, los resultados obtenidos de la especie *Plumeria rubra*, se obtuvo que es conocido como flor de mayo (27.7%) en la costa y flor de ensartar en la Depresión Central (26.2%), la otra mitad de la población no conocen la flor, véase en la tabla 3 y en la gráfica 5 se puede observar las diferencias entre las regiones geográficas. Se le conoce como flor de ensartar por la elaboración de cadenas con la flor en una vara o hilo. En Oaxaca es conocida como cacalosúchil y en Chiapas solo el 1.1% (tabla 3) lo conoce con ese nombre, en Guerrero conocida como Rosa blanca y en Yucatán como “flor de mayo” o campechana; nos mencionan los autores Boege (2008), Navarro-Garza y colaboradores (2012); y Fernández-Concha (2012).

El mayor uso que le dan a la *P. rubra* en la Depresión central de Chiapas es como adorno (84.4%), medicinal (4%) y consumo (1.8%), el resto de la población (4.4%) no le da ningún uso (véase Tabla 4 y 7). Esta especie es muy importante en Nicaragua ya que es conocida como símbolo nacional de Nicaragua según nos menciona Quezada y colaboradores (2010). También mencionan que usan la madera como tornería y como medicinal, usan la savia lechosa como un peligroso purgante, para curar heridas y pústulas venéreas; y para pegar las capas de tabaco en la fabricación de puros artesanales.

En cuanto a los usos que le dan en Chiapas, los autores Ríos-García y colaboradores (2015), nos mencionan que le dan uso a la madera para hacer postes y el uso mágico- religioso, que se refiere al uso de la flor en festividades como adornos en altares con ensartas de flor de mayo principalmente para la fiesta de mayo dentro de las comunidades (Santa Cruz y San Isidro). Otros autores como Orantes-García y colaboradores (2015, 2018) mencionan en su estudio que en las comunidades de la Selva Zoque de Chiapas, emplean esta planta como cerco vivo y como ornamental en parques y jardines. Además,

mencionan usarla como medicina tradicional, usando infusión de la corteza para curar contusiones internas y el látex para curar heridas. Sin embargo, en el estudio realizado en la Costa y Depresión de Chiapas, se encontró el uso de la flor para diferentes enfermedades como gripe, dolor de estómago, fiebre, sinusitis y como té para relajante.

A continuación, se discutirán las especies de animales silvestres importantes para este estudio. Según nos menciona González (2001), los animales jugaban un papel importante en los pueblos mesoamericanos; el hombre de las sociedades antiguas consideraban que los animales tenían una relación con lo divino, convirtiéndolos así en mitos, leyendas y símbolos fundamental para la cultura. Uno de los aspectos más importantes de la relación de los hombres con los animales estaba dada por el beneficio que consiguen de ellos, principalmente como alimento, ya sea en sociedades cazadoras, pastoras o agricultoras.

La Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (CONABIO, 2013) menciona que en Chiapas, la fauna silvestre representa gran importancia para la población humana desde tiempos prehispánicos. Especies de animales como aves, reptiles y mamíferos han sido utilizadas con diferentes propósitos alimentarios, medicinales, religiosos, comerciales, ornamentales y recreativos. En cuanto a los resultados obtenidos, la especie *Iguana sp.*, conocida como iguana verde (96.1%, véase en la tabla 5) y la especie *Dasypus novemcinctus* conocida como armadillo (51.5%, véase en la tabla 5), mencionaron el consumo como mayor uso (93% y 51.9% tomando la mitad de la población como el 100%, véase tabla 6); hecho en distintos guisos como caldos, asado, condimentados en pepita y mole, entre otros. De acuerdo estos resultados, Lira y colaboradores (2016) en su estudio en la Selva Zoque de México, mencionan usar como alimento a la iguana y el armadillo, caracterizado por la ingesta de carne.

Por otro lado, cabe mencionar que el armadillo (*Dasypus novemcinctus*.) no estaba dentro de la lista de especies para encuestar, sin embargo, se tomó en cuenta por la importancia que hay en la cultura de la población, su distribución geográfica y su utilidad significativa en los pobladores. La Comisión Nacional para

el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (CONABIO, 2013), considera al armadillo dentro de las especies utilizadas con mayor frecuencia en la caza con el objeto de obtener carne, trofeos, deporte o para la venta. En los resultados obtenidos, se encontró el uso del caparazón del armadillo como adorno (Figura 9) o como herramienta de trabajo para guardar instrumentos o semillas para la siembra.

Otro de los usos importantes encontrados en este estudio sobre el armadillo, es el medicinal (16%, véase tabla 6 y 7); usando el caparazón del animal para curar el dolor de oído, la tos, bronquitis, gripa, anemia y cáncer. Vázquez y colaboradores (2006) encontraron que en los Altos de Chiapas, el caparazón del armadillo es usado para curar enfermedades como disentería (infección en los intestinos produciendo diarrea hemorrágica), tos ferina, tuberculosis y acelerar partos, éste último usando la cola del armadillo. Estos autores mencionan algo importante en su estudio, que la fauna silvestre utilizada en la medicina tradicional implica un conocimiento minucioso de las partes y productos de los animales utilizados, demostrando un amplio estudio empírico en la población.

A pesar de que estas especies de animales son considerados importantes en los usos y costumbres de las poblaciones de Chiapas, en los estudios realizados por Lorenzo y colaboradores (2007) y Ávila-Nájera y colaboradores (2018) muestra que la iguana y el armadillo se encuentran en la lista de especies en riesgo de la NOM-059-SEMARNAT-2010, son leyes y reglamentos que están para el uso regulado en el manejo de poblaciones silvestres. Sin embargo, existe un desconocimiento notable sobre la situación de riesgo de numerosas especies de mamíferos y reptiles locales, lo que provoca la pérdida de hábitat y cacería indiscriminada.

Finalmente, en cuanto a las aves, Navarro-Sigüenza y colaboradores (2014) nos mencionan que las aves en la historia de los pueblos siempre han estado presentes como símbolos mágicos o religiosos, y que son atractivas por sus coloridos plumajes, sus llamativos cantos y la capacidad de volar. Junto con el

trabajo de Berlanga y colaboradores (2015), reportan la presencia de 1, 107 especies en México, que corresponde al 10.6% del total de especies, situando al país en el octavo lugar con mayor riqueza avifaunística a nivel mundial. Así mismo, la Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (CONABIO, 2013) menciona que en Chiapas, se registra el aprovechamiento de cuando menos 103 especies silvestres, dentro del cual se encuentran las especies *Momotus mexicanus* y *Momotus momota*, esta ave es usada como mascota o usan sus coloridas plumas. Sin embargo, en el estudio realizado se descubrió que esta ave casi no es conocida en los municipios de Chiapas, ya que del total de la población encuestada solo el 17.5% lo conoce como guardabarranco, y tan solo el 0.5% la conoce con el nombre de pájaro péndulo y tijerilla (véase en la tabla 5). De acuerdo a los usos y conocimientos del *momotus*, solo el 2.6% han dicho consumirlo, esto puede observarse en la tabla 6.

Nuestros datos y su comparación con datos similares obtenidos por otros investigadores en el área centroamericana, sugieren que el conocimiento y uso de estas especies es un rasgo cultural compartido por los habitantes de las selvas secas del Pacífico o selvas bajas y medianas caducifolias. Lo que puede considerarse una contribución que apoya la hipótesis sobre la distribución del pueblo otomangue en selvas secas de Mesoamérica. La especie cuyo conocimiento no es común, el guardabarranco, es la nota discordante, por lo que habrá que profundizar más en su investigación. ¿Desde cuándo es el ave nacional de Nicaragua?, los pueblos de la costa del Pacífico de Nicaragua se identifican con esta ave o es un intento del gobierno de asociar la especie a un imaginario colectivo nacional.

7.4 CONCLUSIÓN

- Los estudios culturales revelaron una conexión importante no solo con la cultura de la familia otomangue (zapotecas y popolocas), sino también con otras familias lingüísticas como maya y mixe-zoque (tselsat, tsotsil, mixe); debido al mestizaje actual que presenta la población.
- Las poblaciones de Chiapas y sus similares de Nicaragua tienen un amplio estudio empírico de la flora y fauna silvestre que, en resumen, son usadas mayormente como consumo, adorno, ornamental, medicinal, ritual, construcción, maderable y combustible.
- El mayor uso de las plantas utilizadas en la medicina tradicional de las comunidades es para problemas gastrointestinales, aunque también fueron numerosas para problemas dermatológicos y respiratorios.
- La especie botánica mayormente usada es la especie *Crescentia cujete*, con un uso cultural muy extenso en los municipios de Chiapas y en Centroamérica en general, donde es muy abundante en la costa del Pacífico; y en cuanto a los animales, la iguana es la especie más presionada.
- Los conocimientos de plantas y animales fueron similares en ambas regiones geográficas.

8. CAPÍTULO 2. ESTUDIO DEL LINAJE MITOCONDRIAL EN CHIAPAS.

8.1 MÉTODO GENÉTICO

Trabajo de Laboratorio

Muestras biológicas

Se colectaron muestras biológicas de frotis bucal (células epiteliales de la boca) con 9 hisopos citológicos estériles de 16 o 17 personas en las 12 localidades del área de estudio. Los donantes fueron individuos adultos mayores de 18 años, no relacionados parentalmente. De acuerdo al trabajo realizado por Castro *et al.*, (2009), se aseguró que sean originarios de la localidad y que por lo menos, tres generaciones de antepasados hayan nacido y vivido ahí, lo que nos remontaría aproximadamente a 150 años atrás, además firmaron un consentimiento informado y aprobado por el Comité de Bioética de la Universidad de Ciencias y Artes de Chiapas. Las muestras se transportaron en sobres de papel, sellados, almacenados y refrigerados en el laboratorio de Ecología Evolutiva de la Universidad de Ciencias y Artes de Chiapas para su procesamiento.

Extracción, amplificación y visualización del ADN

Para proceder con la extracción del Ácido Desoxirribonucleico (ADN), se hizo un lavado de los hisopos en 4 ml de agua estéril dentro de tubos cónicos para centrifuga de 15 ml, para desprender las células epiteliales de los hisopos en el agua estéril. Enseguida se centrifugó 30 minutos y se tiró el sobrenadante, tratando de obtener 1 ml de células para proceder a extraer el ADN. El método que se utilizó para la extracción de ADN fue, la de sales "Salting out" (Apéndice 3) por sus siglas en inglés, con modificaciones, descrito por Sunnucks & Hales (1996); éste método permite obtener ADN puro, libre de proteínas y enzimas.

Posteriormente se realizó la visualización del ADN extraído mediante la técnica de electroforesis en gel de agarosa al 1% P/V (Figura 8, Apéndice 4), usando un tapón de carga 3µl de ADN y 1µl de azul de bromofenol, este último usado como indicador en el corrimiento del gel, el corrimiento fue de 30-40 minutos con un voltaje de 110 volts, cuyo campo eléctrico

permite clasificar las moléculas (ADN, Proteínas, Isoenzimas) dentro del gel de acuerdo a su carga, tamaño y forma.

El gel se cubrió con bromuro de etidio (bromuro de 3,8 diamino -6-etil-5-fenilfenantridio), que es un colorante que se intercala con las bases del ADN permitiendo la fluorescencia cuando se ilumina con luz ultravioleta, permitiendo observar las bandas del marcador y las muestras de ADN. El bromuro de etidio es altamente tóxico y cancerígeno, por lo que debe ser manejado con extrema precaución (Valadez y Kahl, 2000; Posso y Ghneim, 2008).

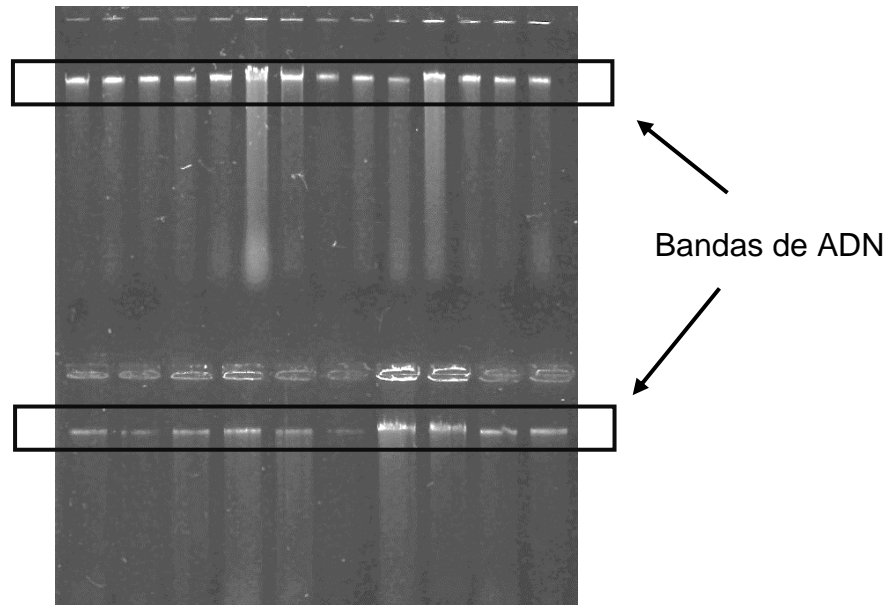


Figura 12. Visualización de extracción del ADN en gel de agarosa al 1% P/V de algunos individuos de las localidades de Arriaga, Tonalá, Oaxaca y Pijijiapan.

Amplificación del ADN mitocondrial

La amplificación de ADN, se llevó a cabo con la Reacción en Cadena Polimerasa (PCR, por sus siglas en inglés), técnica cuyo objetivo es copiar o amplificar millones de veces un fragmento de ADN mediante la mezcla de cebadores (*Primer* en inglés) y la enzima polimerasa (Taq polimerasa), ambos sujetos a diferentes ciclos, periodos y temperaturas de incubación (Costa, 2004; Rodríguez y Barrera, 2004).

El programa utilizado fue el siguiente: una desnaturalización inicial de 94°C por 4 minutos, 30 ciclos de desnaturalización 94°C por 2 minutos, hibridación 62°C

por 1.30 minutos y extensión 72°C por 1.20 minutos, finalmente, una extensión final de 72°C por 5 minutos (Apéndice 5).

Los cebadores que se utilizaron en el presente estudio fueron: L-15996 5'-CTC CAC CAT TAG CAC CCA AAG C-3' y H-408 5'-CTGTTAAAAGTGCATACCGCCA-3'; son dos segmentos de la región control (D-loop). La L ó H que indica el cebador, se refiere a la cadena larga o pesada (Light o Heavy Strand en inglés) y el número identifica la base en el extremo 3' de acuerdo al número de referencia de la secuencia (Anderson, *et al.*, 1981; Barreto *et al.*, 1996; Malyarchuk, *et al.*, 2002).

Se realizó una segunda visualización en agarosa al 2% (Figura 9, Apéndice 6) con un tampón de carga de 2µl de ADN y 1µl de azul de bromofenol y un marcador ladder (marca promega) de 100 pares de bases (pb) para poder visualizar el ADN genómico, los cuales llegan a amplificar a 1024 pb (Vigilant *et al.*, 1991; Barreto *et al.*, 1996). Una vez que se obtuvo el producto de PCR, se mandaron a secuenciar las muestras a la compañía Macrogen con secuenciador automático Abiprism de Perkin Elmer en la ciudad de Seúl, Corea del Sur; para después realizar el análisis de los datos en los programas correspondientes.

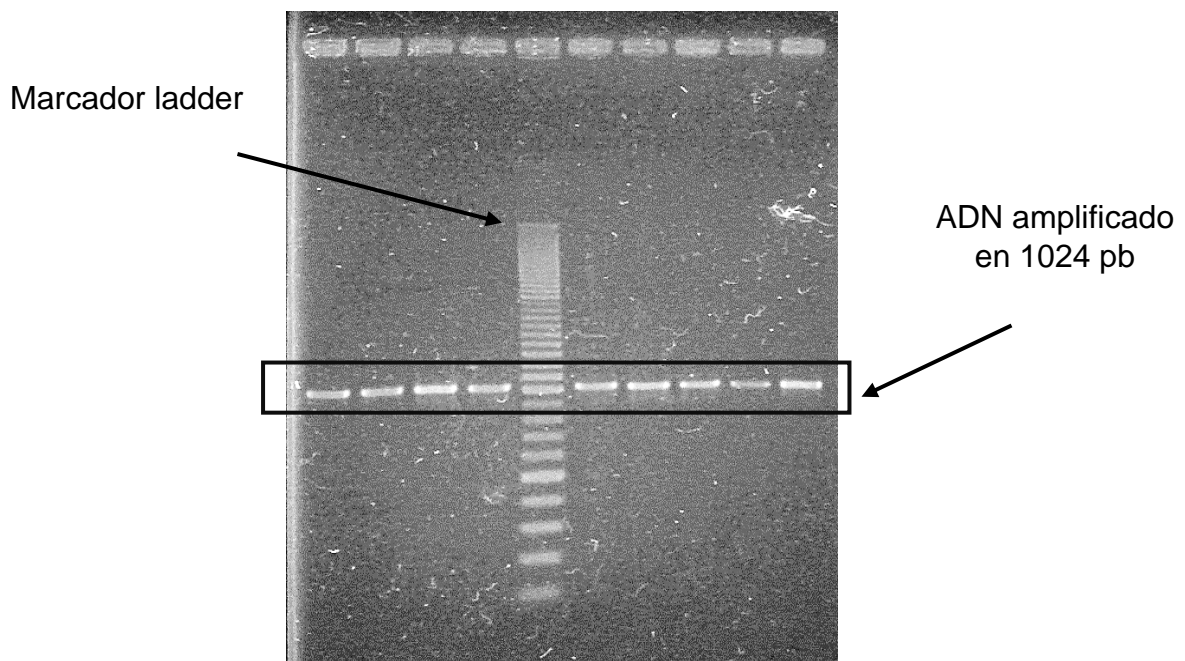


Figura 13. Visualización de la amplificación de ADN genómico en gel agarosa al 2% con ladder de 100 pb.

Análisis de Secuencias Genéticas

Las secuencias obtenidas de cada individuo, se corroboraron en Internet con las colecciones de nucleótidos de Blast en Gen Bank NCBI, el banco de datos de la *National Center for Biotechnology Information* (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/blast/Blast.cgi>), así se verificó que las secuencias corresponden al ADN_{MT} de la región D-Lopp en humanos.

Luego se procedió a editar los cromatogramas en el programa Chromas Versión 2.33 con una extensión final de 890 pb; una vez editadas en el programa, se copian todas las secuencias de cada individuo en un bloc de notas en formato *.txt, hasta tener en un solo archivo, todas las secuencias de cada individuo. Después las secuencias fueron alineadas en el programa MEGA (Molecular Evolutionary Genetics Analysis) Versión 7.0 (Tamura & Nei, 1993; Tamura *et al.*, 2007); las secuencias fueron analizadas y se eliminaron los espacios que no coincidieron con la alineación de las demás muestras, hasta obtener un total de 852 pares de bases (Figura 10).



Figura 14. Secuencias alineadas de los individuos del Istmo costa y Depresión Central de Chiapas

Se realizaron árboles filogenéticos para describir el patrón o relación de ancestría que existe entre las secuencias de regiones similares de los haplotipos de diversos individuos y los cambios evolutivos representados mediante las ramas del árbol generado (Hey & Machado, 2003). Los árboles también se realizaron en el programa Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA versión 7.0) (Tamura *et al.*, 2007) a través de una prueba de Bootstrap con 1000 réplicas, mediante el método de máxima verosimilitud, el cual usa todas las topologías posibles, maximizando la probabilidad de longitud de las ramas. El objetivo de la elaboración de los cladogramas es representar y plasmar un árbol de genes, que describe el patrón o relación de ancestría que existe entre las secuencias de regiones similares de los haplotipos de diversos individuos y los cambios evolutivos representados mediante las ramas del árbol generado (Hey & Machado, 2003). Así como también se analizaron las distancias genéticas entre cada uno de los individuos que fueron calculadas por medio del parámetro d de Kimura, que asigna distintas probabilidades de sustitución (transición o transversión) para nucleótidos.

Por último se realizó una red de haplotipos que permite revelar si existe una relación genética del grupo lingüístico otomangue entre las poblaciones estudiadas y conocer si existen migraciones de estos grupos con el programa con base al número mínimo de mutaciones; la historia, la distribución y la genética interpoblacional (Templeton *et al.*, 1992; Clement *et al.*, 2000; Posada *et al.*, 2000). Para ello, se utilizó la red de haplotipos generada por el programa Network V 6.0 (Bandelt *et al.*, 1999) el cual genera un gráfico derivado del análisis cladístico de asociaciones fenotípicas con el método de Neighbor Joining (vecino más cercano), tomando como referencia $n=104$ como el número total de muestras y 852 pb que corresponden al número total que tiene cada una de las secuencias.

8.2 RESULTADOS GENÉTICOS

Laboratorio

Se logró la extracción y amplificación de ADN de 218 muestras, de los cuáles se purificaron y secuenciaron 104 muestras con 852 pb cada una. El resto de las muestras presentaron problemas de secuenciación por lo que fueron omitidas en el estudio.

Árbol filogenético

Se obtuvieron tres árboles filogenéticos mediante el algoritmo de máxima verosimilitud. El primer árbol filogenético (Figura 15) está constituido por un total de 106 individuos, 104 individuos de la población de estudio y dos individuos externos; uno de Indonesia (FN257478.1) y otro de China (KY403222.1). Se obtuvo como resultado del primer árbol, 6 haplogrupos o ramas principales, en donde se observa que, en todas las ramas obtenidas, hay una mezcla de individuos de la costa y Depresión central de Chiapas, por lo que siempre aparece un patrón en el que, dentro de un grupo de individuos de la Depresión central, aparece uno de la Costa, o viceversa. Por lo tanto, se ha considerado que hay una alta hibridación por no haber diferencias genéticas entre las dos regiones.

El primer haplogrupo está conformado tanto de individuos de la Depresión central como de la costa de Chiapas. Los haplogrupos 2, 3, 4 y 6 están constituidos en su mayoría por individuos de la Costa de Chiapas, sin embargo, dentro de los clados se puede observar el patrón ya mencionado. El haplogrupo 5, es muy pequeño, pero se encuentra agrupado por 3 individuos que pertenecen a la costa de Chiapas. Otro dato importante a mencionar, es que uno de los individuos externos (China), se encuentre dentro del haplogrupo 6.

El segundo árbol filogenético (Figura 16), está formado por individuos de Chiapas y Nicaragua (20 secuencias tomadas del trabajo de investigación de Espinoza *et al.*, 2018) para conocer las relaciones evolutivas que hay entre ellos. Los resultados obtenidos muestran que, a pesar de presentar algunas politomías, la mayoría de los individuos nicaragüenses se relacionan genéticamente con los individuos de Chiapas, tanto de la costa como de la Depresión Central. Además,

se observan dos haplogrupos principales; el primer haplogrupo tiene la mayoría de las politomías, pero dentro de ello, se observan 5 subgrupos integrados tanto por individuos de la Depresión y Costa de Chiapas. El primer subgrupo, está conformado por los municipios de Arriaga, Oaxaca y Nicaragua; el segundo subgrupo por individuos de la Depresión Central y los siguientes subgrupos se sigue observando la mezcla de individuos de ambas regiones geográficas.

El segundo haplogrupo, está conformado por 6 subgrupos, todos presentan hibridaciones en cuanto a las regiones geográficas de estudio. Se observa que los individuos nicaragüenses están presentes en la mayoría de los subgrupos, lo que indica que se encuentran relacionadas genéticamente.

El tercer árbol (Figura 17) está derivado del segundo árbol debido a que presentó muchas politomías y quedaron dudas con la comparación genética entre los individuos nicaragüenses y chiapanecos. Está constituido por 3 individuos de cada localidad de Chiapas (incluyendo las hermanas del trabajo de Espinoza *et al.*, 2018), 4 nicaragüenses y un externo (China KY403222.1). Se formaron 3 haplogrupos; el primer haplogrupo está conformado mayormente por individuos de la región Costa de Chiapas y 2 individuos nicaragüenses. El segundo haplogrupo es un grupo conformado por individuos de ambas regiones geográficas y un individuo nicaragüense. El tercer haplogrupo, está conformado por 4 individuos, Chiapa de corzo relacionado genéticamente con un nicaragüense, dos individuos de la costa que son Villa Comaltitlán y Escuintla. Por último, observamos a un individuo de Oaxaca que se encuentra totalmente por fuera de los 3 haplogrupos formados.

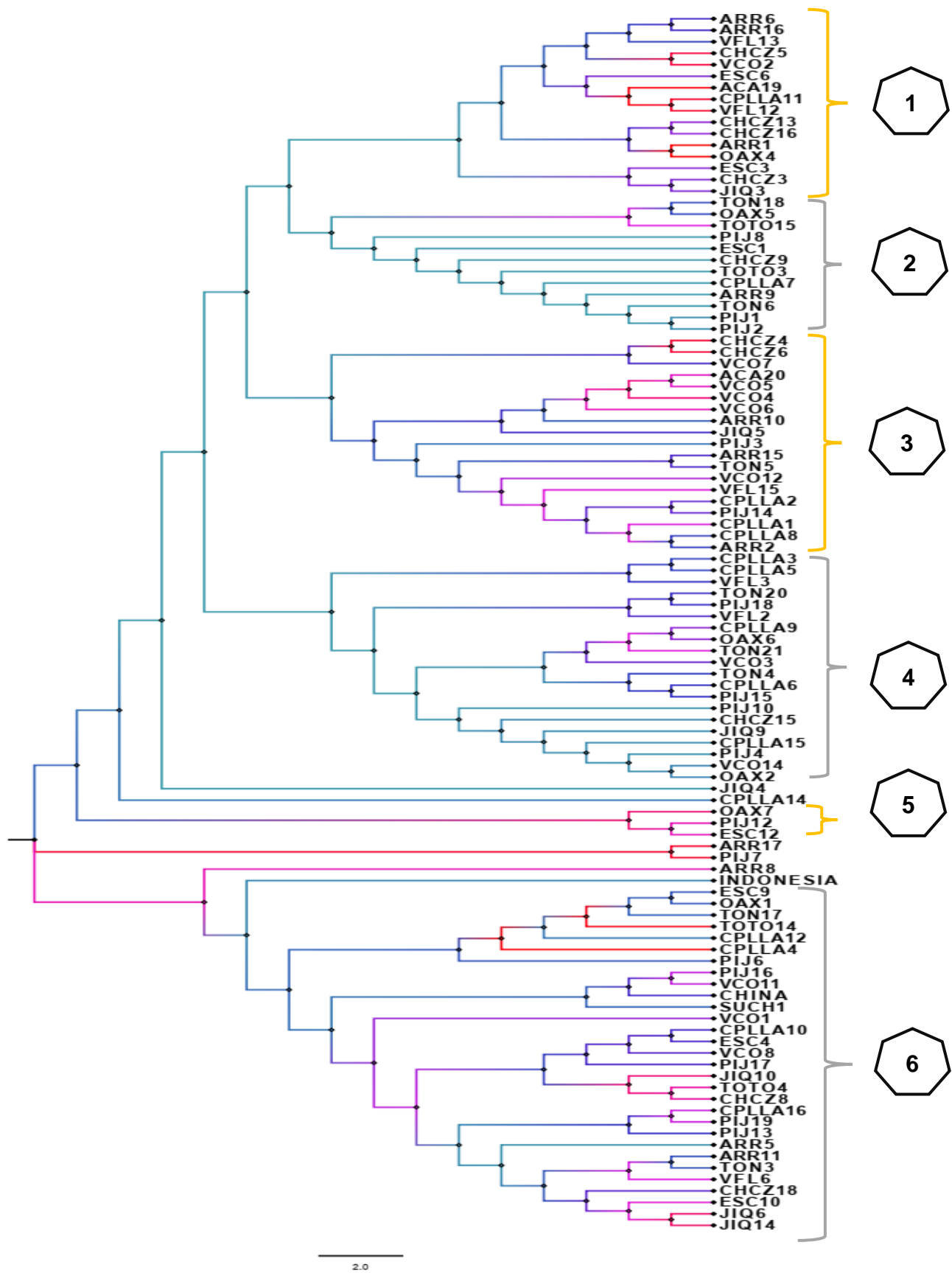


Figura 15. Árbol filogenético basado en modelo de 2 parámetros de Kimura y el algoritmo Máxima Verosimilitud; el número en los nodos corresponde a los valores de soporte Bootstrap. En el que se observan 6 haplogrupos principales.

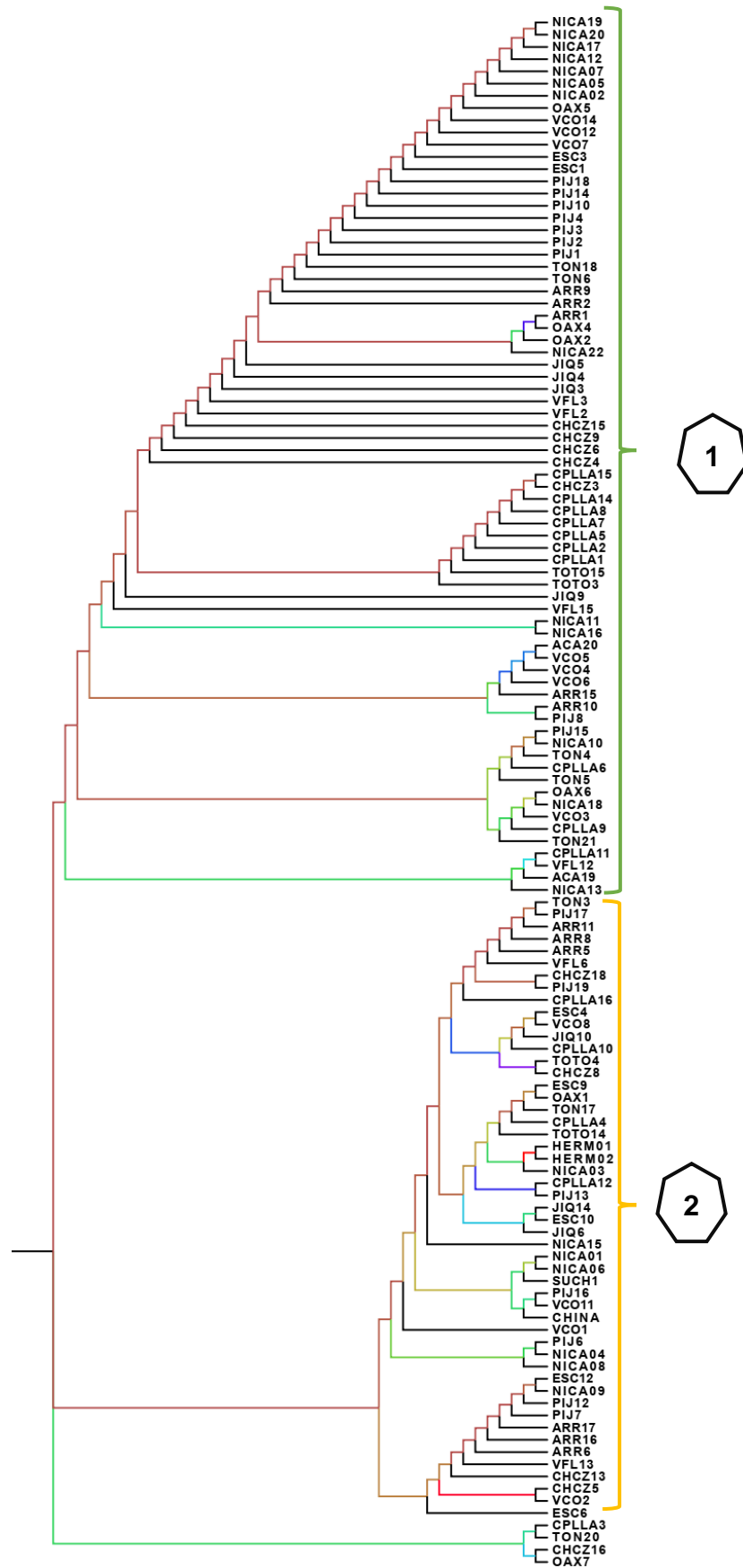


Figura 16. Árbol filogenético basado en modelo de 2 parámetros de Kimura y el algoritmo Máxima Verosimilitud; el número en los nodos corresponde a los valores de soporte Bootstrap. En el que se observan individuos de Chiapas y Nicaragua.

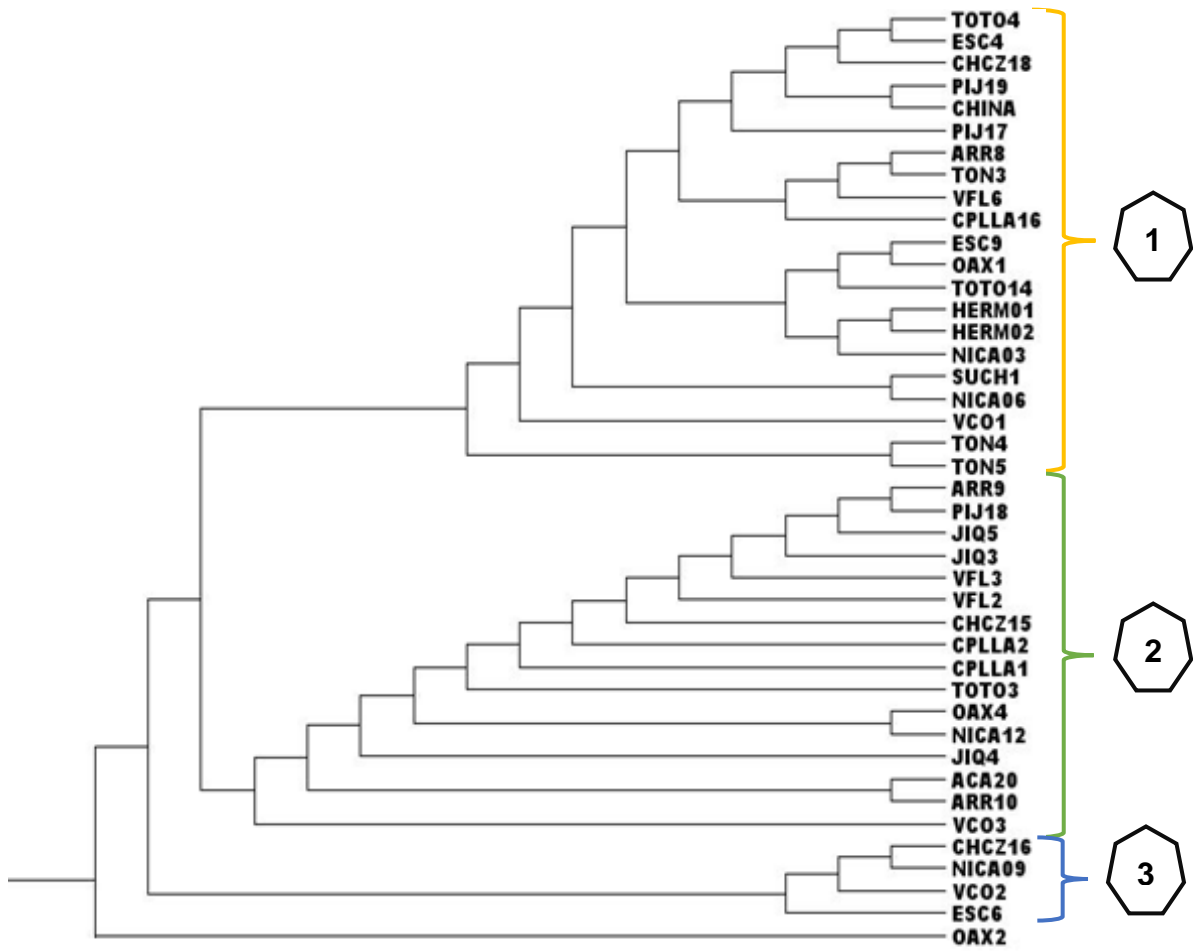


Figura 17. Árbol filogenético basado en modelo de 2 parámetros de Kimura y el algoritmo Máxima Verosimilitud; el número en los nodos corresponde a los valores de soporte Bootstrap. Análisis con pocos individuos de Chiapas y Nicaragua.

Red de haplotipos

Con el objetivo de investigar la relación genética entre los linajes de ADN_{MT} de los individuos de Chiapas, se construyó una red de haplotipos con el método de Median-joining o vecino más cercano. Se obtuvieron dos clados o grupos principales de la red de haplotipos (A= verde y B=azul) que están bien diferenciados, véase figura 18. Como resultado se obtuvo un total de 85 haplotipos de los 106 individuos de Chiapas y la longitud de la rama es proporcional a la distancia mutacional, un total de 208 mutaciones estimadas (para el clado A=167 y B=41).

El grupo A está conformado por 58 haplotipos, mayormente por individuos de la costa (46 individuos) y pocos de la depresión central de Chiapas (28 individuos). Hay 12 haplotipos que comparten más de un individuo, de los cuáles cuatro de ellos representan a 3 individuos cada uno y los otros 9 haplotipos comparten 2 individuos respectivamente.

El grupo B es un grupo pequeño a comparación del grupo A, está conformado por 27 haplotipos, mayormente por individuos de la costa (3 individuos de Jiquipilas, 3 de Arriaga, 2 de Tonalá, 5 de Pijijiapan, 3 de escuintla, 3 de Villa Comaltitlan y 1 de Oaxaca) y pocos individuos de la Depresión central (2 individuos de Chiapa de Corzo, 2 de Totolapa, 4 de Chiapilla, 1 de Villa Flores y el único de Suchiapa). Hay 3 haplotipos que comparten a más de un individuo, un haplotipo que comparte a 4 individuos de la costa y los otros 2 haplotipos comparten 2 individuos de la costa y 2 individuos de la depresión central respectivamente. Así como también es importante mencionar que, en este grupo se encuentran representados los grupos externos (China e Indonesia).

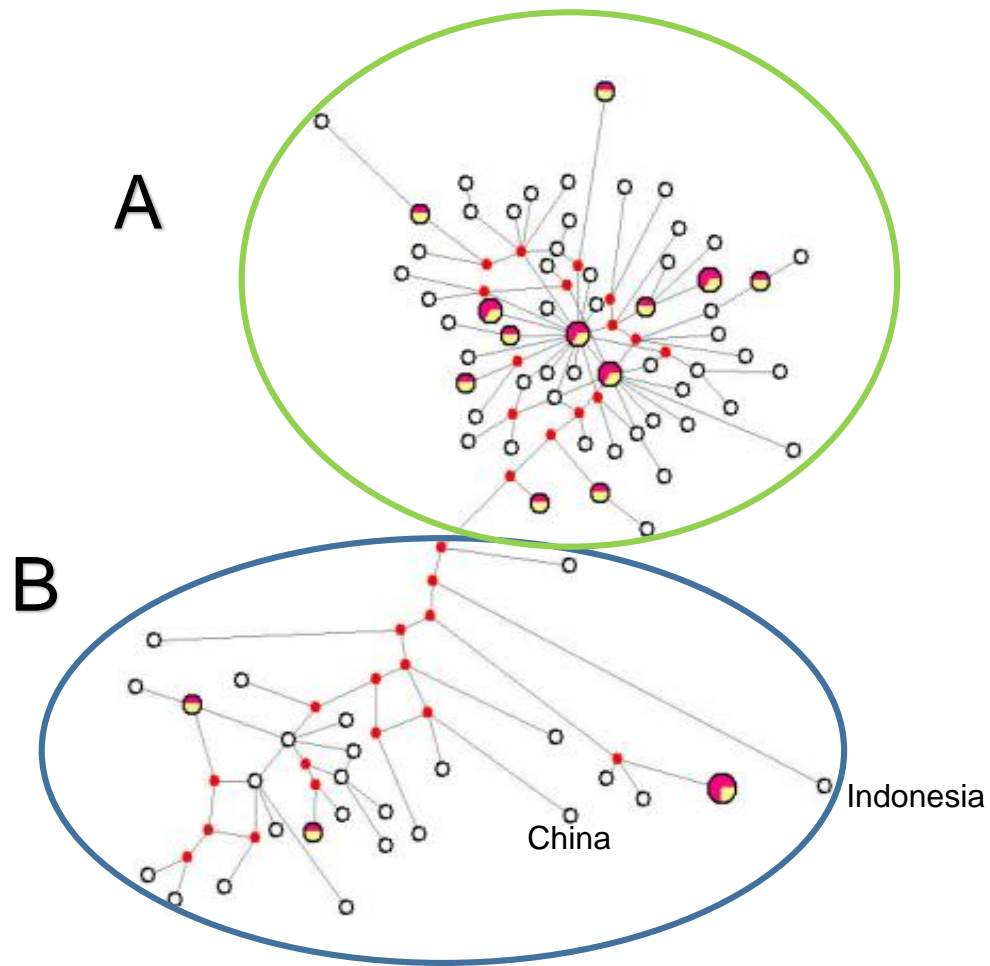


Figura 18. Red de haplotipos del ADN mitocondrial región Dloop construida a partir de 85 haplotipos obtenidos de dos regiones geográficas diferentes y 12 municipios del estado de Chiapas por el método Median-joining en el programa Network 6.0. El círculo verde es el grupo A y el círculo azul representa al grupo B.

Distancias Genéticas

Se obtuvieron distancias genéticas de 104 individuos de Chiapas y 2 externos (China e Indonesia) del primer árbol filogenético (Figura 15), mediante el modelo 2 parámetro de Kimura. En la tabla 7 podemos observar los resultados, en donde las distancias genéticas más cercanas están presentadas con 0.000 de distancia.

A continuación, se describen los individuos con distancias genéticas cercanas (en gris), las cuales pertenecen a los siguientes haplogrupos de acuerdo a los resultados obtenidos en el árbol filogenético (Figura 15), son los siguientes:

Haplogrupo 1 tenemos a Cplla11-VFL12, Chcz3-Jiq3.

Haplogrupo 2 están los individuos Toto15 relacionado con Ton18 y Oax5.

Haplotipo 3 tenemos más individuos relacionados genéticamente, están Aca20-Vco5, Cplla1 relacionado con Cplla8 y Arr2, Chcz4-Chcz6.

Haplogrupo 4 están los individuos Cplla15-Pij4.

Haplogrupo 5 están relacionado los individuos Pij14-Esc12.

Por último, el haplogrupo 6 se encuentran los individuos Arr11-VFL6.

Mientras que, la distancia más lejana (en amarillo) es de 0.037 que pertenecen a los individuos de Aca19 (haplogrupo 1) e Indonesia y con 0.032 los individuos Aca19- Toto14, uno perteneciendo al haplogrupo 1 y el otro al 6, respectivamente.

8.3 DISCUSIÓN

El presente trabajo se desarrolló a través de la investigación de ADN_{MT}, es decir, se basó en el linaje materno, heredada exclusivamente por vía materna sin recombinación (Crespo et al., 2010; Martínez-Cruzado, 2002) en la Costa y Depresión del estado de Chiapas. Por lo tanto, el resultado expuesto representa únicamente una parte de la historia del pueblo Otomangue, la construida solo a través de herencia materna. Se presenta la filogenia de los individuos de la población de estudio y la relación migratoria con el grupo Otomangue. Cabe mencionar también que existen pocos estudios bioantropológicos realizados en las poblaciones antiguas de la región mesoamericana y en poblaciones indígenas modernas de México (González Oliver *et al.*, 2013), que permita discutir ampliamente con diversos autores este proyecto de investigación.

Los árboles filogenéticos elaborados mediante el modelo de 2 parámetros de Kimura y el algoritmo de máxima verosimilitud, utilizando bootstrap; forman seis haplogrupos bien diferenciados, en los cuales se aprecia que los individuos de la costa y Depresión central de Chiapas son grupos genéticos estrechamente relacionados (Figura 15). La alta hibridación o mestizaje que se observa, puede deberse a uno de los eventos más importantes de la historia que se llevó a cabo en el estado de Chiapas, la conquista española en 1524. Como nos menciona Navarrete (1966), el primer contacto entre los Chiapanecas y los españoles debe haber tenido lugar después de la caída del imperio mexica, sometido por los conquistadores. Castro y colaboradores (2009) mencionan que, a partir de la llegada de los colonizadores españoles en el siglo XVI, se produjo un intenso mestizaje que dio origen a la población Chiapaneca y que tal proceso de mestizaje no fue homogéneo a través del país, lo que significó la casi sustitución del componente genético amerindio por el español. Todo esto puede explicar el padrón que se observa en el haplogrupo del primer árbol filogenético.

El segundo árbol filogenético (Figura 16), fue elaborado con el mismo modelo y algoritmo que el primer árbol, comparando las muestras de Chiapas con 20 individuos de Nicaragua tomadas del trabajo de investigación de Espinoza y colaboradores (2018). Esta comparación es de suma importancia debido a que

este proyecto inició a partir del trabajo de investigación de Espinoza y colaboradores. De acuerdo al análisis genético realizado en este trabajo, la mayoría de los individuos nicaragüenses se relacionan genéticamente con los individuos de Chiapas, tanto de la costa como de la Depresión Central. Se formaron dos haplogrupos en el que se observa que los individuos nicaragüenses están presentes en la mayoría de los subgrupos, además cabe mencionar que en la investigación de Espinoza y colaboradores (2018), encontraron que hay una estrecha relación genética (a partir del linaje materno) entre chiapanecas y nicaragüenses, indicando que ambos grupos se encuentran emparentados por diferentes eventos históricos.

Otra investigación importante que nos explica esta relación genética entre la población Chiapaneca y nicaragüense, es la de Núñez y colaboradores (2010). En su investigación mencionan que, cuando los conquistadores españoles llegaron a Nicaragua, estaba conformado por varios grupos etnolingüísticos, y que probablemente pudieron haber emigrado al sur de México; sin embargo, González y colaboradores (2013), mencionan que de acuerdo a los registros de los primeros grupos en el centro de México, los grupos poblacionales otomí, mazahua, matlatzinca y nahua han compartido el mismo territorio desde la época prehispánica; siendo los otomíes (perteneciente a la familia lingüística otomangue), el pueblo más antiguo que habitó la planicie, procedentes de oriente a sur del Golfo de México.

De acuerdo al análisis de ADN mitocondrial en la investigación de Núñez y colaboradores (2010), las comparaciones haplotípicas muestran que, la población nicaragüense se encuentra compuesta principalmente por mestizos, con una relación de linaje con los Triqui, Mixteco (pertenecientes a la familia lingüística otomangueana), Xochimilco, Zitlala (pertenecientes a la familia lingüística uto-azteca), maya, mexica y Ngobe´ (pertenecientes a la familia lingüística Chibcha). Por lo tanto, este estudio demuestra la existencia genética de algunos grupos de la familia lingüística otomangueana, familia que se ha estudiado en el presente proyecto y que, de acuerdo a la hipótesis planteada en este trabajo, las

migraciones humanas de la familia lingüística otomanguéana se ha dado de norte a sur de Mesoamérica, llegando a centro américa.

En cuanto a los resultados obtenidos en el análisis del tercer árbol filogenético mediante el modelo de 2 parámetros de Kimura y el algoritmo de máxima verosimilitud, se formaron 3 haplogrupos (Figura 17). Todos los haplogrupos están relacionados genéticamente con los individuos nicaragüenses. Cabe mencionar que un individuo de Oaxaca se encuentra totalmente afuera de los 3 haplogrupos formados, por lo que es considerado como grupo externo, ya que no presenta una relación genética estrecha con los demás individuos.

Sin embargo, al comparar éste individuo de Oaxaca con el segundo árbol filogenético, se observa dentro del primer haplogrupo, aunque no esté clara la relación genética por las politomías que presenta en este haplogrupo. De acuerdo a la historia familiar de este individuo, es originaria de Juchitán de Zaragoza, desde que tiene uso de razón también sus abuelas y bisabuelas, además de que toda su familia habla la lengua zapoteca. Los autores López y López (2017) nos mencionan en su investigación que, la lengua materna predominante y el hablado en la mayoría de los poblados que componen Juchitán es el zapoteco. También mencionan que, Juchitán es el centro de un dinámico renacimiento cultural zapoteca. Por lo tanto, los datos obtenidos concuerdan con la literatura mencionada. Otro dato importante y que puede explicar porque el individuo de Oaxaca está por fuera de los haplogrupos, se debe a que la distribución geográfica de los zapotecos es reducido y se encuentran específicamente en el estado de Oaxaca según nos menciona INALI (2019).

En cuanto a los resultados obtenidos de la red de haplogrupo, se obtuvieron dos grupos bien diferenciados (A y B) que se puede apreciar en la figura 18; es importante aclarar que la relación que existe entre todos los individuos, se debe a la herencia genética a través del linaje materno del gen mitocondrial D-loop, el cual cuenta con una alta tasa de mutación diez veces superior al ADN nuclear (2% por cada millón de años) (Anderson *et al.*, 1981; Finnilä, 2000). El grupo A, tiene el mayor número de haplotipos en el que se presenta en su mayoría de 2 a 3 pasos

evolutivos por haplotipo y pocos con 5 pasos evolutivos. Este grupo está conformado en su mayoría por individuos de la Costa de Chiapas, sin embargo, existe una heterogeneidad en la frecuencia de haplotipos con los individuos de la depresión central de Chiapas. Cabe mencionar que, dentro del grupo A, hay 4 haplotipos que comparten hasta 3 individuos (véase en tabla anexo 4 y 5). De acuerdo a lo que nos menciona Espinoza y colaboradores (2018), los individuos que conforman un haplogrupo, mantienen la herencia materna de las secuencias del ADN_{MT}, por lo que suele ser fundamental para conservar secuencias genéticas de individuos que actualmente se encuentran extintos como los chiapanecas.

Por otro lado, Martínez-Cruzado (2002) nos menciona que, la mayoría de los ADN_{MTs} indígenas tienen sus orígenes en Asia y aproximadamente 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; por lo que entre ellos habían mujeres que cargaban ADN_{MT} pertenecientes a los haplogrupos asiáticos A, C y D. Esto podría explicar por qué en el haplogrupo B, hay individuos relacionados genéticamente con los individuos de Asia, es decir, individuos tanto de la costa como de la Depresión de Chiapas están relacionados con los individuos externos (China e Indonesia) pertenecientes de Asia.

En cuanto a las distancias genéticas (Tabla 7), muestra que en los primeros 4 haplogrupos obtenidos del árbol filogenético se relacionan genéticamente por lo menos un individuo de la costa con uno de la depresión central (0.000); y en los otros dos haplogrupos, muestra la relación de los individuos de la costa. Estos resultados confirman la teoría de este proyecto de investigación en el que mencionamos que los individuos de la Costa y de la Depresión central de Chiapas son genéticamente similares.

De acuerdo a las distancias genéticas comparadas con los resultados de la red de haplogrupos muestran que, la mayoría de los individuos con menor distancia genética, son los haplotipos que se encuentran en el haplogrupo A y los pocos individuos con mayor distancia genética como Aca19, Toto14, China e Indonesia se encuentran en el haplogrupo B. Por lo tanto, se puede mencionar

que los individuos que conforman el haplogrupo A, son aquellos que están más relacionados genéticamente.

Los pueblos indígenas son los portadores de la historia antigua del territorio en el que ahora vivimos y nos han heredado una rama de su linaje, en este trabajo se realizó el estudio del linaje materno, misma que seguimos transmitiendo a nuestros hijos de generación en generación. Por lo que es importante darnos cuenta de que compartimos una historia en común, no sólo con aquel pasado prehispánico y distante, sino, más aún, con aquellas comunidades indígenas cercanas a nuestro entorno y con quienes interactuamos hoy en día (Moreno & Sandoval, 2013).

8.4 CONCLUSIÓN

De acuerdo a los resultados genéticos obtenidos en la presente investigación se concluye lo siguiente:

- La hipótesis planteada sí se cumplió, ya que se demostró que la mayoría de los individuos pertenecientes de Oaxaca (grupo control) están genéticamente relacionados con los individuos tanto de la costa como la Depresión de Chiapas.
- A pesar de la alta hibridación o mestizaje, hay una estrecha relación genética por linaje materno en los individuos tanto de la costa como de la Depresión central de Chiapas (distancias genéticas de 0.000), lo que indica que ambos grupos se encuentran emparentados por diferentes eventos históricos de ancestría común.
- En cuanto a la comparación genética realizada con la investigación de Espinoza y colaboradores (2018), hay una estrecha relación genética (a partir del linaje materno) entre chiapanecas y nicaragüenses, indicando que ambos grupos se encuentran emparentados genéticamente.
- En la red de haplogrupos, el grupo A presenta los haplotipos más frecuentes y conservados de Chiapas.
- Para un análisis genético completo de la población chiapaneca, se requiere conocer también el linaje patrilíneo.

9. DISCUSIÓN Y CONCLUSIÓN FINAL

A partir de los resultados obtenidos en esta investigación se logró relacionar los estudios culturales y genéticos de la población chiapaneca. Como nos menciona Cardoso (2011), en las últimas décadas se han llevado a cabo diversos trabajos de análisis de ADNMT relacionados con el origen y migración de poblaciones humanas antiguas y modernas. El desarrollo de nuevas técnicas de análisis molecular ha sido un factor decisivo en el incremento de este tipo de trabajos, puesto que ha facilitado el análisis del ADN en diversos estudios genéticos.

De acuerdo a la investigación realizada, tanto los estudios culturales como genéticos (árbol filogenético figura 15) mostraron que la población chiapaneca presenta un alto grado de mestizaje, este proceso inició aproximadamente hace 500 años a la llegada de los españoles. Como nos mencionan en su investigación Moreno y Sandoval (2013), México es un país donde prevalece el mestizaje, principalmente entre linajes indígenas y europeos, pero también de origen africano a raíz del intercambio de esclavos en tiempos coloniales.

Según los censos más recientes de INEGI (2015c), basados principalmente en el número de habitantes que hablan alguna lengua indígena, alrededor de 5.31 % de la población mexicana pertenece a algún grupo indígena. Esto significa que al menos más de 5 millones de mexicanos pertenecen a alguna de las 68 etnias reconocidas oficialmente, las cuales se organizan en 11 familias lingüísticas y se derivan en 364 variantes dialectales. Pero también significa que la mayoría de los mexicanos (aproximadamente 94%) no son identificados como parte de esta diversidad autóctona, sino como mestizos. Esto quiere decir que es precisamente la mezcla y la riqueza de esta diversidad la que constituye la fuente de identidad para la mayoría de la población (Nathaniel Berger *et al.*, 2020).

Sin embargo, a pesar del mestizaje que hay en la población chiapaneca, los estudios genéticos mostraron que, el linaje materno de los individuos tanto de la costa como de la Depresión central de Chiapas tienen un ancestro común (distancias genéticas de 0.000), por lo tanto, indica que la estructura genética está conservada y que ambas regiones geográficas se encuentran emparentadas.

Además, los resultados culturales mostraron que no importa que se encuentren en diferentes regiones geográficas, tienen un amplio conocimiento empírico similar de la flora y fauna silvestre local.

No solo se comprobó que las regiones de la Costa y Depresión central de Chiapas son genéticamente similares, sino también la relación que existe entre la población centroamericana de Nicaragua con los individuos de Chiapas; reforzando una vez más la hipótesis de las migraciones del grupo de origen otomangue del centro de México hacia el sur, llegando hasta la península de Nicoya (Espinoza *et al.*, 2018).

A pesar de las aportaciones realizadas en la presente investigación, se sugiere analizar la filogenia de la población Chiapaneca por el linaje patrilíneo, es decir, heredada exclusivamente por vía paterna para así tener un panorama más amplio de la filogenia de la población chiapaneca y estimar mejor las posibles rutas migratorias de la familia lingüística otomangueana.

10. LITERATURA CITADA

- Alia-Tejacal, I., Astudillo-Maldonado, Y. I., Núñez-Colín, C. A., Valdez-Aguilar, L. A., Bautista-Baños, S., García-Vázquez, E., Ariza-Flores, R., & Rivera-Cabrera, F. (2012). Caracterización de frutos de ciruela mexicana (*Spondias purpurea* L.) del sur de México. *Revista fitotecnia mexicana*, 35(SPE5), 21-26.
- Anderson, S., Bankier, A. T., Barrell, B. G., Bruijn, M. H. L. de, Coulson, A. R., Drouin, J., Eperon, I. C., Nierlich, D. P., Roe, B. A., Sanger, F., Schreier, P. H., Smith, A. J. H., Staden, R., & Young, I. G. (1981). Sequence and organization of the human mitochondrial genome. *Nature*, 290(5806), 457-465. <https://doi.org/10.1038/290457a0>
- Aranguren-Méndez, J. A., Roman, R., Isea, W., Villasmil, Y., & Jordana, J. (2005). Los microsatélites (STR's), marcadores moleculares de ADN por excelencia para programas de conservación: Una revisión. *Arch. Latinoam. Prod. Anim.*, 13.
- Arce-Romero, A. R., Monterroso-Rivas, A. I., Gómez-Díaz, J. D., Cruz-León, A., Arce-Romero, A. R., Monterroso-Rivas, A. I., Gómez-Díaz, J. D., & Cruz-León, A. (2017). Ciruelas mexicanas (*Spondias* spp.): Su aptitud actual y potencial con escenarios de cambio climático para México. *Revista Chapingo. Serie horticultura*, 23(1), 5-20. <https://doi.org/10.5154/r.rchsh.2016.06.020>
- Ávila-Nájera, D. M., Mendoza, G. D., Villarreal, O., & Serna-Lagunes, R. (2018). Uso y valor cultural de la herpetofauna en México: Una revisión de las últimas dos décadas (1997-2017). *ACTA ZOOLOGICA MEXICANA (N.S.)*, 34(1), 1-15. <https://doi.org/10.21829/azm.2018.3412126>
- Avilés-Peraza, G. C. (2015). Rico y popular: Importancia y usos tradicionales del nance (*Byrsonima crassifolia* (L.) Kunth). *Centro de Investigación Científica de Yucatán, A.C.*, 7, 157-160.
- Badii, M. H. (2004). Desarrollo sustentable: Fundamentos, perspectivas y limitaciones (Sustainable development: Fundamentals, prespectives & limitations). *Innovaciones de Negocios*, 2(1), 199-227.

- Bandelt, H. J., Forster, P., & Röhl, A. (1999). Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Molecular Biology and Evolution*, 16(1), 37-48. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a026036>
- Bandelt, H.-J., Richards, M., & Macaulay, V. (2006). *Human Mitochondrial DNA and the Evolution of Homo sapiens*. Springer Science & Business Media.
- Barrera, L. R. (2013). El concepto de la cultura: Definiciones, debates y usos sociales. *Revista de Claseshistoria*, 24.
- Barreto, G., Vago, A. R., Ginther, C., Simpson, A. J., & Pena, S. D. (1996). Mitochondrial D-loop «signatures» produced by low-stringency single specific primer PCR constitute a simple comparative human identity test. *American Journal of Human Genetics*, 58(3), 609-616.
- Berlanga, G. H., Gómez De Silva, H., Vargas Canales, V. M., Sánchez González, L. A., Ortega Álvarez, R., & Calderón Parra, R. (2015). *Aves de México. Lista actualizada de especies y nombres comunes*. (1a ed.). CONABIO.
- Boege, E. S. (2006). Territorios y diversidad biológica. La agrobiodiversidad de los pueblos indígenas de México. En *Biodiversidad y conocimiento tradicional en la sociedad rural: Entre el bien común y la propiedad privada* (1.ª ed., pp. 237-293). Centro de Estudios para el Desarrollo Rural Sustentable y la Soberanía Alimentaria.
- Boege, E. S. (2008). *El patrimonio biocultural de los pueblos indígenas de México* (1a ed.). Instituto Nacional de Antropología e Historia. http://idegeo.centrogeo.org.mx/uploaded/documents/El_patrimonio_biocultural-Eckart_Boege.pdf
- Burger, G., Gray, M. W., & Franz, B. L. (2003). Mitochondrial genomes: Anything goes. *Trends in Genetics*, 19(12), 709-716. <https://doi.org/10.1016/j.tig.2003.10.012>
- Campbell, E. W. (2017a). Otomanguean historical linguistics: Past, present, and prospects for the future. *Language and Linguistics Compass*, 11(4), 1-22. <https://doi.org/10.1111/lnc3.12240>

- Campbell, E. W. (2017b). Otomanguean historical linguistics: Exploring the subgroups. *Language and Linguistics Compass*, 11(7), e12244. <https://doi.org/10.1111/lnc3.12244>
- Cardoso, S. (2011). *Análisis de ADN mitocondrial en los restos humanos de la cueva de Santimamiñe (Kortezubi, Bizkaia)*. 9.
- Castro, D. G. D., Figuera, P. C., Izaguirre, M. H., Rodríguez-Larralde, A., Guerra Castro, E., Martínez Méndez, D., & Pujol, F. (2009). Diversidad Mitocondrial en el Nor-Occidente de Venezuela. Implicaciones para probables rutas migratorias prehistóricas. *Acta Biológica Colombiana*, 14(1), 173-184.
- CDI. (2014). *Programa Especial de los Pueblos Indígenas 2014 – 2018*. México. <https://www.gob.mx/cms/uploads/attachment/file/32305/cdi-programa-especial-pueblos-indigenas-2014-2018.pdf>
- Ceballos, G., Martínez, L., García, A., Espinoza, E., Bezaury, C. J., & Dirzo, R. (2010). *Diversidad, amenazas y áreas prioritarias para la conservación de las selvas secas del Pacífico de México* (1ra ed.). CONABIO.
- CEPAL, C. económica para A. L. y el C. (2014). *Los pueblos indígenas en América Latina*. Naciones Unidas.
- Chamoreau, C. (2014). Diversidad lingüística en México. *Amerindia*, 37(1), 3-20.
- Chávez-Peón, M. E. (2014). *Nasalidad en Lenguas Otomangues: Aproximación a sus contrastes y tipologías*. (Proceedings of the Workshop on the Sound Systems of Mexico and Central America., pp. 1-26) [Memorias de congreso]. Universidad de Yale. http://www.academia.edu/13059733/Nasalidad_en_lenguas_otomangues_Aproximaci%C3%B3n_a_sus_contrastes_y_tipolog%C3%ADa
- Clement, M., Posada, D., & Crandall, K. A. (2000). TCS: A computer program to estimate gene genealogies. *Molecular Ecology*, 9(10), 1657-1659.
- Comas, M. D. (2014). La genética de las migraciones humanas: Siguiendo el rastro de las migraciones a través del nuestro genoma. *Metode Science Studies Journal*, 4(1), 1-7.

- CONABIO, C. N. para el C. y U. de la B. (2013). *La biodiversidad en Chiapas: Estudio de Estado*. (Comisión Nacional para el conocimiento y Uso de la Biodiversidad/ Gobierno del Estado de Chiapas., Vol. 1).
- Copeland, W. C. (2002). *Mitochondrial DNA: Methods and Protocols*. Springer Science & Business Media.
- Coral Vázquez, R., Salamanca Gómez, F., & Buentello-Malo, L. (2009). Aportación del ADN mitocondrial en el estudio filogenético de las poblaciones indígenas de América. *Anales de Antropología*, 32(1). <http://www.revistas.unam.mx/index.php/antropologia/article/view/342>
- Costa, J. (2004). Reacción en cadena de la polimerasa (PCR) a tiempo real. *Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica*, 22(5), 299-305. [https://doi.org/10.1016/S0213-005X\(04\)73092-X](https://doi.org/10.1016/S0213-005X(04)73092-X)
- Crespo, C. M., Dejean, C. B., Postillone, M. B., Lanata, J. L., & Carnese, F. R. (2010). Historias en código genético: Los aportes de los estudios de ADN antiguo en antropología y sus implicancias éticas. *Runa*, 31(2), 153-174.
- De Ávila, A. (2004). La clasificación de La vida en las lenguas de Oaxaca. En *Biodiversidad de Oaxaca* (Vol. 1, pp. 481-539). UNAM. <https://es.scribd.com/document/261837673/CNM-vol-I-Conocimiento-Actual-de-La-Biodiversidad>
- De Robertis, E. M. F., & Hib, J. (2004). *Fundamentos de biología celular y molecular de De Robertis* (4ta ed.). El Ateneo. <https://books.google.com.mx/books?id=cW4GAAAACAAJ&dq=fundamentos+de+biolog%C3%ADa+celular+y+molecular+de+de+robertis&hl=es&sa=X&ved=0ahUKEwi035fB1rbbAhUEXa0KHTSyCtkQ6AEIKDAA>
- Del Carpio, P. C. U. (2005). El árbol de Ceiba en la mitología de pueblos americanos. En *Anuario 2005. Centro de Estudios Superiores de México y Centroamérica* (1a ed., pp. 369-399). UNICACH-CESMECA.
- Del Carpio, P. C. U., & Álvarez, V. J. R. (2014). Vocabulario en lengua chiapaneca de fines del siglo XVIII. *LiminaR. Estudios Sociales y Humanísticos*, 12(1), 212-230. <https://doi.org/10.29043/liminar.v12i1.333>

- Eguiarte, L. E., Souza, V., & Aguirre, X. (2007). *Ecología molecular*. Instituto Nacional de Ecología.
- Espinosa, M. J., Centurión, H. D., Mayo, M. A., & Velázquez, M. J. R. (2017). *Plantas aromáticas y medicinales tropicales con potencial actividad antimicrobiana* (1ra ed.). UJAT.
- Espinoza, M., Del Carpio, P. C. U., López, M. S., & Ruíz, C. C. (2018). Análisis comparativo del ácido desoxirribonucleico mitocondrial (adnmt) de individuos de Chiapas y Nicaragua. Evidencia de su relación genética. *Anales de Antropología*, 52(2), 23-36-36. <http://dx.doi.org/10.22201/ia.24486221e.2018.2.64953>
- Esquivel, F. (1999). *Aspectos biológicos del manejo de la Iguana en el Proyecto Comunitario de la Cooperativa Omar Baca en el Península de Cosigüina*. UICN.
- Estrella, S. M. V., & González, V. A. (2017). *Desarrollo sustentable: Un nuevo mañana* (2a ed.). Grupo Editorial Patria. <https://books.google.com.mx/books?id=izZCDwAAQBAJ&printsec=frontcover&dq=desarrollo+sustentable&hl=es&sa=X&ved=0ahUKEwjqt-n6qYDgAhUQQK0KHZt9DZ0Q6AEILzAB#v=onepage&q=desarrollo%20sustentable&f=true>
- Fabre, A. (2005). *Diccionario etnolingüístico y guía bibliográfica de los pueblos indígenas sudamericanos*. https://www.academia.edu/3611556/OTOMANGUE_I_PAME
- Farrera-Sarmiento, O., Orantes-García, C., Sánchez-Cortés, M., Hernández-Roque, L., & Díaz-Montesinos, M. (2019). *La herbolaria en nueve mercados del centro de Chiapas, México*. 12, 79-97.
- Fernández-Concha, G. C. (2012). Plumeria rubra o Flor de mayo, una embajadora parcial. *Centro de Investigación Científica de Yucatán, A.C.*, 4, 58-60.
- Finnilä, S. (2000). *Phylogenetic analysis of mitochondrial DNA: Detection of mutations in patients with occipital stroke* [Licenciature Thesis]. Oulu University, Department of Neurology.

- García, E. (2004). *Modificaciones al Sistema de Clasificación Climática de Köppen*. Universidad Nacional Autónoma de México. <http://www.librosoa.unam.mx/xmlui/handle/123456789/1372>
- García, F. K. (2008). *Caracterización genética de la población del estado Sucre y la Península de Araya (Venezuela), a través del estudio de polimorfismos del ADN Mitocondrial* [Tesis de Licenciatura]. Universidad Central de Venezuela. Facultad de Ciencias Económicas y Sociales. Escuela de Antropología.
- García, P. H. M. (2001). Electroforesis en geles de poliacrilamida: Fundamentos, actualidad e importancia. *University Diagnostic*, 2(1), 31-41.
- Gómez-Martínez, E. (2005). Diagnóstico regional del Istmo de Tehuantepec. *Centro de Investigaciones y Estudios Superiores en Antropología Social UNIDAD ISTMO*, 99.
- González, O. A., Garfias Morales, E., Romero García, E., Laina, C., La, M. I. de, Alonzo, A., Patricia, A., Pérez Martínez, M., Sánchez Solís, F., Comunidad, C., Cristian, B., Smith, D. G., & Torre Blanco, A. (2013). Análisis del DNA mitocondrial antiguo y contemporáneo: Un acercamiento a las relaciones genéticas en las poblaciones indígenas de Mesoamérica. *Cuicuilco*, 20(58), 153-171.
- González Oliver, A., Garfias Morales, E., Romero García, E., Laina, C., La, M. I. de, Alonzo, A., Patricia, A., Pérez Martínez, M., Sánchez Solís, F., Comunidad, C., Cristian, B., Smith, D. G., & Torre Blanco, A. (2013). Análisis del DNA mitocondrial antiguo y contemporáneo: Un acercamiento a las relaciones genéticas en las poblaciones indígenas de Mesoamérica. *Cuicuilco*, 20(58), 153-171.
- González, T. Y. (2001). *Animales y plantas en la cosmovisión mesoamericana* (1a ed.). Plaza y Valdes.
- Heinrich, M., Ankli, A., Frei Haller, B., Weimann, C., & Sticher, O. (1999). Medicinal plants in Mexico; Healers, Consensus and Cultural importance. *Social science & medicine* (1982), 47, 1859-1871. [https://doi.org/10.1016/S0277-9536\(98\)00181-6](https://doi.org/10.1016/S0277-9536(98)00181-6)

- Herrera-Paz, E. F. (2013). La Genética de Poblaciones y el Origen de la Diversidad Humana. *REV MED HONDUR*, 81(1), 6.
- Herreras, E. B. (2005). *SPSS: UN INSTRUMENTO DE ANÁLISIS DE DATOS CUANTITATIVOS*. 2, 8.
- Hey, J., & Machado, C. A. (2003). The study of structured populations—New hope for a difficult and divided science. *Nature Reviews. Genetics*, 4(7), 535-543. <https://doi.org/10.1038/nrg1112>
- Hill, P. J., & Stewart, G. S. A. B. (1992). The Polymerase Chain Reaction in Molecular and Micro-biology. *Biotechnology and Genetic Engineering Reviews*, 10(1), 343-378. <https://doi.org/10.1080/02648725.1992.10647892>
- INALI, I. N. de L. I. (2012). *México. Lenguas indígenas nacionales en riesgo de desaparición: Variantes lingüísticas por grado de riesgo*.
- INALI, I. N. de L. I. (2018). *CATALOGO DE LAS LENGÜAS INDÍGENAS NACIONALES*. Instituto Nacional de Lenguas Indígenas. https://site.inali.gob.mx/publicaciones/cuadernillo_catalogo.pdf
- INALI, I. N. de L. I. (2019). *Catálogo de las Lenguas Indígenas Nacionales*. <https://www.inali.gob.mx/clin-inali/>
- INEGI, I. N. de E. y G. (2010). *INEGI. Censo de Población y Vivienda 2010. Diversidad de Chiapas*. <http://cuentame.inegi.org.mx/monografias/informacion/chis/poblacion/diversidad.aspx?tema=me&e=07>
- INEGI, I. N. de E. y G. (2015a). *Anuario estadístico y geográfico de Chiapas 2015*.
- INEGI, I. N. de E. y G. (2015b). *Características educativas de la población*. <https://www.inegi.org.mx/temas/educacion/>
- INEGI, I. N. de E. y G. (2015c). *México en Cifras. Chiapas*. <http://www.beta.inegi.org.mx/app/areasgeograficas/?ag=07>
- INEGI, I. N. de E. y G. (2015d). *Número de habitantes. Oaxaca*. <http://cuentame.inegi.org.mx/monografias/informacion/oax/poblacion/>
- INEGI, I. N. de E. y G. (2016). *Principales resultados de la Encuesta Intercensal 2015. Chiapas*. (p. 108). Instituto Nacional de Estadística y Geografía.

http://internet.contenidos.inegi.org.mx/contenidos/Productos/prod_serv/contenidos/espanol/bvinegi/productos/nueva_estruc/inter_censal/estados2015/702825079727.pdf

- INEGI, I. N. de E. y G. (2018). *ESTADÍSTICAS A PROPÓSITO DEL... DÍA MUNDIAL DE LA POBLACIÓN (11 DE JULIO)*. Instituto Nacional de Estadística y Geografía.
- Jiménez, H. A., & Núñez, G. M. (2016). El sistema de salud de Chiapas ante la transición demográfica y epidemiológica. *CUADERNOS DEL CENDES*, 33(92), 103.
- Kaufman, T. (1974). *Idiomas de Mesoamérica*. José de Pineda Ibarra. <https://es.scribd.com/document/343041050/Idiomas-de-Mesoamerica-Kaufman-Terrence>
- Leff, E., Ezcurra, E., Pisanty, I., & Romero Lankao, P. (2002). *La transición hacia el desarrollo sustentable: Perspectivas de América Latina y el Caribe* (1.^a ed.). Instituto Nacional de Ecología.
- Lira, R., Casas, A., & Blancas, J. (2016). Ethnobotany of Mexico Interactions of People and Plants in Mesoamerica. *Springer Science*, 21. https://doi.org/10.1007/978-1-4614-6669-7_2
- Lomonte, V. B. (2007). *Manual de Métodos Inmunológicos* (4ta ed.). Universidad de Costa Rica. <http://www.icp.ucr.ac.cr/~blomonte/>
- López, M. R., & López, M. R. (2017). LA ISTMEÑA EN EL CONTEXTO ECONÓMICO, POLÍTICO Y SOCIAL EN EL ISTMO DE TEHUANTEPEC, MÉXICO. *Instituto Politécnico Nacional.*, 14.
- Lott, M. (2019). *MitomapFigures* < MITOMAP < Foswiki. <https://www.mitomap.org/foswiki/bin/view/MITOMAP/MitomapFigures>
- Luque, J. C., & Herráez, Á. S. (2001). *Texto ilustrado de biología molecular e ingeniería genética: Conceptos, técnicas y aplicaciones en ciencias de la salud* (1.^a ed.). Elsevier España.
- Malyarchuk, B. A., Rogozin, I. B., Berikov, V. B., & Derenko, M. V. (2002). Analysis of phylogenetically reconstructed mutational spectra in human mitochondrial

- DNA control region. *Human Genetics*, 111(1), 46-53.
<https://doi.org/10.1007/s00439-002-0740-4>
- Mari Mut, J. A. (2015). *El árbol de Ceiba* (ediciones digitales). Alicia Maury.
<http://edicionesdigitales.info/ceiba/ceiba.pdf>
- Martínez-Cruzado, J. (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*, 1-12.
- Martínez-Moreno, E., Corona-Torres, T., Avitia-García, E., Castillo-González, A. M., Terrazas, T., & Colinas y Leon, M. (2006). Caracterización morfométrica de frutos y semillas de nanche (*Byrsonima crassifolia* (L.) H.B.K.). *Revista Chapingo Serie Horticultura*, XII, 11-17.
<https://doi.org/10.5154/r.rchsh.2005.03.018>
- Mitchell, J. D., & Daly, D. C. (2015). A revision of *Spondias* L. (Anacardiaceae) in the Neotropics. *PhytoKeys*, 55, 1-92.
<https://doi.org/10.3897/phytokeys.55.8489>
- Moreno, A., & Sandoval, K. (2013). Diversidad genómica en México: Pasado indígena y mestizaje. *Cuicuilco*, 20(58), 249-275.
- Moreno, L. C. (2006). *Descripción genética de una población Mazahua y su posible relación con otras etnias mexicanas a partir de haplogrupos mitocondriales*. [Licenciatura]. Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo.
- Murillo F. Javier, & Martínez-Garrido, C. (2010). *Investigación Etnográfica*. Universidad Autónoma de Madrid. https://documentop.com/investigacion-etnografica_59f64f331723dde8847b2821.html
- Nathaniel Berger, D., Bulanin, N., García-Alix, L., Wibben Jensen, M., Leth, S., Alvarado Madsen, E., Mamo, D., Parellada, A., Lund Petersen, L. M., Rose, G., Thorsell, S., & Wessendorf, K. (2020). *El mundo indígena 2020* (34.^a ed.). IWGIA. <https://www.iwgia.org/es/mexico/3745-mi-2020-mexico.html>
- Navarrete, C. (1966). *The Chiapanec History and Culture*. New World Archaeological Foundation, Brigham Young University.

- Navarro-Garza, H., Santiago-Santiago, A., Musálem-Santiago, M. Á., Vibrans-Lindemann, H., & Pérez-Olvera, Ma. A. (2012). LA DIVERSIDAD DE ESPECIES ÚTILES Y SISTEMAS AGROFORESTALES. *Revistas Chapingo Seria Ciencias Forestales y Del Ambiente*, 17(1), 71-86. <https://doi.org/10.5154/r.rchscfa.2010.11.124>
- Navarro-Sigüenza, A. G., Rebón-Gallardo, M. F., Gordillo-Martínez, A., Peterson, A. T., Berlanga-García, H., & Sánchez-González, L. A. (2014). Biodiversidad de aves en México. *Revista Mexicana de Biodiversidad*, 85, 476-495.
- Núñez, C., Baeta, M., Sosa, C., Casalod, Y., Ge, J., Budowle, B., & Martínez-Jarreta, B. (2010). Reconstructing the population history of Nicaragua by means of mtDNA, Y-chromosome STRs, and autosomal STR markers. *American Journal of Physical Anthropology*, 143(4), 591-600. <https://doi.org/10.1002/ajpa.21355>
- OMS, O. M. D. L. S. (2016). *Informe Mundial Sobre la Diabetes* (p. 88) [De investigación]. Organización Mundial de la Salud. <https://apps.who.int/iris/bitstream/handle/10665/254649/9789243565255-spa.pdf?sequence=1>
- Orantes-García, C., Moreno-Moreno, R. A., Caballero-Roque, A., & Farrera-Sarmiento, O. (2018). Plantas utilizadas en la medicina tradicional de comunidades campesinas e indígenas de la Selva Zoque, Chiapas, México. *BOLETÍN LATINOAMERICANO Y DEL CARIBE DE PLANTAS MEDICINALES Y AROMÁTICAS*, 5(17), 19 p.
- Orantes-García, C., Moreno-Moreno, R., Verdugo, A., & Sarmiento, O. (2015). *Plantas útiles en comunidades campesinas de la Selva Zoque-Chiapas*.
- Pérez, C. I., & Fernández, B. A. (2009). Estudios regionales desde la Antropología Sociocultural. *Ciencia y Sociedad*, XXXIV(3), 23.
- PNUMA, P. de las N. U. para el M. A. (2005). *Diversidad biológica: Proyecto Ciudadanía Ambiental Global*. PNUMA.
- Pool-Chalé, M. R. (2014). La jícara y sus usos tradicionales en Yucatán, una vasija hecha del fruto de *Crescentia cujete* L. (Bignoniaceae). *Herbario CICY*, 6, 3.

- Posada, D., Crandall, K. A., & Templeton, A. R. (2000). GeoDis: A program for the cladistic nested analysis of the geographical distribution of genetic haplotypes. *Molecular Ecology*, 9(4), 487-488.
- Posso, D. D., & Ghneim, T. (2008). *Manual de Laboratorio: Uso de Marcadores Microsatélites para la estimación de Diversidad Genética en plantas* 9789802610938 (p. 74). Instituto Venezolano De Investigaciones Científicas. <https://www.iberlibro.com/Manual-Laboratorio-Marcadores-Microsat%C3%A9lites-Estimaci%C3%B3n-Diversidad/8316543734/bd>
- Quezada, J. B. B., Garmendia Zapata, M., & Meyrat, A. (2010). *Especies arbóreas del Arboretum Alain Meyrat* (1.^a ed., Vol. 1). Universidad Nacional Agraria.
- Ríos-García, C., Ramírez-Ramirez, J., Molina-Meza, J., Pérez-Pimentel, M., López-López, M., & Orantes-García, C. (2015). Árboles y arbustos útiles en una comunidad campesina de Jiquipilas, Chiapas. *Lacandonia*, 9, 11-16 pp.
- Rodríguez, S. I. P., & Barrera, S. H. A. (2004). La reacción en cadena de la polimerasa a dos décadas de su invención. *CIENCIA UANL*, 2(3), 323-335.
- Ruenes Morales, M. del R., Morales, R., Escalante, P., Casas, A., José, J., Osorio, J., & Caballero, J. (2012). *Cultivo de Spondias purpurea "abales" en los huertos familiares de Yucatán* (pp. 85-106).
- Salgado González, S., & Fernández-León, E. (2011). Elementos para el estudio de una migración antigua: El caso de los Chorotega-Mangue. *Cuadernos de Antropología*, 21(0), 1-30.
- Salgado-Mora, M. G., Ibarra-Núñez, G., & Macías-Sámano, J. E. (2007). Diversidad arbórea en cacaotales del Soconusco, Chiapas, México. *Interciencia*, 32(11), 7.
- Sánchez-Boiso, A., Peñaloza-Espinosa, R. I., Castro-Sierra, E., Cerda-Flores, R. M., Buentello-Malo, L., Sánchez-Urbina, R., Ortiz-de-luna, R. I., Rodríguez-Espino, B. A., Salamanca-Gómez, F. A., Flores-Ayón, M. P., Salamanca-Vargas, T., Aguirre-Hernández, J., Cerón-Vázquez, E., López-Castillejos, J., & Morán-Barroso, V. F. (2011). Genetic structure of three Native Mexican communities based on mtDNA haplogroups, and ABO and Rh blood group

- systems. *Revista De Investigacion Clinica; Organo Del Hospital De Enfermedades De La Nutricion*, 63(6), 614-620.
- Segleau, E. J. (2008). Arboles medicinales: El ceiba. *Kuru: Revista Forestal*, 14(5), 4.
- SSA, S. de S. (2018). *Panorama Epidemiológico 2018. Enfermedades No Transmisibles OBSERVATORIO MEXICANO DE ENFERMEDADES NO TRANSMISIBLES (OMENT)*. LDG. Brenda Liliana Escobedo López. <https://www.gob.mx/salud>
- Starikovskaya, E. B., Sukernik, R. I., Derbeneva, O. A., Volodko, N. V., Ruiz-Pesini, E., Torroni, A., Brown, M. D., Lott, M. T., Hosseini, S. H., Huoponen, K., & Wallace, D. C. (2005). Mitochondrial DNA Diversity in Indigenous Populations of the Southern Extent of Siberia, and the Origins of Native American Haplogroups. *Annals of Human Genetics*, 69(1), 67-89. <https://doi.org/10.1046/j.1529-8817.2003.00127.x>
- Sunnucks, P., & Hales, D. F. (1996). Numerous transposed sequences of mitochondrial cytochrome oxidase I-II in aphids of the genus *Sitobion* (Hemiptera: Aphididae). *Molecular Biology and Evolution*, 13(3), 510-524. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a025612>
- Tamay, de D. L., Ibarra, C., & Velasquillo, C. (2013). Fundamentos de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) y de la PCR en tiempo real. *Investigacion en Discapacidad*, 2(2), 70-78.
- Tamura, K., Dudley, J., Nei, M., & Kumar, S. (2007). MEGA4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4.0. *Molecular Biology and Evolution*, 24(8), 1596-1599. <https://doi.org/10.1093/molbev/msm092>
- Tamura, K., & Nei, M. (1993). Estimation of the number of nucleotide substitutions in the control region of mitochondrial DNA in humans and chimpanzees. *Molecular Biology and Evolution*, 10(3), 512-526. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a040023>
- Templeton, A. R., Crandall, K. A., & Sing, C. F. (1992). A cladistic analysis of phenotypic associations with haplotypes inferred from restriction

- endonuclease mapping and DNA sequence data. III. Cladogram estimation. *Genetics*, 132(2), 619-633.
- Torres, F. J. (2017). El corredor del Istmo de Tehuantepec: De los proyectos fallidos a las nuevas posibilidades para su desarrollo. *Espacios Públicos*, 48, 127-149.
- Torrioni, A., Chen, Y. S., Semino, O., Santachiara-Beneceretti, A. S., Scott, C. R., Lott, M. T., Winter, M., & Wallace, D. C. (1994). MtDNA and Y-chromosome polymorphisms in four Native American populations from southern Mexico. *American Journal of Human Genetics*, 54(2), 303-318.
- Valadez, M. E., & Kahl, G. E. (2000). *Huellas de ADN en genomas de plantas (Teoría y protocolos de laboratorio)* (5.^a ed.). Ediciones Mundi-Prensa.
- Vázquez, P. E., Méndez, R. M., & Guiascón, Ó. G. R. (2006). Uso medicinal de la Fauna silvestre en los Altos de Chiapas, México. *Interciencia*, 31(7), 491-499.
- Vigilant, L., Stoneking, M., Harpending, H., Hawkes, K., & Wilson, A. C. (1991). African populations and the evolution of human mitochondrial DNA. *Science (New York, N.Y.)*, 253(5027), 1503-1507.

Apéndice 1. Glosario

Familia lingüística: se define como un conjunto de lenguas cuyas semejanzas en sus estructuras lingüísticas (fonológicas, morfosintácticas y léxicas) obedecen a un origen histórico común (INALI, 2018).

Especie: Concepto biológico: se define una especie como los miembros de poblaciones que pueden reproducirse entre sí en la naturaleza. Concepto genético:

Polimorfismo: es la coexistencia de dos o más formas distintas de un gen, llamados alelos, en una misma población, donde ninguno de los dos presenta una frecuencia menor al 1%. Los análisis polimórficos son producto de mutaciones, pueden ser clásicos (grupos sanguíneos y proteínas) o moleculares (ADN nuclear, ADN mitocondrial y cromosoma Y); ambos estudios pretenden el origen de las poblaciones, los movimientos migratorios, el grado de mestizaje, etc. (García Fernández, 2008; Luque y Herráez, 2001).

Mutaciones génicas: son alteraciones en el material genético que puede ocasionarse por agentes ambientales o espontáneamente, como consecuencia de errores que ocurren durante la replicación y que cambia uno o varios nucleótidos en el genoma (De Robertis y Hib, 2004).

Haplotipo: Secuencia de bases del genoma mitocondrial de un individuo concreto que pertenece a un mismo linaje o haplogrupo (Cardoso, 2011).

Haplogrupo: Conjunto de variantes en posiciones determinadas del genoma que caracteriza a los individuos (haplotipos) con un mismo origen filogeográfico (Cardoso, 2011).

Apéndice 2. Abreviaturas importantes.

ADN	Ácido desoxirribonucleico
ADN_{MT}	Ácido desoxirribonucleico mitocondrial
Pb	Pares de bases
dNTPs	Desoxinucleótidos trifosfatos
EDTA	Ácido etilendiaminotetraacético
Hg	Haplogrupo
Kb	Kilobases
Mb	Megabases
ng	Nanogramo
NRY	Non-Recombining Y/ Región no recombinante
PCR	Polimerase Chain Reaction/ Reacción en cadena de la Polimerasa
PK	Proteinasa K
RFLPs	Restriction Fragment Length Polymorphism/ Fragmentos de restricción de longitud polimórfica
rpm	revoluciones por minutos
SNPs	Single Nucleotide Polymorphisms/ Polimorfismos de nucleótido único
SSRs	Simple Sequence Repeats/ Secuencias de repeticiones simples
STRs	Short Tandem Repeats/ Repeticiones cortas en tándem
Taq	<i>Termus aquaticus</i>
TE	TrisHCl + EDTA
Tris	Hidroximetil aminometano
TAE	Tris-acetato-EDTA

Apéndice 3. Método de extracción de ADN con sales “salting out” descrito por Sunnucks & Hales (1996) con modificaciones.

Día 1.

- Añadir en un tubo de micro centrífuga 300 µl de buffer Ten +SDS 2%, enseguida la muestra y 5 µl de proteinasa K.
- Dar vórtex 20 segundos e incubar 1 hora y media a 56 °C.
- Retirar las muestras del calor y esperar 5 minutos a temperatura ambiente.
- Añadir 100 µl de NaCl a 5 Molar, dar vórtex 30 segundos.
- Centrifugar 8 minutos a 14, 000 rpm a 4 °C.
- Transferir sobrenadante a tubos nuevos rotulados y añadir 800 µl de etanol al 100% frío (-20°C), invertir de 4 a 7 veces gentilmente.
- Dejar toda la noche a -20°C

Día 2.

- Centrifugar 21 minutos a 14,000 rpm a 4°C.
- Decantar el exceso de alcohol en vaso de precipitado, cuidando de no derramar el pellet.
- Añadir 800 µl de etanol al 70% frío (-20°C) y centrifugar 8 minutos a 14,000 rpm a 4 °C.
- Decantar exceso de alcohol y dejar secar a temperatura ambiente.
- Añadir de 60 a 100 µl de agua destilada estéril (dependiendo del tamaño del pellet).
- Dejar a -20 °C para su uso posterior.

Apéndice 4. Electroforesis en gel de agarosa al 1% (p/v) para visualización de ADN.

- Se prepara una solución de agarosa al 1% en TAE al 0.1%. se disuelven en 0.378 mg de agarosa en 37.5 ml de amortiguador TAE al 1 % en un matraz.
- El matraz se mete al horno de microondas aproximadamente un minuto y medio hasta que la mezcla se vea cristalina y el hervor disminuya un poco.
- La mezcla se deja enfriar a temperatura ambiente aproximadamente 5 minutos.
- Antes de vaciar la mezcla en el molde de la cámara de electroforesis se coloca el peine para diez pozos.
- La mezcla se vierte en el molde y se deja pasar aproximadamente 15 a 20 minutos para que el gel solidifique.
- Una vez que haya solidificado el gel, se retira el peine.
- Se colocan las muestras en el gel. En un parafilm se colocan 3 μ l Azul 6X, mas 5 μ l de ADN, se resuspende bien con la micropipeta y se toma con la micropipeta para colocarla al gel en cada uno de los pozos.
- La cámara de electroforesis se conecta a la fuente de poder a un voltaje de 50 a 100 volts., aproximadamente una hora.
- Una vez que el gel haya corrido se tiñe durante 15 minutos en una charola que contiene agua corriente más 25 μ l de bromuro de etidio.
- Se retira el gel de la charola y se observa en el transiluminador de luz ultravioleta por unos instantes.
- Se fotografía el gel directamente del transiluminador y se imprime la foto en blanco y negro en papel normal.

Apéndice 5. Reacción en cadena polimerasa (PCR).

En un tubo de micro centrífuga nuevo y estéril se coloca la siguiente mezcla:

Reactivos para el kit de PCR	Concentración final μ
Buffer	5.0
MgCl ₂	1.5
DNTPs	0.5
BSA	0.3
Forward	1.0
Reverse	1.0
Agua estéril	14.6
Taq Polimerasa	0.15
Total	24.0

- La solución sin ADN se coloca en el vórtex durante 5 segundos.
- El ADN es colocado al final en cada tubo con 24 μ l de la mezcla de reacción.
- Se colocan los tubos en el termociclador y se someten a condiciones específicas de Amplificación, programadas para el ADN de cada especie a estudiar.
- El programa de amplificación utilizada en el termociclador varía de acuerdo al gen que se quiera amplificar, en este caso se llevó a cabo de la siguiente manera:

Proceso	Temperatura (°C)	Tiempo
Desnaturalización inicial	94	3 minutos
No. de ciclos 30		
Desnaturalización	94	2 minutos
Alineamiento	62	1:30 minutos
Extensión	72	1:20 minutos
Extensión Final	72	5 minutos

Apéndice 6. Electroforesis en gel Agarosa al 2% (p/v) para visualización de ADN.

- Se prepara una solución de agarosa al 2% en TAE al 0.1 %. Se disuelven 0.80 mg de agarosa en 40 ml de amortiguador TAE 0.5% en un matraz.
- El matraz se mete al horno de microondas aproximadamente un minuto hasta que la mezcla se vea cristalina y el hervor disminuya un poco.
- La mezcla se deja enfriar a temperatura ambiente aproximadamente 5 minutos.
- Antes de vaciar la mezcla en el molde de la cámara de electroforesis se coloca el peine para diez pozos.
- La mezcla se vierte en el molde y se deja pasar aproximadamente 15 a 20 minutos para que le gel solidifique.
- Una vez que haya solidificado el gel, se retira el peine.
- Se colocan las muestras en gel. En un parafilm se colocan 2 μ l Azul 6X, más 2 μ l de ADN amplificado, se re suspende bien con la micro pipeta y se toma con la micro pipeta para colocarla al gel en cada uno de los pozos.
- En el último pozo del gel se coloca el marcador de peso molecular “ladder” (100 pb) que varía de acuerdo al número de pares de bases a observar en el fragmento amplificado de ADN. El tampón de carga para el marcador molecular es de 4 μ l de “ladder”, más 2 μ l de Azul bromoffenol 6X.
- La cámara de electroforesis se conecta a la fuente de poder a un voltaje de 50 a 100 volts., aproximadamente una hora.
- Una vez que el gel haya corrido se tiñe durante 15 minutos en una charola que contiene agua corriente más 25 μ l de bromuro de etidio.
- Se retira el gel de la charola y se observa en el transiluminador de luz ultravioleta por unos instantes.
- Se fotografía el gel directamente del transiluminador y se imprime la foto en blanco y negro en papel normal.

11.ANEXOS

Anexo1. Carta de aceptación de la colaboración con el proyecto.

Carta de Consentimiento

Tuxtla Gutiérrez, Chiapas

_____ 2018

Lugar: _____

Por este medio hago constar que he sido informado sobre los objetivos y alcances del proyecto *Migraciones Otomangues en la Mesomérica Prehispánica. Estudio de los Chiapanecas mediante análisis genético*, cuyo objetivo es el encontrar la huella genética de los pueblos Otomangues de México y países de Centroamérica.

Por lo anterior y de manera voluntaria y únicamente con ese objetivo, acepto proporcionar una muestra de tejido epitelial de mucosa bucal, mediante el uso de hisopos estériles, para que sea transportados a la ciudad de Tuxtla Gutiérrez, Chiapas al laboratorio de Ecología Evolutiva de la Universidad de Ciencias y Artes de Chiapas, donde se trabajara en la extracción y amplificación de ADN para su análisis filogenético, exclusivos para este proyecto de investigación.

Nombre

Firma

Anexo 2. Encuesta realizada a las personas de las localidades de estudio.

Proyecto: Análisis genético y etnográfico del grupo otomanguense en el Istmo-costero y Depresión Central del estado de Chiapas.

Fecha entrevista: _____ Entrevista No. _____

Entrevistador: Leidy Domínguez Molina.

Informante: _____

Edad: _____ Sexo: F ó M

Lugar de la entrevista: _____

Lugar de nacimiento/localidad: _____

Ocupación: _____

Lengua originaria: _____

Tiempo de vida en la localidad: _____

Lugar de nacimiento de sus padres: _____

Lugar de nacimiento de sus abuelos: _____

Padece de alguna enfermedad crónica: Sí o No

¿Cuál? _____

Causa de fallecimiento de sus padres y abuelos: Sí o No

¿Cuál? _____

Utilización de plantas (Religión, rituales, cultivos, medicinales, etc):

- *Crescencia cujete* (tecomate, bule, guaje):
- *Byrsonima crassifolia* (Nance, nanchi):
- *Ceiba pentandra* (pochota, pochote):
- *Spondias* (jobo, hobo, jocote):
- *Plumeria rubra* (Flor de mayo, lengua de toro, cacalosúchil):

Utilización de animales (alimento, comercio, domesticación, ritual, etc.):

- *Iguana iguana* (iguana verde):
- *Ctenosaura similis* (garrobo, iguana rayada):
- *Momotus sp.* (guardabarrancos, pájaro péndulo):

Otras plantas o animales del bosque utilizan:

Armadillo

ANEXO 3. FICHAS TÉCNICAS.

Crescentia kujete L.

TAXONOMIA

Reino: Plantae

Division: Magnoliophyta

Clase: Magnoliopsida

Orden: Lamiales

Familia: Bignoniaceae

Género: *Crescentia*

Especie: *Crescentia Cujete*



Figura 1. *Crescentia kujete*. Foto: Bekw Gasj en www.naturalista.mx.

ORIGEN: Nativo de México

NOMBRE(S) COMÚN(ES)

Jícaro, mimbre, cirián, tecomate, guiro, cuautecomate, arbol de las calabazas, boch, gua, guirototumo, gutoxiga, japt, leua, morro, palo de huacal, pog, poque, totumo, tzima, xagucta-guia, xica-gueta-nazas, zacual.

FORMA BIOLÓGICA:

Arbol perennifolio de 6-8 m de altura, con la copa ancha y abierta y el follaje dispuesto en grupos sobre las ramillas. Hojas de varios tamaños en un mismo grupo, obovadas, apiculadas, de base cuneada, algo coriáceas. Miden de 4-20 cm de longitud y son de color verde oscuro. Flores solitarias, caulifloras, a lo largo de las ramas o sobre el mismo tronco. Son acampanadas, de 4-7 cm de diámetro y de color amarillo con venación púrpura. El fruto es como una calabaza ovoide-elíptica de 13-20 cm de diámetro, con la corteza leñosa y lisa. Contiene numerosas semillas pequeñas y sin alas dentro de una pulpa gelatinosa.

<http://www.conafor.gob.mx:8080/documentos/docs/13/909Crescentia%20cujete.pdf>

***Byrsonima crassifolia* L.**

TAXONOMIA

Reino: *Plantae*

Division: *Tracheophyta*

Clase: *Magnoliopsida*

Orden: *Magnoliopsida*

Familia: *Malpigiaceae*

Género: *Byrsonima*

Especie: *Byrsonima crassifolia*



Figura 2. *Byrsonima crassifolia*.

Foto: Lorenzo-Cáceres.

ORIGEN: Arbol originario de Mesoamérica. Se extiende desde el sur de México, hasta Perú, Bolivia, Paraguay, Brasil.

NOMBRE (S) COMÚN (ES):

Changunga, Changungo, Chengua (Mich.); Chi (l. maya, Yuc.); Huizaa (l. zapoteca, Oax.); Mami-hña (l. chinanteca, Oax.); Nance, Nanche, Nanchi, Nanantze (Gro.); Nance agrio (Gro., Tab.); Nancis; Nanche amarillo (Pue.); Nanche dulce (Oax.); Nandzin (l. zoque, Chis.); Nantzincúhuitl, Nanzinxócotl (l. náhuatl).

FORMA BIOLÓGICA:

Arbol pequeño y torcido o arbusto perennifolio (caducifolio en bosques secos), de 3 a 7 m (hasta 15 m) de altura con un diámetro a la altura del pecho de hasta 30 cm. Hojas alargadas, decusadas, simples; láminas de 5 a 15 cm de largo por 2 a 7.5 de ancho, elípticas con el margen entero; verde oscuras y casi glabras en el haz y verde amarillentas grisáceas pubescentes en el envés. Tronco tortuoso. Ramas ascendentes y frecuentemente ramificado desde el suelo. Flor(es) en racimos o panículas estrechas terminales de 5 a 15 cm de largo de color amarillo-rojizo. Frutos de 10 a 15 cm de largo; drupas globosas, de 1.7 a 2 cm de diámetro, amarillentas a ligeramente anaranjadas, con una abundante carne agridulce rodeando a un hueso grande y duro. Una semilla rodeada por una testa delgada morena. http://www.conabio.gob.mx/conocimiento/info_especies/arboles/doctos/35-malpi1m.pdf

***Ceiba pentandra* L.**

TAXONOMIA

Reino: *Plantae*

Division: *Tracheophyta*

Clase: *Magnoliopsida*

Orden: *Malvales*

Familia: *Malvaceae*

Género: *Ceiba*

Especie: *Ceiba pentandra*

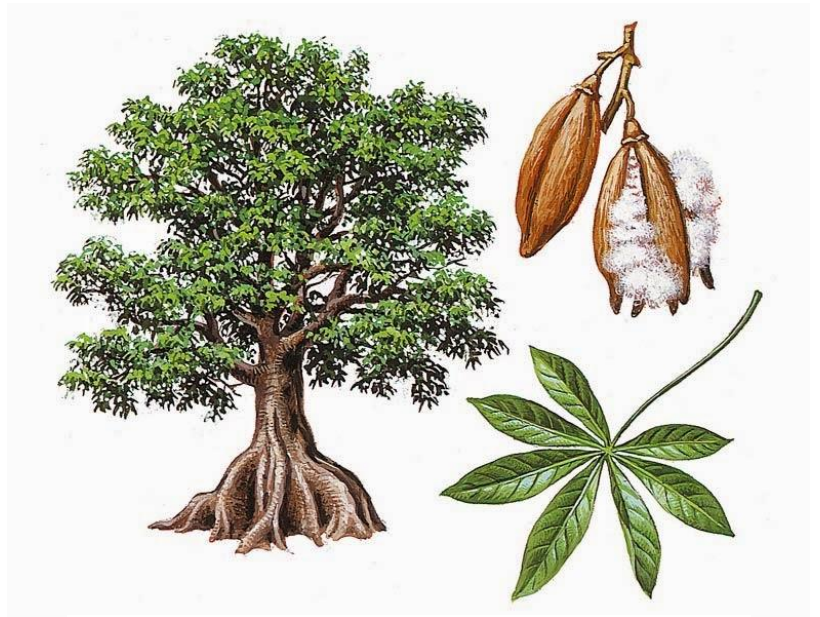


Figura 3. *Ceiba pentandra*. Foto: Jonas Goodwin

ORIGEN: Originario de América Central. Se extiende desde el sur de México hasta Venezuela, Brasil y Ecuador. En los trópicos del Viejo Mundo (regiones tropicales de Africa Occidental y Asia).

NOMBRE (S) COMÚN (ES):

Ceiba, Ceibo (Oax.); Pochote; Cuypishtin (l. popoluca, Ver.); Li-misgash-pupi (l. chontal (Oax.); Pimm, Yaaxché (l. maya, Yuc.); Pishtin, Pochotillo (Chis.); Póchotl (l. náhuatl); Púchuti (l. totonaca, Ver.); Tunuum (l. mixteca, Oax.); Yaga-xeni (l. zapoteca, Oax.); Unup (l. huasteca).

FORMA BIOLÓGICA:

Arbol gigantesco, uno de los más grandes en la América tropical, caducifolio, de 20 a 40 m (hasta 70 m) de altura, con un diámetro a la altura del pecho de hasta 3 m, medido sobre las raíces tubulares. Copa redondeada o plana, muy amplia (cobertura hasta 50 m). Hojas alternas, aglomeradas en las puntas de las ramas, palmado-compuestas, de 11 a 40 cm de largo, incluyendo el pecíolo, compuestas de 7 a 8 folíolos, de 5 x 1.5 a 15 x 4 cm, angostamente elípticos. Tronco cilíndrico sólido, grueso y recto, cubierto por numerosas espinas cónicas fuertes. Numerosas flores en fascículos en las axilas de hojas caídas, de 4 a 8 cm de largo y actinomorfas. Frutos son cápsulas oblongas o elípticas, 5 valvadas, de 8 a 14 cm de largo por 4.5 a 7 cm de ancho. Contienen muchas semillas negras de 4 a 8 mm de largo y fibras lanosas.

http://www.conabio.gob.mx/conocimiento/info_especies/arboles/doctos/14-bomba5m.PDF

Spondias sp.

TAXONOMIA

Reino: *Plantae*

Division: *Tracheophyta*

Clase: *Magnoliopsida*

Orden: *Sapindales*

Familia: *Anacardiaceae*

Género: *Spondias*



Figura 4. *Spondias*. Foto: tropicalplantbook.com

ORIGEN: Originaria de Mesoamérica. Se extiende desde México hasta Brasil y Perú.

NOMBRE (S) COMÚN (ES):

Jobo - en los estados del sur, ciruela amarilla – Yucatán; kan-abal, k'ank'an-abal, xkinin-hobó (lengua maya) – Yucatán; pompocua, popocua (lengua tarasca) – Michoacán; cozticxócotl (lengua nahuatl); jobo espinoso, jobo roñoso – Tabasco; ciruelo obo, obo de zopilote, hobo de monte – Oaxaca; lului, lulushotz - El Real, Chis.; Shipá (lengua totonaca) - región de El Tajín, Ver.; tu-tuni (lengua chontal) – Oaxaca.

FORMA BIOLÓGICA:

Arbol o arbusto caducifolio, de 3 a 8 m de altura, con un diámetro a la altura del pecho de hasta 80 cm. Copa muy extendida. Hojas alternas, pinnadas, de color verde amarillento, de 10 a 20 cm de largo. Tronco corto, ramas gruesas, retorcidas y frágiles. Flores son pequeñas y de color rojo o rosado, de 0.63 cm de diámetro. Drupa (fruto), de color rojo purpúreo o amarillo, ovoide, de 3 cm de largo por 1.5 de ancho, pulpa de color amarillo, jugosa y agridulce, con un hueso de 0.50 a 0.75 cm de largo, grande, fibroso por fuera; contiene de 1 a 5 semillas.

<http://www.conafor.gob.mx:8080/documentos/docs/13/1003Spondias%20mmbin.pdf>

***Plumeria rubra* L.**

TAXONOMIA

Reino: *Plantae*

Division: *Magnoliophyta*

Clase: *Magnoliopsida*

Orden: *Gentianales*

Familia: *Apocynaceae*

Género: *Plumeria*

Especie: *Plumeria rubra*



Figura 5. *Plumeria rubra*. Foto: Alfredo Moro.

ORIGEN: Especie originaria de Mesoamérica; se extiende de México a Ecuador, Perú y Brasil.

NOMBRE (S) COMÚN (ES):

Cacalosúchil, Jacalosúchil rojo, Jacalosúchil blanco, Flor de cuervo, Alejandría, Flor de templo, Franchipán (Rep. Mex.); Cacalosúchil rojo (Chis.); Cacaloxóchitl (l. nahuatl); Ahuaipuih (l. mixe, Oax.); Campechana (Camp., Tab.); Cundá (l. tarasca, Mich.); Chak-nikté, Chak-sabaknikté, Nikté, Sach-nicté (l. maya, Yuc., Chis.); Súchil (Oax.); Flor de mayo (Yuc.); Chiquinjoyó, Nopinjoyó, Cacajoyó, Popojoyó (l. zoque, Tuxtla Gutiérrez, Chis.).

FORMA BIOLÓGICA:

Árbol o arbusto caducifolio, de 5 a 8 m (hasta 25 m) de altura con un diámetro a la altura del pecho de hasta 70 cm, con abundante líquido lechoso en la corteza. Hojas simples dispuestas en espiral, aglomeradas en las puntas de las ramas; láminas de 15 a 30 cm de largo por 4 a 8 cm de ancho. Tronco derecho, con pocas ramas gruesas y torcidas. Ramificación di o tricótoma. Flores muy fragantes, actino mórficas; sépalos pardo verdosos; corola blanca pura y ligeramente amarilla en el cuello. Folículos (vainas) de 25 a 30 cm de largo y 3 cm de diámetro, geminados, péndulos, verde amarillento o verde anaranjado, glabros, con numerosas semillas. Semillas aladas hasta de 6.5 cm, incluyendo el ala, de color pardo oscuras.

http://www.conabio.gob.mx/conocimiento/info_especies/arboles/doctos/6-apocy2m.pdf

Momotus momota

TAXONOMIA

Reino: *Animalia*

Filo: *Chordata*

Clase: *Aves*

Orden: *Coraciiformes*

Familia: *Momotidae*

Género: *Momotus*

Especie: *Momotus momota*



Figura 6. *Momotus sp.* Foto: Juzaphoto

CARACTERÍSTICAS:

Es un ave de aproximadamente 48 cm; se reconoce por su cabeza voluminosa, con una banda azul clara que rodea su coronilla negra y se vuelve morada en la nuca; posee un pico grueso y fuerte, ligeramente curvado con los bordes del pico aserrados; la cola es larga, de color negro por debajo, con la rectriz gradual, las centrales terminadas en forma de raqueta, que a veces menea con movimiento pendular. Anida en madrigueras que excava en barrancos. Generalmente permanece solitario o en parejas en el nivel medio o bajo de la vegetación.

DISTRIBUCIÓN:

En zona tropical del continente americano, viven en los bordes de los bosques húmedos, secos, áreas semiabiertas y hasta en los jardines.

https://www.ecured.cu/Momotus_momota

Iguana sp.

TAXONOMIA

Reino: *Animalia*

Filo: *Chordata*

Clase: *Sauropsida*

Orden: *Squamata*

Familia: *Iguanidae*

Género: *Iguana sp.*



Figura 7. Iguana iguana Foto: Stan van Remmerden

CARACTERÍSTICAS

Color verde, rojizo o gris, miden de 1 hasta 2 m de longitud incluyendo la cola. Es un animal de sangre fría (su piel no permite la evaporación para regular su temperatura corporal), para calentarse necesitan la exposición del sol y para enfriarse los lugares frescos y de sombra. El ciclo de reproducción es anual, el nacimiento ocurre de dos a tres meses después de la postura dependiendo la especie. Se alimentan de plantas, insectos y otros invertebrados, en estados juveniles son insectívoros y en estado adulto son omnívoros. Suelen vivir en la copa de los árboles o en largos túneles de áreas pedregosas.

DISTRIBUCIÓN

Desde México hasta Nicaragua y pueden llegar a considerar altitud hasta los 800 m.s.n.m, prefiere el bosque seco y húmedo, principalmente a orilla de ríos, lagunas y lagos.

(Esquivel, 1999)

(Esquivel, 1999)

Dasypus novemcinctus

TAXONOMIA

Reino: *Animalia*

Filo: *Chordata*

Clase: *Mammalia*

Orden: *Cingulata*

Familia: *Dasypodidae*

Género: *Dasypus novemcinctus*



Figura 8. *Dasypus novemcinctus*.

Foto: Christian

CARACTERÍSTICAS:

Es la especie de mulita de mayor tamaño. Presenta generalmente 9 bandas móviles, aunque su número puede variar entre 8 y 11. El caparazón es globoso y algo comprimido, su color es pardo grisáceo oscuro, con escamas córneas amarillentas de variada intensidad, en especial en los costados. Las patas son cortas y robustas, la cola, relativamente larga, se afina gradualmente hacia la punta y en sus dos tercios proximales las escamas que la recubren están dispuestas en anillos. Los machos alcanzan la madurez sexual a los 12 meses y las hembras a los 18 meses de edad. Tiene una alta tasa de reproducción y produce cuatrillizos monocigóticos (genéticamente idénticos) gestación de 140 días. La duración de la generación se ha estimado en cinco años, y la longevidad es de alrededor de ocho a doce años.

DISTRIBUCIÓN:

Esta especie se extiende desde el sur de EE.UU. a través de México y América Central, América del Sur hacia el sur hasta el norte de Argentina. También está presente en las Antillas Menores, en Granada y Trinidad y Tobago. Se distribuye desde el nivel del mar hasta 2.000 metros de altitud.

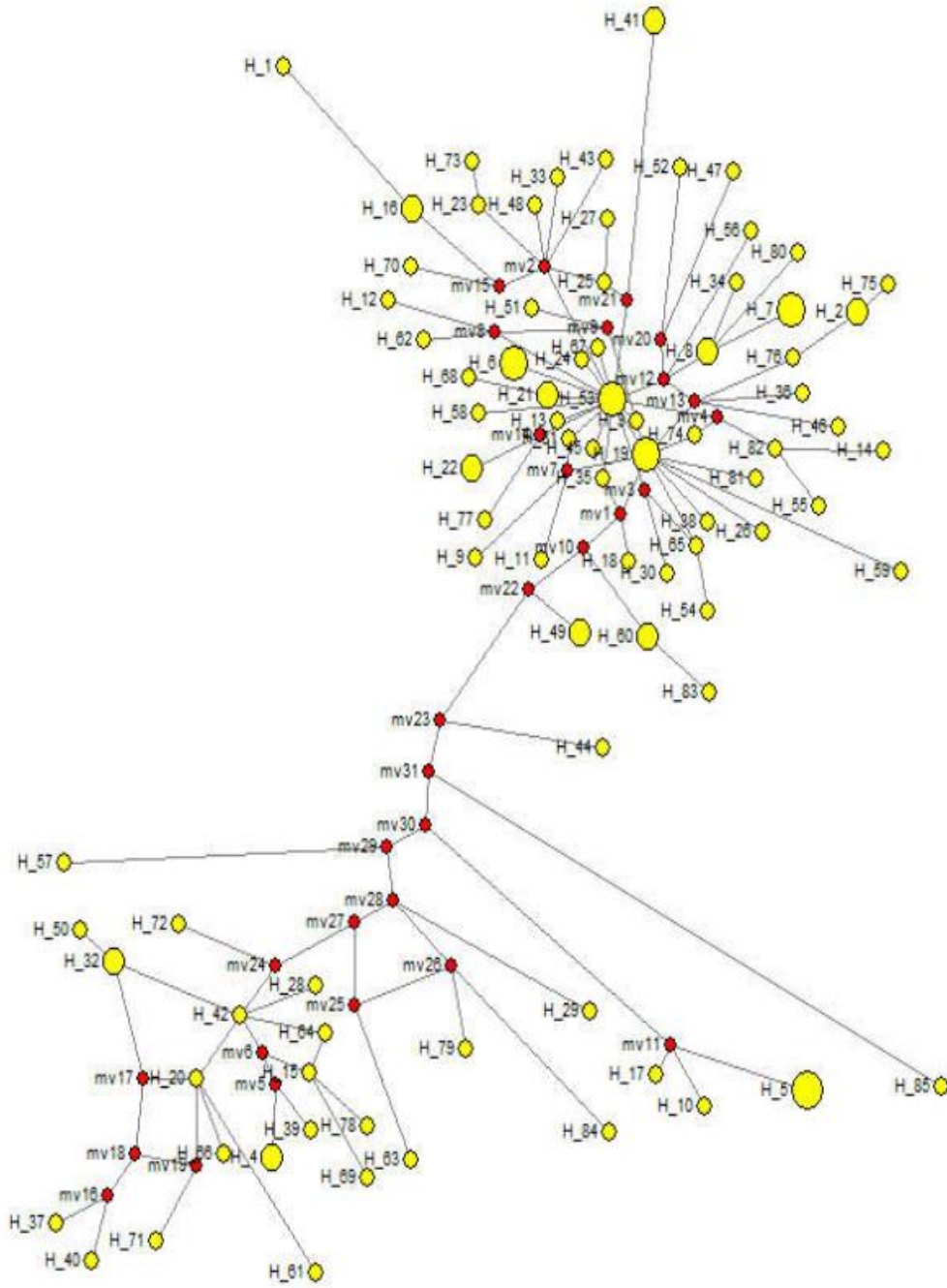
<https://sib.gob.ar/especies/dasypus-novemcinctus>

Anexo 4. Lista de haplogrupos.

HAPLOTIPOS	# INDIVIDUOS	NOMBRE DE INDIVIDUOS	HAPLOGRUPO
Hap_1	1	ACA19	A
Hap_2	2	ACA20, VCO5	A
Hap_3	1	TOTO3	A
Hap_4	2	TOTO4, CHCZ8	B
Hap_5	4	TOTO14, TON17, ESC9, OAX1	B
Hap_6	3	TOTO15, TON18, OAX5	A
Hap_7	3	CPLLA1, CPLLA8, ARR2	A
Hap_8	2	CPLLA2, PIJ14	A
Hap_9	1	CPLLA3	A
Hap_10	1	CPLLA4	B
Hap_11	1	CPLLA5	A
Hap_12	1	CPLLA6	A
Hap_13	1	CPLLA7	A
Hap_14	1	CPLLA9	A
Hap_15	1	CPLLA10	B
Hap_16	2	CPLLA11, VFL12	A
Hap_17	1	CPLLA12	B
Hap_18	1	CPLLA14	A
Hap_19	3	CPLLA15, PIJ4, VCO14	A
Hap_20	1	CPLLA16	B
Hap_21	2	CHCZ3, JIQ3	A
Hap_22	2	CHCZ4, CHCZ6	A
Hap_23	1	CHCZ5	A
Hap_24	1	CHCZ9	A
Hap_25	1	CHCZ13	A
Hap_26	1	CHCZ15	A
Hap_27	1	CHCZ16	A
Hap_28	1	CHCZ18	B
Hap_29	1	SUCH1	B
Hap_30	1	VFL2	A
Hap_31	1	VFL3	A
Hap_32	2	VFL6, ARR11	B
Hap_33	1	VFL13	A
Hap_34	1	VFL15	A
Hap_35	1	JIQ4	A
Hap_36	1	JIQ5	A
Hap_37	1	JIQ6	B
Hap_38	1	JIQ9	A
Hap_39	1	JIQ10	B

Hap_40	1	JIQ14	B
Hap_41	2	ARR1, OAX4	A
Hap_42	1	ARR5	B
Hap_43	1	ARR6	A
Hap_44	1	ARR8	B
Hap_45	1	ARR9	A
Hap_46	1	ARR10	A
Hap_47	1	ARR15	A
Hap_48	1	ARR16	A
Hap_49	2	ARR17, PIJ7	A
Hap_50	1	TON3	B
Hap_51	1	TON4	A
Hap_52	1	TON5	A
Hap_53	3	TON6, PIJ1, PIJ2	A
Hap_54	1	TON20	A
Hap_55	1	TON21	A
Hap_56	1	PIJ3	A
Hap_57	1	PIJ6	B
Hap_58	1	PIJ8	A
Hap_59	1	PIJ10	A
Hap_60	2	PIJ12, ESC12	A
Hap_61	1	PIJ13	B
Hap_62	1	PIJ15	A
Hap_63	1	PIJ16	B
Hap_64	1	PIJ17	B
Hap_65	1	PIJ18	A
Hap_66	1	PIJ19	B
Hap_67	1	ESC1	A
Hap_68	1	ESC3	A
Hap_69	1	ESC4	B
Hap_70	1	ESC6	A
Hap_71	1	ESC10	B
Hap_72	1	VCO1	B
Hap_73	1	VCO2	A
Hap_74	1	VCO3	A
Hap_75	1	VCO4	A
Hap_76	1	VCO6	A
Hap_77	1	VCO7	A
Hap_78	1	VCO8	B
Hap_79	1	VCO11	B
Hap_80	1	VCO12	A

Hap_81	1	OAX2	A
Hap_82	1	OAX6	A
Hap_83	1	OAX7	A
Hap_84	1	CHINA	B
Hap_85	1	INDONESIA	B



Anexo 5. Red de haplogrupo con nombre de cada haplotipo en el gráfico.

12.PRODUCTOS

- Estancia académica en la ciudad de México en el Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del IPN durante el periodo octubre-diciembre de 2018 a cargo de la Dra. María del Rocío Gómez Ortega en el laboratorio de Genómica Poblacional del Departamento de Toxicología.
- Constancia de participación como ponente en el cuarto Coloquio en “Desarrollo Sustentable y Gestión de Riesgo”. Universidad de Ciencias y Artes de Chiapas. Realizado el 31 de mayo al 1° de Junio del 2018.



- Constancia de participación como ponente en el quinto Coloquio en “Desarrollo Sustentable y Gestión de Riesgo”. Universidad de Ciencias y Artes de Chiapas. Realizado el 17 de mayo de 2019.



- Artículo de investigación:

Artículo cultural enviado a la revista Etnobiología: Algunas especies de plantas y animales de la Depresión Central y Costa del Pacífico de Chiapas y Centroamérica y su relación con sociedades de filiación otomangue.

Artículo de investigación

Algunas especies de plantas y animales de la Depresión Central y Costa del Pacífico de Chiapas y Centroamérica y su relación con sociedades de filiación otomangue

[Some species of plants and animals of the Central Depression and the Pacific Coast of Chiapas and Central America and their relationship with Otomanguean affiliation societies]


Leidy Domínguez-Molina¹, Carlos Uriel Del Carpio- Penagos², Eduardo E. Espinoza Medinilla¹ & Roberto López Bravo³

¹Facultad de Ingeniería, Laboratorio de Ecología Evolutiva, Universidad de Ciencias y Artes de Chiapas (UNICACH), Libramiento Norte 1450 Col. Lajas Maciel, Tuxtla Gutiérrez, Chiapas. CP 29014

²Facultad de Humanidades, Universidad de Ciencias y Artes de Chiapas (UNICACH). Escuela de Historia, Calzada Samuel León Brindis y Avenida Central No. 151, Tuxtla Gutiérrez, Chiapas, C. P. 29000; Facultad de Arquitectura UNACH, Boulevard Belisario Domínguez Km. 1081, Deleg. Terán.

³Facultad de Humanidades, Universidad de Ciencias y Artes de Chiapas (UNICACH). Escuela de Arqueología, Camino Viejo a San Gabriel, Chiapa de Corzo.

22/11/21 18:39 Fwd: Sobre su artículo sometido a etnobiologia - leidy Molina, div@gmail.com - Gmail

 🔍 Buscar correo ☰

Redactar

Recibidos 158

Destacados


Pospuestos

Meet

Nueva reunión

Unirse a una reunión

Hangouts

 Biól. Leidy +

No hay chats recientes

Iniciar uno nuevo

Saludos,
Eduardo

----- Forwarded message -----

De: Revista Etnobiología <revista.etnobiologia@gmail.com>
Date: jue, 30 sept 2021 a las 20:50
Subject: Sobre su artículo sometido a etnobiologia
To: <eduardo.espinoza@unicach.mx>

Estimado Eduardo,

Espero se encuentre muy bien, hemos recibido contribución titulada "ALGUNAS ESPECIES DE PLANTAS Y ANI SU RELACIÓN CON SOCIEDADES DE FILIACIÓN OTOMANGUE" Ya se le ha notificado a través de la plataforma mensajes enviados son tomados como SPAM, le sugiero revisar su bandeja para saber si está el mensaje en cue El equipo editorial de la revista agradece considerar a Etnobiología como medio para dar a conocer el resultado d

Sin más por el momento reciba un cordial saludo.

ATENTAMENTE

Araceli Tegoma
Asistente Editorial

Revista Etnobiología (ISSNe 2448-8151; ISSN 1665-2703),
publicación científica arbitrada editada por la Asociación Etnobiológica Mexicana, A.C.

Dr. José Blancas
Editor en Jefe

Artículo Genético: Identificación del grupo otomangue a través del linaje mitocondrial de la población chiapaneca en la Depresión Central y Costa del Pacífico de Chiapas. Pendiente enviar a Revista.

Artículo de investigación

Identificación del grupo otomangue a través del linaje mitocondrial de la población Chiapaneca en la Depresión Central y Costa del Pacífico de Chiapas.

[Identification of the Ottomangue group through the mitochondrial lineage of the Chiapaneca population in the Central Depression and Pacific Coast of Chiapas.]

Leidy Domínguez-Molina¹, Eduardo E. Espinoza Medinilla¹ & Carlos Uriel Del Carpio-Penagos²

¹Instituto de Ciencias Biológicas, Laboratorio de Investigación y Diagnóstico Molecular, Universidad de Ciencias y Artes de Chiapas (UNICACH), Libramiento Norte 1450 Col. Lajas Maciel, Tuxtla Gutiérrez, Chiapas. CP 29014.

²Facultad de Humanidades, Universidad de Ciencias y Artes de Chiapas (UNICACH). Calzada Samuel León Brindis y Avenida Central, Tuxtla Gutiérrez, Chiapas; Facultad de Arquitectura UNACH.