



FILO:UBA
Facultad de Filosofía y Letras
Universidad de Buenos Aires

P

Análisis antropogenético de la población afrodescendiente en la región de Nor Yungas, Bolivia

Autor:

Iudica, Celia Estela

Tutor:

Avena, Sergio

2017

Tesis presentada con el fin de cumplimentar con los requisitos finales para la obtención del título Doctor de la Facultad de Filosofía y Letras de la Universidad de Buenos Aires en Antropología

Posgrado



FILO:UBA
Facultad de Filosofía y Letras

FILODIGITAL
Repositorio Institucional de la Facultad
de Filosofía y Letras, UBA

Iudica Celia Estela

Facultad de Filosofía y Letras
Universidad de Buenos Aires

**Análisis antropogenético de la
población afrodescendiente
en la región de Nor Yungas, Bolivia.**

Tesis para optar al título de Doctor.

Director: Sergio Avena

Codirector: María Laura Parolin

Consejero: Francisco Raúl Carnese

Abril de 2017

Agradecimientos

Al Dr. Raúl Carnese, profesor asesor de esta tesis, por el apoyo incondicional brindado a este proyecto desde sus inicios, y la confianza depositada en mi persona y en mi trabajo.

A mi director, por su acompañamiento en el desarrollo del trabajo.

A la Dra. Parolin, codirectora de la tesis, y a Lali, compañera de aventuras en el trabajo de campo.

Al Dr. Pedro Fernández Iriarte, que ayudó a mejorar mi trabajo con su colaboración y su insistencia.

Al Dr. Germán García y a la Lic. Carla Paterlini, quienes descubrieron, con su atenta mirada de biólogos en vacaciones, que en los Yungas bolivianos había una tarea posible y necesaria.

A mis jóvenes colegas, que siempre tienen para mí palabras de reconocimiento y apoyo.

Al Negro, mi compañero desde hace 30 años, que entendió lo que había que hacer antes que yo.

A los vecinos de las comunidades afrobolivianas, mucho más que sujetos de esta tesis.

Dedicada a mis hijas,
que aún no han visto *Gorilas en la niebla*.

**Análisis antropogenético de la población afrodescendiente
en la región de Nor Yungas, Bolivia.**

Índice

CAPÍTULO I: INTRODUCCIÓN	6
I-1 Acerca de por qué estudiar una comunidad afroboliviana	6
I-2 Aspectos históricos	9
<i>I-2.1 La actual Bolivia también tiene raíz africana</i>	9
<i>I-2.2 Presencia africana en América</i>	10
<i>I-2.3 Características de la trata de personas en América</i>	12
<i>I-2.4 Número y proporción de africanos en América</i>	13
<i>I-2.5 Procedencia de los africanos que llegaban a América</i>	17
<i>I-2.6 Las rutas de ingreso</i>	21
<i>I-2.7 Relación entre la explotación minera y la ocupación de los esclavos</i>	22
<i>I-2.8 Ocupación de la región yungueña</i>	26
<i>I-2.9 El período independiente</i>	29
I-3 Características histórico-demográficas de las poblaciones afrosudamericanas	31
<i>I-3.1 Afrobrasileños</i>	32
<i>I-3.2 Afrovenezolanos</i>	37
<i>I-3.3 Afrocolombianos</i>	41
<i>I-3.4 Afroecuatorianos</i>	43
<i>I-3.5 Afrochilenos</i>	45
<i>I-3.6 Afroperuanos</i>	47
<i>I-3.7 Afroparaguayos</i>	49
<i>I-3.8 Afrouruguayos</i>	52
<i>I-3.9 Afroargentinos</i>	55
I-4 La actualidad afroboliviana	61
<i>I-4.1 La región de Nor Yungas</i>	61
<i>I-4.2 Rey afro en Mururata</i>	64
I-5 Antropología genética	65
<i>I-5.1 Marcadores genéticos biparentales</i>	67
<i>I-5.2 Marcadores genéticos uniparentales</i>	68
<i>I-5.2.1 Características del ADN mitocondrial</i>	68
<i>I-5.2.1.1 Distribución de los linajes mitocondriales</i>	73

<i>I-5.2.2 Características del Cromosoma Y</i>	75
<i>I-5.2.2.1 Distribución de los linajes paternos</i>	76
I-6 Estudios antropogenéticos en poblaciones afrolatinoamericanas	78
<i>I-6.1 Marcadores genéticos biparentales</i>	79
<i>I-6.2 Marcadores genéticos uniparentales</i>	82
<i>I-6.2.1 ADN mitocondrial</i>	82
<i>I-6.2.2 Cromosoma Y</i>	84
CAPITULO II: HIPÓTESIS A SOSTENER Y OBJETIVOS	86
CAPITULO III: MATERIALES Y MÉTODOS	88
III-1 Poblaciones estudiadas	88
III-2 Protagonistas del estudio	93
III-3 Obtención de las muestras biológicas	96
<i>III-3.1 Viajes de campaña</i>	96
<i>III-3.2 Muestras biológicas y datos biodemográficos</i>	96
III-4 Devolución de resultados a las comunidades	97
III-5 Análisis biológico de las muestras	97
<i>III-5.1 STRs autosómicos</i>	98
<i>III-5.2 ADN mitocondrial</i>	99
<i>III-5.3 STRs del cromosoma Y</i>	100
III-6 Análisis Estadísticos	101
CAPITULO IV: RESULTADOS	104
IV-1 Información genealógica	104
<i>IV-1.1 Árboles genealógicos</i>	104
<i>IV-1.2 Datos genealógico-poblacionales</i>	104
<i>IV-1.3 Demografía poblacional</i>	106
IV-2 Análisis genético de la población	106
<i>IV-2.1 STRs autosómicos</i>	107
<i>IV-2.2 ADN mitocondrial: región control</i>	114
<i>IV-2.3 Cromosoma Y</i>	123
CAPITULO V: DISCUSIÓN	133
V-1 De la información genealógica	133
V-2 De los marcadores biparentales	135
V-3 De los linajes maternos	139
V-4 De los linajes paternos	151

V-5 Cruzamiento diferencial sexo-específico	153
V-6 Caracterización intrapoblacional	155
V-7 Devolución de resultados y recepción por la comunidad	155
CAPITULO VI: CONCLUSIONES	157
CAPITULO VII: BIBLIOGRAFIA	159
CAPITULO VIII: ANEXOS INFORMATIVOS	175
A-Datos censales 2012	175
B-Consentimiento informado y aprobación de Comité de ética	177
C-Encuesta genealógica individual y familiar	179
D-Encuesta demográfica	180
E-Documentos de devolución de resultados, individual (muestra) y comunitario (para Tocaña)	181
F-Protocolos de laboratorio: aislamiento del ADN, amplificación de fragmentos microsatélites y región control mitocondrial	183
G-Citas bibliográficas de las poblaciones utilizadas en estudios comparativos	186
H-Árboles genealógicos construidos	190
I-Tablas de Resultados STR, ADN mitocondrial y cromosoma Y	195
J-Mutaciones diagnósticas de los haplogrupos mitocondriales	204
CAPITULO IX: PUBLICACIONES	205

Análisis antropogenético de la población afrodescendiente en la región de Nor Yungas, Bolivia.

*Todos iguales entre sí por ser distintos,
pero no tan distintos que unos pueden ser más o menos hombres que otros.*

Leopoldo Zea (1993)

CAPÍTULO I: INTRODUCCIÓN

I-1 Acerca de por qué estudiar una comunidad afroboliviana

Los afrobolivianos constituyen probablemente el grupo de afrolatinoamericanos menos estudiado, lo que está evidenciado por la escasa presencia como tema en la bibliografía académica (Lisocka-Jaegermann, 2010). Sin embargo, son un grupo numeroso. En base a datos periodísticos fundados en el censo nacional boliviano 2012, extraoficiales aún, conocemos que 16.329 personas mayores de 15 años (8785 varones y 7544 mujeres) indicaron, en ocasión de la consulta, su pertenencia a la cultura afroboliviana (La Razón, La Paz, 1Ago2013).

Según los datos oficiales del censo nacional realizado en 2012, la población boliviana asciende a 10.027.254 personas. De este total, algo más de 2.800.000 bolivianos mayores de 15 años se autoidentificaron con alguna de las naciones que constituyen el Estado Plurinacional de Bolivia (Anexo A) (<http://www.ine.gob.bo:8081/censo2012/PDF/resultadosCPV2012.pdf>).

Sobre esta base, la población afroboliviana mayor de 15 años representa el 0,16% del total poblacional, y, en orden de importancia numérica, el sexto grupo étnico boliviano en el conjunto de los 36 pueblos reconocidos por la Constitución Nacional de 2009.

Los afrobolivianos forman parte de la diáspora africana, definida por la UNESCO en 1980 como *el proceso por el cual millones de seres humanos africanos fueron arrebatados violentamente de África para explotarlos como fuerza de trabajo colonial durante las etapas de nacimiento y expansión del sistema capitalista a escala mundial, siendo ellos y sus descendientes sometidos a un sistema de esclavitud y posteriormente a diversas formas de opresión, discriminación y*

marginación social'.

Refiere Lisocka-Jaegermann (2010) que los pueblos afrodescendientes que habitan los países andinos conforman un grupo que abarca a los descendientes de esclavos que con el transcurso del tiempo ocuparon las capas más bajas de la sociedad colonial y posteriormente a la cultura mestiza y nacional, con algunas características especiales en referencia al establecimiento de una relación muy fuerte con los territorios que habitan.

Angola Maconde (2003), autor dedicado al estudio de la comunidad afroboliviana a la que pertenece, estima que el 23% de los afrobolivianos habita la región de Nor Yungas, en el Departamento de La Paz. El 77% restante reside disperso en centros urbanos, siendo Santa Cruz de la Sierra el de mayor preferencia albergando un 30%, mientras que un 25% se localiza en La Paz y el 22% restante en Cochabamba y Oruro, respectivamente. Estos datos provienen del censo 2001 y no han sido actualizados, dado que aún no se han publicado oficialmente las cifras discriminadas por región resultado del último censo realizado sobre la población boliviana.

A diferencia de muchas comunidades indígenas, los esclavizados trasladados forzosamente desde distintas zonas del continente africano y de distintas culturas, no poseían una lengua en común, adoptando para su supervivencia el idioma colonizador, lo que implicó un enorme impacto sociocultural. Señala Angola Maconde (2010) que aprendieron de los nativos el cultivo de la coca y que a partir de este intercambio y la necesidad de asimilarse e integrarse, estas comunidades habrían ido perdiendo sus tradiciones de origen africano. Sin embargo, la música y el ritmo siguen siendo al día de hoy elementos de la cultura africana que acompañan, con carácter de indispensable, las actividades comunitarias, sociales y religiosas de todos los pueblos americanos en general (Martinez Montiel, 2008), y que por supuesto no son ajenos al pueblo afroboliviano.

En el interés de revertir este proceso de transculturación, los afrobolivianos han comenzado desde hace aproximadamente dos décadas un proceso de rescate y

¹ UNESCO, Reunión de expertos sobre la presencia cultural negroafricana en el Caribe y las Américas, Barbados, 1980.

revalorización de su cultura, a través del cual buscan visibilizar su existencia para ocupar un espacio sociopolítico y reclamar sus derechos como nación (Walker, 2010).

Como muestra del grado de invisibilización o marginación que este grupo ha sufrido, es útil destacar que, hasta el censo 2012 la población afroboliviana era una estimación: la categoría afrodescendiente no figuraba como tal en los estudios censales anteriores, sino que quienes se autodefinieron en aquellas ocasiones como afrodescendientes fueron ingresados en el ítem “otros” (Lisocka-Jaegermann, 2010; Angola Maconde, 2010). La categoría afrodescendientes se ha incluido en el último censo con el criterio de autoidentificación, lo que muestra un cambio en la consideración del pueblo afroboliviano.

Menciona Walsh (2007) que existe un marcado desconocimiento de las comunidades afro en la región andina, basado en que el imaginario general hace ver a esta región como exclusivamente indígena y mestiza. Angola Maconde (2003) menciona en su texto *Raíces de un pueblo* que se desconoce, aún entre los afrodescendientes, por qué, cómo, y para qué llegaron sus antecesores a la región yungueña. García (2010a) afirma que *reconstruir el origen étnico de los distintos grupos africanos en Sudamérica es una deuda que tenemos los descendientes de la diáspora africana*. Siendo este conocimiento una parte importante de la reconstrucción cultural, surgió en la comunidad afroboliviana una pregunta: ¿De dónde provenimos?, que es la que condujo a un acercamiento entre los pobladores afrodescendientes de la región de Nor Yungas, Bolivia y el grupo de trabajo de la Sección Antropología Biológica de la Facultad de Filosofía y Letras de la Universidad de Buenos Aires y que resultó punto de partida para este trabajo².

² La tesista supo del interés del pueblo afroboliviano a raíz de la visita turística que un colega biólogo realizó a la comunidad de Tocaña. Allí, su oído atento notó la importancia que los vecinos adjudicaban al conocimiento de sus orígenes y a la vuelta de su viaje contribuyó al planteo como pregunta científica de la inquietud de la comunidad. (n. de la a.)

I-2 Aspectos históricos

I-2.1 La actual Bolivia también tiene raíz africana

La historia de Bolivia en el corazón de Los Andes se construye a través del poblamiento de América y los procesos migratorios posteriores a la colonización. La mayor parte de la población boliviana descende de Aymaras y Quechuas, los dos grupos culturales que ocuparon la región andina alrededor del Lago Titicaca (Afonso Costa et al. 2010). Las primeras sociedades complejas y civilizaciones surgieron en Sudamérica en los Andes centrales (Chavin, 2900-2200 AP, Tiwanaku, 2100-800AP, Huari 1300-800 AP). La civilización Tiwanaku se originó en el lago Titicaca y extendió su influencia hacia los Andes Centrales, en dirección norte y sur. Posteriormente, fueron conquistados por el imperio Inca (700-500 AP), que desde el Cuzco expandió su poder hacia Norte y Sur usando estrategias como la imposición del lenguaje Quechua sobre el Aymara de la civilización Tiwanaku y el sistema mitimae, de movimiento de las tribus (Gayà-Vidal et al., 2011). Hoy existen 10 millones de quechua-hablantes en Ecuador, Perú, sur de Bolivia y norte de Chile, mientras los 2.5 millones de aymara-hablantes principalmente se ubican en territorio boliviano (Gayá-Vidal et al., 2011). Del total de algo más de 10 millones de habitantes de Bolivia, según el censo 2012, 1.281.116 se consideran quechuas y 1.191.352 se reconocen como aymaras.

El actual territorio del Estado Plurinacional de Bolivia ha sido conocido sucesivamente por diversos nombres (Crespo Rodas, 2009). Comenzando desde la época hispánica, el primero que le fue adjudicado fue el de Nueva Toledo, como gobernación asignada a Diego de Almagro. Los españoles llamaron Charcas a la región al sur del lago Titicaca. La Audiencia de Charcas, tribunal político y administrativo suplente del Virrey, tenía jurisdicción en la región comprendida por las provincias de La Paz, Potosí, Sucre y Santa Cruz y dos territorios indígenas de misiones jesuíticas que lindaban con Brasil y Paraguay, Moxcos y Chiquitos. En el siglo XVI dependía del Virreinato del Perú, que había sido creado el 20 de noviembre de 1542 después de la conquista realizada por Pizarro, pasando luego a depender del Virreinato del Río de la Plata entre el 27 de octubre de 1777 y hasta el 23 de Enero de 1812 (Angola Maconde, 2010). El nombre actual de Bolivia se adopta en 1825, en épocas de independencia, en honor a Simón Bolívar.

Arteaga et al. (2009) mencionan que la cultura africana se vio moldeada por su encuentro con la cultura indígena y el poder colonizador de los españoles. La principal pérdida resultó el lenguaje, lo mismo que nombres de pila y apellidos africanos. Los apellidos que hoy ostentan los afrodescendientes corresponden a las personas a quienes pertenecían como esclavos. Nombres como Antón Biafara o Francisco Angola no son genuinos, sino que se atribuyeron a los esclavos procedentes de esas regiones (Martínez Montiel, 2008). Incluso menciona Crespo Rodas (2009) que aunque exhibieran un patronímico derivado de un territorio africano, no era realmente el de la procedencia, sino del puerto de embarque. A estos patronímicos se sumaron los apellidos Pinedo, Zabala, Flores, Torres y Medina, entre otros, que corresponden a los hacendados de los que eran propiedad (Angola Maconde, 2003).

Se inició así, a partir del siglo XV, la interacción entre europeos, nativos y africanos que dio origen a los grupos mestizos (descendientes de europeos y nativos), mulatos (entre europeos y africanos), zambos (africanos y nativos) y criollos (descendientes de europeos nacidos en América) (Baeta Bafalluy, 2012). Es así que en la región andina, como también en otras sociedades coloniales, se reconoce la conformación de una matriz blanco-negro-indígena (Guzmán, 2011). Considerando este proceso de mestizaje, se ha propuesto que nuestras culturas mejor debieran llamarse indoafroeuroamericanas (Martínez Montiel, 2008).

1-2.2 Presencia africana en América

La presencia de los negros en América fue conspicua. Si bien la mayor concentración sucedió en la región del Caribe, Brasil y Estados Unidos, muchas otras regiones y culturas han sido marcadas por su presencia (Martínez Montiel, 2008).

Las investigaciones históricas corroboran la presencia de negros africanos en el sur de España desde tiempos anteriores a Colón, y se afirma que en sus viajes lo acompañaban tripulantes negros (Martínez Montiel, 2008). Portugal Ortiz (1978) refiere que en 1501 arribó a América un grupo de negros traídos por el Gobernador Ovando, indicando que eran afrodescendientes nacidos en España.

Nitoburg (1991) menciona el arribo de los primeros esclavos africanos a La Española (hoy Haití) en 1502, con los europeos, mientras Martínez Montiel (2008) señala que los *negros* que llegaron a La Española habían sido traídos directamente del África. Esta autora afirma que esto es posible, dado que los exploradores portugueses, motivados por el proyecto del Infante de Portugal, Enrique II el navegante (1394-1460), habían incursionado en las islas y las costas africanas desde 1410, recorriendo el margen continental hasta llegar a la punta meridional, el Cabo de Buena Esperanza, en 1487. Málaga Nuñez Zeballos y Nima Vera (2010) indican que el primer contacto entre exploradores portugueses y habitantes africanos sucedió en el año 1441. Estas exploraciones culminaron con la apertura de la ruta hacia América por Vasco da Gama en 1498 (Martínez Montiel, 2008). Nitoburg (1991) refiere a 1513 como el año de arribo a América de esclavos traídos directamente desde el África hacia Darién, Panamá, para trabajar en las minas. Al día de hoy, un 1% de los haplogrupos mitocondriales que pueblan Europa es de origen africano, y en un 65% de ellos es atribuible a rutas de migración modernas, del período romano, de la conquista árabe o el tráfico de esclavos (Cerezo et al., 2012; Santos et al., 2014; Pardiñas et al., 2014).

Más tarde, hacia 1517, traficantes portugueses comenzaron con el traslado de 4.000 esclavos africanos hacia Haití, Cuba, Jamaica y Puerto Rico. El autor Portugal Ortiz (1978), refiere que fueron genoveses o portugueses los que ingresaron esclavos negros en los puertos americanos de Cartagena, Portobelo o Veracruz, indicando que en un período de cuatro años hacia 1528 fueron entregados 4.000 africanos a comerciantes en esos puertos, y posteriormente, entre 1595 y 1601, una cifra de 38.250. Pero el siglo XVIII es el que se señala como aquel que se caracterizó como más ampliamente esclavista (Portugal Ortiz, 1978; Nitoburg, 1991). Arteaga et al. (2009) indican que la época de mayor comercio de esclavos africanos sucedió entre 1518 y 1873. Martínez Montiel (2008) aclara que en las regiones del Virreinato del Río de La Plata, y en los territorios que actualmente constituyen los países de Colombia y Venezuela, el mayor ingreso se registró a finales del siglo XVIII.

Málaga Nuñez Zeballos y Nima Vera (2010) indican que el primer negro que llegó al Tawantinsuyu desembarcó a fines de 1527 en las costas de Tumbes acompañando a los primeros españoles que arribaron a la región. Los mismos

autores refieren datos documentados acerca de que en 1532 murió un esclavo negro en el incidente de Cajamarca donde Pizarro captura al inca Atahualpa. Menciona en el mismo sentido Crespo Rodas (2009) que los primeros negros en arribar a la altiplanicie colla llegaron junto a los españoles en 1535.

I-2.3 Características de la trata de personas en América

Según García (2010a) la trata de esclavos en América del Sur tuvo tres aspectos característicos. En primer lugar, su carácter *monopólico*: España cedió el monopolio del comercio inicialmente a Portugal, luego a los franceses y por último a los ingleses. El segundo aspecto fue el *libre comercio*, que autorizó a cualquier traficante participar del negocio, a partir de finales del siglo XVIII, y por último, el *contrabando*, que ejercieron holandeses, ingleses, italianos, daneses, portugueses, españoles y criollos.

La ruta que utilizaba la trata de esclavos puede caracterizarse por un “tráfico triangular” (Nitoburg, 1991; Martínez Montiel, 2008 y García, 2010a), en el que los vértices del triángulo eran, por una parte los países europeos que se dedicaban con mayor intensidad a este comercio: Inglaterra, Francia y Portugal. De los puertos de Sevilla, Lisboa, Liverpool, Nantes o Amsterdam partían los barcos cargados de mercancías y armas rumbo a las costas africanas. La obtención de africanos se realizaba de forma directa, a través de cacería, o bien mediante la compra en depósitos, usualmente ubicados sobre la costa o en islas, y abastecidos por estados africanos esclavistas, quienes capturaban por razias o promoviendo guerras étnicas con el uso de armas occidentales.

Al segundo vértice se llegaba tras la travesía oceánica, a las colonias en América, en donde se producía el margen de ganancias más considerable. Los destinos de distribución eran los grandes puertos receptores de Portobelo, Cartagena de Indias, la Guaira, Maracaibo, Puerto Cabello entre otros. Al tercer vértice se arribaba tras la travesía del transporte de los productos coloniales a Europa: metales, azúcar, algodón, tabaco. El total de la ruta insumía aproximadamente 9 meses (Crespo Rodas, 2009). España no participaba de la totalidad del tráfico triangular, sino solamente en dos vértices de manera subsidiaria.

Para Europa, la esclavitud de africanos significó la explotación de dos continentes, andamio del capital que sostuvo la revolución industrial. La vinculación entre ambos estimuló el desarrollo de flotas mercantes, transporte, industrias manufactureras, seguros, exportación de recursos naturales (Martínez Montiel, 2008). Nitoburg (1991) también explica que la esclavitud africana fue el medio que utilizaron los europeos para resolver la relativa escasez de recursos laborales en América, motivada por el casi exterminio de la población nativa o su huida hacia refugios en regiones selváticas o de montaña. Específicamente para España, la obtención de metales preciosos fue la clave de su expansión, a través de la industria extractiva de la plata que se mantuvo hasta las últimas décadas del siglo XVIII (Martínez Montiel, 2008).

La trata de esclavos se transformó en 1789 cuando se instauró la libertad comercial del tráfico negrero en las colonias españolas (Martínez Montiel, 2008). Inicialmente liberado para las provincias caribeñas de Santo Domingo, Cuba, Puerto Rico y Caracas, en 1791 se sumaron los virreinos del Río de la Plata con sus ciudades de Buenos Aires y Santa Fe, y ya en 1793 los súbditos hispanoamericanos podían comerciar libremente. Un par de años después, en 1795, los territorios del virreinato del Perú y el actual territorio de Chile obtuvieron las mismas concesiones (Martínez Montiel, 2008).

Crespo Rodas (2009) refiere que el aporte africano a la región cesó a comienzos del siglo XIX. Se encuentra documentado que el último cargamento de esclavos desembarcó en el sur de Cuba en 1873, indicando que el comercio de esclavos hacia América duró aproximadamente 400 años (Martínez Montiel, 2008). Para esta autora, la decadencia del sistema fue marcada por el momento en que la esclavitud deja ser productiva por resultar más costosa que el trabajo asalariado, lo que sucedió poco después de la independencia (Martínez Montiel, 2008).

1-2.4 Número y proporción de africanos en América

Crespo Rodas (2009) refiere que la reconstrucción del número de africanos traídos a América no será nunca ajustada, dado que la sujeción fiscal a la trata dispuesta por varios gobiernos de la región dio lugar a un contrabando extensivo. Hay coincidencia de distintos historiadores en este sentido. De todos modos, Walker (2010) afirma que a lo largo de los tres siglos y medio que duró el tráfico,

habrían sucedido 35.000 viajes de barcos negreros oficializados en registros, además de los que llegaron como contrabando, de los que no hay registro. Este contrabando tomaba dos modalidades: una forma totalmente clandestina que eludía todo control, y otra forma “amparada” que consistía en el arribo forzoso a tierra de un barco por averías en la nave, mal tiempo o falta de víveres, circunstancias falsas cuya planificación previa debía contar con la complicidad de las autoridades (Crespo Rodas, 2009).

Se estima que estos viajes, registrados o no, transportaron entre 12 y 15 millones de africanos a todos los países americanos, número fuertemente superior a los procedentes de Europa (Nitoburg, 1991; Crespo Rodas, 2009). Salas et al. (2005) estima en 11 millones el ingreso de africanos a América, especialmente procedentes del centro y oeste del continente. Martínez Montiel (2008) eleva la cifra a 40 millones.

Como un ejemplo más de lo dificultoso que resulta estimar el número de africanos llegados a nuestro continente, Gonçalves et al. (2008) refieren que entre 1550 y 1870 habrían llegado a Brasil 4 millones de africanos esclavos. Sin embargo, de esta cifra sólo existen registros comprobados de 1.3 millones, debido a que, luego de la abolición de la esclavitud en 1888 los documentos acreditantes fueron quemados para evitar reclamos compensatorios de los dueños de los esclavos.

Pese a la dificultad en precisar el número de africanos en nuestro continente, los estudios de la demografía de la esclavitud indican que entre 1492 y 1890 la presencia africana en América era mucho mayor que la europea y en algunas regiones como el Caribe, mayor que la población nativa a la que sustituyó (Martínez Montiel, 2008). Esta autora señala una relación numérica inversa entre africanos y población nativa: en la zona del Caribe donde la población autóctona casi se extinguió, la introducción de africanos fue muy importante, mientras que en otras regiones donde la población nativa mantuvo su demografía y/o que su número era mayor, la incorporación de esclavos no fue tan numerosa ni importante económicamente, como en Paraguay, Bolivia, Perú, parte de América Central y México.

Hacia 1650 sobre una población estimada en América de 12.411.000 habitantes, los negros alcanzaban a 857.000, o sea el 6.9%. Los nativos americanos sumaban un 80.8%, mientras que los blancos representaban el 6.8% de la población. Mulatos y mestizos completaban la población americana (Crespo Rodas, 2009).

La legislación de la Audiencia de Charcas da cuenta de la presencia africana en la región: una cédula real de 1580 trata sobre la situación de los negros en América, y otra de 1586 reglamenta la vida de los esclavos. Igualmente existen registros de cédulas de los años 1589 y 1604 que tratan tópicos vinculados a los negros (Portugal Ortiz, 1978). Otra cédula real, fechada en 1605, hace referencia un contrabando de 618 negros esclavos ingresados al puerto de Buenos Aires procedentes de Angola y *de los ríos de Guinea* (Portugal Ortiz, 1978).

Se registra en 1573 en la ciudad de La Plata (hoy Sucre) un cuerpo de ordenanzas en donde figuran varias disposiciones referentes a los esclavos, lo cual indicaría para Crespo Rodas (2009) que la población negra también en esa ciudad tenía cierta significación. Hay documentos que indican la presencia de esclavos en la zona de Tarija a mediados del siglo XVII y en Cochabamba en 1652 (Portugal Ortiz, 1978).

Por esta época, datos censales en el territorio de Charcas refieren el porcentaje de negros como del 3.5%, unos 30.000 sobre 850.000 habitantes. Más tarde, en 1846 después de las luchas independentistas, la población negra en Bolivia había disminuido hasta 27.941 personas sobre un total nacional de 1.373.896 bolivianos, permaneciendo en condición de esclavos 1.391 individuos (Crespo Rodas, 2009).

Los datos de la Oficina Nacional de Inmigración Boliviana, en el año 1900, mencionaban que el departamento de La Paz contaba con 426.930 habitantes, de los cuales 2056 eran afrodescendientes, ubicados en la ciudad de la Paz (131), en las provincias del Altiplano (190) y, en una mayor concentración, a las provincias de Nor y Sud Yungas con 802 y 933 afrodescendientes respectivamente.

En cuanto a la clasificación que en la época colonial se utilizaba para designar a los africanos, Crespo Rodas (2009), García (2010a) y Molina y López (2010), indican la aplicación de una definición de *bozales* y *ladinos* en relación al habla.

Indican que se llamó bozales a los que no hablaban el español y ladinos a los que podían expresarse en ese idioma. Cassano (2013) utiliza la definición de bozal como el negro recién llegado de África, que no sabe el idioma de su amo, mientras que reúne en el término ladino al africano que ha aprendido el idioma y al negro nacido en América, o negro criollo.

Bilbao Lobatón y Mori Julka (2010) indican que desde 1663 en el Perú se denominó en general morenos a los negros y pardos a los mulatos. Nitoburg (1991) refiere que estos términos fueron utilizados en las milicias americanas.

El mestizaje dio origen a una heterogeneidad racial de la que surgió el llamado *régimen de castas*, organización jerárquica de categorías raciales (Nitoburg, 1991). Crespo Rodas (2009), Salgado Henríquez (2010) y Bilbao Lobatón y Mori Julka (2010) citan, con algunas coincidencias y discordancias, las clasificaciones utilizadas para la designación de las castas formadas por cruzamientos en los que intervenía en alguna forma y grado la etnia negra, aunque aclaran que esta clasificación estaba más clara en el papel que en la realidad del conglomerado social. Crespo Rodas (2009) indica que en Charcas corresponde aplicar con mayor propiedad la misma que se utilizaba en el Perú, además de mencionar que en el Río de la Plata o en Paraguay había cuadros diferentes:

1. Mestizo, blanco e india.
2. Criollo, blanco y mestiza.
3. Mulato, blanco y negra.
4. Cuarterón, blanco y mulata.
5. Quinterón, blanca y cuarterón
6. Blanco, blanca y quinterón.
7. Chino, negro e india.
8. Zambo, negro y mulata o negro y china.
9. Zambo prieto, negra y zambo.
10. Negro, negro y zamba prieta.

El mestizaje en la actualidad es un proceso difícil de medir debido a la intensidad con la que transitaron de una casta a otra y de la dispersión de los libres de color a lo largo de todo el período colonial (Martínez Montiel, 2008). Nitoburg (1991) señala que se le debe asignar a los censos una importancia reducida, tomándolos sólo como una orientación aproximada acerca de la importancia relativa de la población africana y afrodescendiente en América, fundamentalmente debido a lo inapropiado de las categorías censales utilizadas a lo largo del tiempo.

1-2.5 Procedencia de los africanos que llegaban a América

Respecto del origen, al igual que en lo referente al número, existe coincidencia en los historiadores respecto de ser cautos. En principio, porque no es esperable que entre los traficantes existiera preocupación por dejar en claro la procedencia de su mercadería, y además, porque durante los siglos que duró la trata, los europeos conocían de modo superficial al continente africano. Además, se indica que existe documentación acerca de que individuos o grupos capturados en diversas regiones del África y/o pertenecientes a distintas etnias, eran recategorizados según su origen utilizando el nombre del puerto africano donde se comercializaban (Crespo Rodas, 2009; Martínez Montiel, 2008). Por ejemplo, muchos esclavizados secuestrados en el Calabar, en la actual Nigeria, entraron a América con el nombre de carabalíes, siendo muchos de ellos étnicamente efik o efok. Otros, vendidos en el puerto de Benguela en el sur de Angola, eran referidos como benguelas, aunque eran kongos o mbundus. El grupo africano conocido en América como “mina” designaba africanos de la etnia akan, provenientes de la llamada Costa de la Mina, en la actual Ghana. Muchos fueron designados como “negros de Guinea”, siendo este el nombre que los europeos utilizaban para una región una larga extensión costera desde Senegal a Angola (García, 2010b).

Otra dificultad que debe sortearse para comprender acabadamente el problema del origen es que las regiones africanas han recibido diferentes nombres, conforme la época y el país europeo que las describa, además de la necesidad de establecer cuál es la relación de esa nominación con la actual división política africana. No obstante estas diferentes dificultades para precisar el origen de los africanos que llegaron a América, las opiniones de diferentes autores coinciden en que el principal origen se situó en la región occidental, centro-occidental y

sudoriental.

Salas et al. (2005) afirman que la comunidad afronorteamericana está conformada por aportes en un 60% del África occidental, un 30% por el sudoeste africano y el resto por la región centro-occidental. Refiere Martínez Montiel (2008) que si bien fueron numerosos los pueblos africanos que alimentaron el tráfico esclavista, los de la costa occidental proporcionaron la mayor cantidad. No obstante, aclara que las arterias fluviales del continente tuvieron gran importancia en el proceso de acarreo de grupos humanos que se encontraban en el interior, a largas distancias de la costa, afirmación con la que también coinciden Gonçalves et al. (2008).

García (2010b) refiere, citando al autor G.R. Andrews, que los africanos llegaron a América provenientes en su mayoría de la zona lingüística bantú del África centro-occidental y del África occidental.

Herbert Klein (2011) indica que el principal flujo de salida de africanos, a cargo de empresas negreras legales e ilegales de propiedad de españoles, ingleses, franceses, portugueses y holandeses provenía de zonas costeras: la Costa del Golfo de Benín, del Dahomey y de Nigeria; la costa del Mina en la Costa de Oro, las costas de Luanda y toda la margen de Angola. Además, el autor menciona que los registros de la trata señalan como principales sitios de salida del África a Isla de Gorée en Senegal, Costa de Guinea, El Mina, Sierra Leona, Ouidah, Costa de Oro, Costa de esclavos y Loango en Angola.

Existen registros que indican que la población africana que vino inicialmente a América era procedente de puertos portugueses en el África, como la isla de Arguin, Messa, San Lago, San Jorge de Mina, San Pablo de Loanda y Santo Tomé, en donde Portugal dominó entre 1448 y 1575. Las factorías de Arguín y San Jorge de Mina “extrajerón” negros de la costa senegalesa y de los ríos de la zona guineana (Portugal Ortiz, 1978). Más tarde, en la segunda mitad del siglo XVI, San Jorge de Mina era abastecido por el bajo Níger y el imperio Mossi, mientras que desde San Pablo de Loanda se extrajerón africanos de origen Bantú en cifras de 8.000 a 10.000 al año (Portugal Ortiz, 1978). Walker (2010) indica a Angola como la fuente del 45% de los africanos traídos a las Américas, y en una proporción menor Mozambique, en la costa oriental sobre el Océano Indico. A este respecto, existen documentos que ubican, hacia 1721, una factoría en la costa sureste del

África que despachaba buques negreros (Martínez Montiel, 2008). Se indica que la trata esclavista decayó en la costa occidental africana en la década del 50 del siglo XIX, orientándose luego hacia la costa oriental (Martínez Montiel, 2008).

Para Walker (2010) algunos elementos gastronómicos reconocibles en Ecuador (en el valle del río Chota) indicarían importante presencia de la región de Congo en África central. En algunos documentos de los censos realizados por la Iglesia en los *curatos*, denominación utilizada para aludir a pueblos de origen católico, se utilizan algunos etnónimos-topónimos: Congo-Longo-Mondongo-Malemba-Sundi (actual República del Congo, Angola, Gabón y parte de la República Democrática del Congo), Angola-Mbuila (Angola), Tare-Mina-Arara-Popo (Benín y Togo), Mandinga-Wolof (Gambia, Senegal) o Nago-Yoruba-Lucumi-Carabali (Nigeria) (García, 2010b)

Brucato et al. (2010) mencionan que a las costas de la Guyana, entre Brasil y Venezuela llegaron esclavizados de orígenes variados: 12% de la región de Senegambia (hoy Senegal, Guinea-Bissau, Guinea), Sierra Leona y Costa abrigada (al presente Liberia y una parte de Costa de Marfil), 56% de la Costa de Oro (la parte remanente de Costa de Marfil y Ghana) y el Golfo de Benín (al presente Togo, Benín y parte de Nigeria), el 5% del golfo de Biafra (la parte remanente de la hoy Nigeria, Camerún, Guinea Ecuatorial y Gabón), y 28% del Sudoeste Africano (hoy Angola).

En referencia a los esclavos africanos llegados a Brasil, Gonçalves et al. (2008) indican que en los siglos XIX y XX hubo considerable debate y controversia acerca de la importancia relativa del Oeste africano (Senegambia, Golfo de Benin, Golfo de Biafra, Costa abrigada, Costa de Oro y Sierra Leona) y Centro-oeste del continente (Angola, Cabinda, Congo) en la conformación de los Afrobrasileños. Más recientemente, nuevos datos históricos revelaron que el Sudeste africano (Mozambique) también fue un tercer origen significativo, aunque menor. Los registros de las partidas en África rescatados muestran una contribución del 73.2% del Centro-oeste, 9,5% del Oeste y 17,3% del Sudeste del continente africano. Cambiando la fuente de datos y el período de tiempo, se ha documentado que entre 1701 y 1810 el 68% de los esclavos arribados a Brasil provenían de Centro-oeste y 32% del Oeste del continente. Además, en el período

1811-1830 se indica que la proporción de esclavos provenientes del sudeste africano alcanzaba el 20%. Esto es coincidente con la afirmación de Nitoburg (1991), que indica que fue en el siglo XIX cuando la trata de esclavos procedente del África oriental tomó mayor envergadura. Portugal Ortiz (1978) indica que las primeras remesas de esclavos que llegaron a Brasil a partir de 1538 trajeron negros yorubas y ewes procedentes de los puertos de la Costa de los Esclavos y Costa de Oro, de Sudán, Angola, Congo y Mozambique.

Para los llegados al puerto de Buenos Aires, el origen referido es, en un 34% el África occidental, del 16% para el África oriental (Mozambique), y del 19% para Congo y 31% para Angola, del África central, mencionando que los bantú-hablantes serían un 66% (Andrews, 2007).

Luizon (2007) menciona que el origen de los esclavos africanos llegados a América es diferente en distintos períodos temporales, realizando un detalle pormenorizado del origen de los arribados a Brasil.

Crespo Rodas (2009) revela que los datos referidos al origen de los esclavos negros en Bolivia que se encuentran en la documentación son escasos. Hacia 1649 se señala en documentos que el origen de los africanos vendidos en Potosí es Angola (Portugal Ortiz, 1978). También Arteaga et al. (2009) especifican que los esclavos llegados a Potosí fueron traídos desde Cabo Verde y Angola. Existen otros registros en donde se nombra principalmente a Angola, Congo, Banguela, Biafra, y en menor cuantía a Cabo Verde, Chaloi, Lubolo, Canbunda, Mozambique, Bran, Jolof y Mandinga, como el origen de los africanos en la región de Charcas en el lapso de 1650 a 1710. Un registro en la ciudad de La Paz, en el año 1734, hace referencia a una transacción de *una esclava negra de nación Conga*, mientras que en otro, de 1749, se menciona como origen de otra esclava la región de Guinea. En 1789 se alude a esclavos de la nación Banguela y de la nación Angola (Portugal Ortiz, 1978). No obstante estas citas, en la mayoría de los documentos referidos a africanos en Bolivia no se refieren el origen.

Brucato et al. (2010) postulan que los esclavistas procuraban esta diversidad cultural de origen y el mantenimiento de una relación numérica de dos varones por cada mujer, con el objetivo de evitar redes étnicas y familiares como modo de prevenir rebeliones en el cruce del océano Atlántico. También Nitoburg (1991)

confirma este patrón de desigualdad sexual, mientras que Pla (2010) cita que el número de esclavos traídos a América de sexo masculino era tres veces mayor que el de mujeres.

Martínez Montiel (2008) menciona que hay algunos grupos africanos que no se encuentran representadas en América, citando a los bosquimanos y hotentotes del sur del África, y de los pigmeos de la región central.

1-2.6 Las rutas de ingreso

Los africanos arribados sobrevivieron a la captura, la espera de su embarco, la travesía, y finalmente la ruta hacia su destino en Sudamérica. Crespo Rodas (2009) menciona que los esclavos destinados al Perú, llegaban al puerto caribeño de Nombre de Dios, a orillas del golfo de México. Para Caramés, et al., (1992) citado por Arteaga et al. (2009), los principales puertos de entrada de esclavos a América del Sur fueron Cartagena de Indias, Recife, Salvador, Río de Janeiro y el Río de la Plata, además de Panamá y el Callao. Walker (2010) indica que los puertos de arribo al nuevo continente en los primeros tiempos fueron los caribeños de Nombre de Dios, Portobelo y Cartagena de India. García (2010b) agrega a éstos los puertos de la Guaira, Maracaibo y Puerto Cabello. Luego de su arribo a América, debían atravesar caminando el istmo de Panamá en dirección al Pacífico para embarcar nuevamente hacia puertos del sur como Buenaventura en Colombia, Callao en Perú o en menor cuantía al de Arica en Chile (Walker, 2010). Desde estos dos últimos puntos se distribuían hacia toda la región peruana.

Para llegar a Potosí, Bolivia, los africanos esclavizados inicialmente atravesaron rutas desde El Callao, Perú y desde Arica, Chile. Más tarde, los arribados a Potosí provenían del Océano Atlántico ingresando por el puerto de Buenos Aires, en el Río de la Plata. Este camino era más corto, pues evitaba el largo rodeo por Panamá, pero aún así demoraba meses (Walker, 2010). Esta ruta Buenos Aires-Potosí se consolidó hacia fines del siglo XVI, cuando el emplazamiento final de la ciudad portuaria de Buenos Aires daba lugar a una próspera economía regional basada en el comercio y la ganadería (Klein, 2011). Además, la fundación de diferentes ciudades intermedias, como Santiago del Estero (1553), Tucumán (1565), Córdoba y Santa Fe (1573), Salta (1582) y Jujuy (1593) permitió que se ligara el puerto de Buenos Aires con Potosí (Molina y López, 2010). Más tarde se

unió Santiago de Chile a través de Mendoza y Córdoba (García, 2010b).

Menciona Guzmán (2011) que al noroeste argentino llegaron grandes cantidades de esclavizados, debido a la vecindad y complementariedad económica con Potosí, siendo la ciudad de Tucumán receptora y lugar de tránsito a partir del siglo XVI y hasta mediados del XVIII. Para esta autora, los esclavizados y otras mercancías como textiles, hierro y azúcar ingresaban por Buenos Aires y se dirigían hacia el Alto Perú, siguiendo una ruta a través de Córdoba y Tucumán. Otra corriente se desviaba desde Córdoba por Mendoza hacia la ruta Valparaíso-Lima, lo que le dio preeminencia a la jurisdicción cordobesa, por encontrarse situada en la confluencia de los caminos que llevaban a los centros productores y consumidores.

Arteaga et al. (2009) corroboran estos datos indicando que el ingreso de africanos a Bolivia era por Buenos Aires o el Río de la Plata y de estos puertos de tránsito, las mercancías llegaban a Potosí vía Charcas.

Existen registros oficiales que confirman que en 1601 y 1603 fueron trasladados esclavos negros desde Buenos Aires a Potosí (Crespo Rodas, 2009). A causa de un extravío de esclavos y "*otras cosas*", consta en un documento su desembarco en el puerto de Buenos Aires en 1655, y su tránsito por Córdoba y Santiago del Estero (Portugal Ortiz, 1978). Otros documentos de trámite por la Audiencia de Charcas indican el mismo origen en el puerto de Buenos Aires por los años 1631 y 1659 (Portugal Ortiz, 1978). Entre los años 1770 y 1779 se refieren casos de esclavos transportados a La Paz desde la ciudad de Buenos Aires (Portugal Ortiz, 1978).

1-2.7 Relación entre la explotación minera y la ocupación de los esclavos

Potosí se encuentra localizada en la región del altiplano central boliviano, región de picos de nieves eternas de más de 5000 metros sobre el nivel del mar (msnm), de tierras infértiles e inhóspitas. Los terrenos lindantes son los valles fértiles de Cochabamba y Tarija, en las provincias de Nor y Sud Chichas. El cerro rico de Potosí se ubica a 4200 msnm y en sus faldas se erigió la ciudad minera (Angola Maconde, 2010). En 1545, mineros de Porco descubrieron las vetas de plata más ricas del continente en la zona cercana a lo que luego se tomaría el nombre de

Potosí. El descubrimiento del Cerro Rico motivó una expedición desde Lima a la región de Charcas, que en 1548 consolidó la ruta Chuquisaca-Potosí-Cuzco con la creación de la crucial Villa de La Paz, en el corazón de la región aymara. La Paz, fundada el 20 de octubre de ese año, se convirtió rápidamente en un importante centro comercial y de transbordo, así como una población de mercado agrícola de importancia (Klein, 2011).

La presencia africana en la zona del Cerro Rico es temprana. Un documento fechado en 1549, a cuatro años de haberse descubierto, ya explicita la presencia de tres esclavos negros (Archivo Nacional de Sucre. ANB, Ep Soto, t.1, f. iii-v). Crespo Rodas (2009) refiere el año de 1554 como aquel en el que comenzó el traslado de esclavos negros a Charcas, y unos años después a Potosí, documentado en un relato de Bartolomé de Arzans fechado en 1557 que acredita la presencia de esclavos negros en el Cerro Rico. También hay documentos que registran la ocupación de los negros en las minas de Porco descubiertas en el año 1543 (Portugal Ortiz, 1978).

Entre el momento de su fundación, el 1º de abril de 1545 y la década de los sesenta, Potosí había producido una cantidad de plata muy importante, convirtiéndose en la fuente más rica de mineral del mundo. Inicialmente esta producción se basaba en la extracción de yacimientos superficiales, que se refinaban fácilmente por medio de procesos tradicionales precolombinos. Pero hacia 1570 los yacimientos superficiales desaparecieron dando lugar a la minería de galería. Esta crisis se superó con algunos cambios productivos: la separación de la plata mediante la amalgama con mercurio, que dio lugar a ingenios de refinamiento controlados por españoles y accionados por energía hidráulica (Klein, 2011). La organización de la explotación requirió sustentar el factor más caro de todo el proceso, la mano de obra, a través de sistema de trabajo forzado, la mita. Se refiere que la mita se instituyó en Potosí en 1573 (Crespo Rodas, 2009).

Los africanos en el Potosí del período colonial estaban mayormente dedicados al trabajo en la Casa de Moneda y los ingenios, mientras que el trabajo en el interior de la mina estaba a cargo de indígenas (Angola Maconde, 2010). Crespo Rodas (2009) también afirma que no hay pruebas de que los esclavos negros fueran

utilizados en el trabajo de los socavones frente las vetas minerales, afirmando que se empleaban en los ingenios. Se cree que esta distribución del trabajo estaba fundada en el conocimiento tecnológico de fundir el hierro y el uso de los metales que traían desde el África, donde hallazgos arqueológicos datan la Edad del Hierro hacia el 500 a.c. (Crespo Rodas, 2009; Martínez Montiel, 2008). No obstante, hay datos que sugieren que algunos africanos trabajaron como mineros (Angola Maconde, 2010).

Martínez Montiel (2008) asocia la presencia africana, durante la primera mitad del siglo XVII, en los yacimientos argentíferos de varias regiones de Latinoamérica a la disminución de la población nativa. Postula que la introducción de los africanos, además de servir de reposición para los brazos nativos que se iban perdiendo, se utilizó como una de las armas de la dominación colonial, ya que se promovía la oposición entre nativos y africanos alimentada mediante leyes y prácticas (Martínez Montiel, 2008).

La plata extraída en el Cerro Rico por mitayos indígenas pasaba en la Casa de Moneda, donde se fundía el metal, se lo laminaba, recortaba, sellaba y blanqueaba, para acuñar la moneda para la Corona. La primera casa de moneda comenzó a construirse en diciembre de 1572 y se dedicó a acuñar moneda desde entonces hasta 1767. La segunda casa, de mayor magnitud productiva que la primera, se inauguró el 31 de julio de 1773 (Angola Maconde, 2010). Arteaga et al. (2009) indican que autores como Crespo y Portugal Ortiz reconocen el paso de los africanos procedentes de Angola, Sierra Leona, Mozambique, Congo y otras regiones del continente africano por la Casa de Moneda. En 1678 y en 1772 se documentan dos eventos de fuga de negros, y en 1752 se cuenta una reyerta entre negros, ambos sucesos en la Casa de Moneda (Portugal Ortiz, 1978).

El gran movimiento económico causado por la explotación minera ocasionó que, hacia fines de siglo XVI, unos 10.000 españoles hubieran llegado a la región charqueña, llevando consigo un número más o menos similar de esclavos negros africanos (Klein, 2011). Este autor refiere que por entonces Potosí poseía una población calculada entre 100.000 y 150.000 habitantes, y que su esplendor económico promovía el crecimiento y poblamiento de regiones aledañas. Cochabamba y sus valles adyacentes se convirtieron por entonces en grandes

productores de alimentos para el mercado de Potosí, mientras que en la zona de los valles orientales conocidos como Yungas, se expandió la cultura aymara en la producción de hojas de coca cuyo consumo era de absoluta necesidad para los mineros que trabajaban a gran altura.

En concordancia con las afirmaciones de Klein, Martínez y Vela, citado por Arteaga et al., (2009) y Crespo Rodas (2009) refieren que el empadronamiento de 1611 mostró que en Potosí vivían 160 mil personas, dentro de las cuales 6 mil eran negros, mulatos y zambos de ambos sexos, de diversas provincias del mundo africano. Esta cifra ascendía al 3.9% de la población general.

Hacia mediados del siglo XVII la producción de plata en Potosí llegó a su cima, dando paso a una crisis secular con una abrupta caída en la producción del metal, seguida de una ininterrumpida disminución de la población de los centros urbanos de la región. Entre 1650 y 1750 la población cayó en picada, produciéndose una contracción concomitante de la demografía y la producción de la zona (Klein, 2011). Mientras que en la última década del siglo XVIII la producción de plata alcanzaba un promedio de 385.000 marcos de plata anuales, en la tercera década del siglo XIX había descendido al punto más bajo, con unos 150.000 marcos anuales (Klein, 2011).

En los años de esplendor de Potosí, su producción fue el sostén de la Corona española. (Angola Maconde, 2010). Los africanos trabajaron desde la mitad del siglo XVI hasta su declinación, tras los 16 años de guerras y guerrillas entre realistas y patriotas desde 1809 y hasta 1825 cuando Simón Bolívar llega a Potosí.

La proporción de africanos en Potosí disminuyó considerablemente hacia el siglo XIX, alcanzando la cifra del censo general de 1832 unos 1142 africanos o afrodescendientes sobre un total de 224.000 habitantes (0.5%). No obstante, existen datos anteriores discordantes con esta cifra señalan que habría en 1807 unas 13.700 personas, con casi un 7% de negros (Crespo Rodas, 2009).

Se menciona que en el período colonial había africanos libertos que se ganaron la vida independientemente por tener oficios como zapatero, barbero, dorador de retablos o aún organizar una escuela de baile, o como Antonio de Ulloa, por explotar a principios del siglo XVII una mina de oro, llamada la veta de los

morenos (Walker, 2010).

1-2.8 Ocupación de la región Yungueña

El siglo XVIII marcó el punto de inflexión histórica: la decadencia de Potosí da paso a la nueva apertura geográfica de los Yungas. La Villa Imperial pierde su preferencia económica y los Yungas, ofrecen una alternativa basada en la producción de riqueza vegetal.

El proceso de poblamiento de la región yungueña habría dado comienzo en el siglo XIV. Iniciada por indios nómades, posteriormente los valles fueron ocupados por campesinos aymaras de las tierras altas, dedicados al cultivo de la coca. Hacia el siglo XIX la región se convirtió en el centro de la producción de este cultivo en Charcas (Klein, 2011).

Concomitante con la declinación de la actividad económica de Potosí, en el siglo XVIII también los españoles ocuparon los valles yungueños con objeto de explotación. Entre 1750 y 1790 el principal hacendado de Charcas, don Tadeo Díez de Medina, de origen paceño, ocupa la región para el cultivo de coca, que era trocada por otros productos generados en sus haciendas altiplánicas (Klein, 2011). Se conoce una entrega de tierras de cultivo en la zona de Yungas en el año 1736 (Portugal Ortiz, 1978), evidenciando que la mayor actividad de las haciendas de la región se consolida hacia el siglo XVIII.

Arteaga et al., (2009) refieren que ya a partir de 1662 los negros que trabajaban en Potosí fueron llevados a otras regiones geográficas como los valles de Cinti, Departamento de Tarija, a una altitud promedio de 2000 msnm, para el cultivo de la vid. Mizque en el departamento de Cochabamba, también fue asentamiento de africanos provenientes de Congo, Angola, Sierra Leona y Arara, quienes trabajaban en las plantaciones de caña y vid. Pero su residencia definitiva fue en los Yungas paceños, para el cultivo de coca, café y cítricos, en calidad de esclavos, mayordomos, cocineras, amas de llaves y amas de leche. No es posible precisar la cantidad de afrodescendientes esclavizados que se fueron concentrando en la tierras yungueñas y no hay muchas evidencias documentadas de que hacendados de Potosí hayan llevado a sus esclavos a esta región, pero se puede suponer que la decadencia de la minería determinó el traslado a otras regiones. (Angola

Maconde, 2010)

Se postula que los primeros asentamientos afrodescendientes en los Yungas sucedieron en Chicaloma y Chulumani en la región de Sud Yungas, mientras que el punto central en Nor Yungas fue Mururata, desde donde se fueron dispersando hacia sitios cercanos como Suapi, San Joaquín y Tocaña (Arteaga et al, 2009; Crespo Rodas, 2009; Portugal Ortiz, 1978). Martínez Montiel (2008) indica que los cantones de asentamiento fueron Chicaloma, Mururata, Coripata, Negro-Negruni y otros. En la localidad de Irupana, actual Sud Yungas, se registran transacciones con negros provenientes de la Villa de Potosí hacia el año 1761. En el año de 1773 se rubrica un documento en el que se establece que una esclava negra llegada a los Yungas provenía de Potosí, previo paso por Oruro (Portugal Ortiz, 1978). En Chulumani, hay registros de ventas de esclavos en 1761, en 1773, 1780, 1797 y 1798 (Portugal Ortiz, 1978) y en 1795 en la Hacienda Sienegani en Sud Yungas (Angola Maconde, 2010). Incluso existe un inventariado de los bienes de un terrateniente de la región de Chulumani de apellido Tejada, en donde figuran 41 negros con su valuación en pesos (Portugal Ortiz, 1978). En forma concomitante, hay registros de adquisición de negros por vecinos de Coroico en el año 1789 (Portugal Ortiz, 1978).

Existen registros parroquiales del Departamento de La Paz que documentan la presencia africana en la región. A título de ejemplo, podemos señalar que en los registros de la conservaduría de la Parroquia Santiago de Coripata, segunda sección de la provincia Nor Yungas, Municipio de Coripata, hay un registro de una defunción de una *niña negra africana esclava de doce años de apellido Iriondo*, el 30 de mayo de 1804, y otra defunción de un *niño de nueve meses hijo legítimo de negros esclavos de apellidos Iriondo y Medina*³ (archivo conservaduría de la Parroquia Santiago de Coripata, libro 7 de Difuntos, 1804-1810, fojas 9). En el año 1828 se documenta que en una hacienda de Dorado Chico la presencia de ocho esclavos negros de apellido Medina (Angola Maconde, 2010). Crespo Rodas (2009) indica que a comienzos del siglo XIX en Ocobaya, región de Yungas, había *643 indios, 94 españoles, 80 mestizos y 32 negros*.

³ Ambos son apellidos familiares actuales en Mururata y Tocaña (n. de la a.)

También hay registros de que el Mariscal Andrés de Santa Cruz, durante su ejercicio como presidente de Bolivia en el período de 1831 a 1845, importó ochenta familias de negros de los puertos del Perú a sus propiedades en la zona de Coroico, cercanas a las comunidades de Mururata, Chijchipa y Tocaña (Morales, 1929:23, citado por Angola Maconde, 2012). Lo propio también haría la familia de Tejada Zorzano, también presidente boliviano.

Portugal Ortiz (1978) reproduce los datos obtenidos por el Estado Boliviano en 1883 al cantón Mururata, que comprendía diferentes poblados de los Yungas, entre los que hoy se encuentran Mururata propiamente dicha, Tocaña, Chijchipa y Suapi. En este registro se indica que en el cantón había 324 morenos, término que identifica al negro y sus variantes mestizadas, sobre un total de 734 pobladores, lo que lleva al autor a reconocer a esta zona como la de más importante presencia africana en Bolivia.

En la zona de los Yungas los afrodescendientes aprendieron de los indígenas el cultivo de la coca (Angola Maconde, 2010), principal actividad agrícola de la zona (Angola Maconde, 2003). Crespo Rodas (2009) menciona contar con un documento probatorio del trabajo esclavo en los Yungas, redactado por un mayordomo de una hacienda del lugar fechado en 1805, cuyo objetivo era demostrar que la mano de obra africana introducida en Yungas para el cultivo de los cicales era más onerosa que la nativa.

Hay más de dos siglos de diferencia entre la llegada de los negros a Potosí y a los Yungas. La historiadora afroamericana Sheila Walker califica de mito a la afirmación de que fueron llevados a la zona de los valles, más cálidos que las alturas de Potosí, debido a que no se adaptaron al frío (Walker, 2010). Esta hipótesis es mencionada en alguna literatura (Martínez Montiel, 2008), y a veces es referida por los pobladores de la zona.

Walker (2010) afirma que en Bolivia, tanto como en Perú, los africanos y afrodescendientes fueron ubicados según la necesidad del trabajo: su reubicación en los valles correspondió a que no se los necesitaba más en la sierra debido a la caída de la economía de la Villa Rica de Potosí.

Arnold (2008) también propone, en consonancia con Walker (2010) que los antecesores de los que hoy residen en las comunidades yungueñas podrían ser negros *ladinos* traídos desde el Perú antes o después de la Independencia, en vez de *bozales*. También las observaciones de Angola Maconde (2003) son coincidentes en este sentido, afirmando este autor que el establecimiento de los afrodescendientes en la zona yungueña obedeció a que eran requeridos por los terratenientes para las labores agrícolas.

1-2.9 El período independiente

Aunque Crespo Rodas (2009) asegura que el negro resultaba ajeno a la pugna derivada de la revolución, y que cuando formaba en filas realistas debió haber sido por coerción dentro de su calidad de esclavo, muchos autores, desde diferentes disciplinas, reconocen la participación que tuvieron los afrodescendientes en las luchas por la independencia americana (Golberg, 2003). Salgado Henríquez (2010) refiere que el 7mo y 8vo batallón del Ejército de Los Andes de San Martín eran enteramente integrados por africanos y afrodescendientes. También se afirma que los cimarrones contribuyeron a minar el poder colonial (Martínez Montiel, 2008).

Si bien en las filas de todos los ejércitos hubo negros y castas, no existe entre los historiadores coincidencia respecto del grado de coerción en la participación del negro en las guerras independentistas, tanto en las filas realistas como en las patriotas (Crespo Rodas, 2009). Este autor afirma que si un negro o mulato liberto que estaba enrolado en las tropas patriotas caía en manos españolas, volvía a su condición de esclavo (Crespo Rodas, 2009).

También el sistema esclavista que se sostuvo en los Yungas fue sacudido por las guerras de la independencia en 1809, dado que les fue ofrecida la libertad a los afrodescendientes que participaran de las guerrillas. Aunque la independencia de Bolivia se declaró en 1825, los afrodescendientes fueron excluidos como beneficiarios del nuevo estado cuyo control político fue tomado por los criollos (Angola Maconde, 2010). En el mismo sentido, Crespo Rodas (2009) afirma que la abolición de la esclavitud no aparece como objetivo entre los patriotas del territorio de Bolivia, quizás debido a que la población negra existente por entonces en Charcas era relativamente pequeña y no tenía mayor incidencia en las

luchas ni en la economía.

Los acontecimientos vinculados a la independencia de los países americanos influyen en el sistema esclavista en todos ellos. Administrativamente, en 1812 y con motivo del segundo aniversario de la revolución de mayo de 1810 el gobierno de Buenos Aires prohibió la introducción de esclavos declarando libres a todos los que llegaran a su territorio. La Asamblea General Constituyente del año 1813 promulgó la ley de libertad de vientres, prohibió la introducción de nuevos esclavos y adoptó varias medidas destinadas a la educación de los libertos. El ejército de San Martín llevó hasta el Perú el mismo ideario abolicionista, proclamando en 1821 en Lima la libertad de los nacidos de madres esclavas. Este decreto comprendía el territorio de Charcas que por entonces se consideraba parte del Perú.

Si bien la libertad de los esclavos no fue sino uno de los temas marginales de la independencia, hubo coincidencia entre las corrientes libertadores del sur y del norte en prometer esa libertad (Crespo Rodas, 2009). Simón Bolívar había dictado en marzo de 1824 una disposición que reconocía a los esclavos la facultad de cambiar de amo, *porque sería el colmo de la tiranía privar a estos miserables del triste consuelo de cambiar de dominador* (Crespo Rodas, 2009).

Esas tendencias marcaron los actos administrativos del Mariscal Antonio José de Sucre, primer mandatario de Bolivia como país independiente, aunque inicialmente se tratara de abolir el tráfico, pero no la esclavitud en sí: la asamblea constituyente de 1826 determina la abolición de la esclavitud aunque considera la compensación de los dueños, y la prohibición a los esclavos de abandonar la casa de sus antiguos dueños hasta nueva ley especial. Tal ley llegó en diciembre de 1826, y determinaba que para hacer efectiva su libertad cada esclavo debía pagar una suma a su propietario igual al valor que fuera abonado por su compra. Para hacer posible tal indemnización, el propietario debía retribuir al esclavo por su trabajo. Estos hechos determinaron que los esclavos quedaran libres de derecho pero no de hecho (Crespo Rodas, 2009), y sirvieron de motivo para que en 1830 se revocara la libertad concedida en 1826, condición que fue confirmada en la nueva constitución sancionada en 1831. Así, los gobiernos posteriores a la independencia, desvirtuaron el espíritu de las normas de la revolución y eludieron

sus disposiciones (Arteaga et al., 2009).

La real abolición de la esclavitud llegó con la reforma constitucional del 26 de octubre de 1851 durante el gobierno de Manuel Isidoro Belzú, donde consta la libertad de todos los habitantes del territorio boliviano desde el primer artículo de la Carta Magna, poniendo en vigencia los preceptos de los independentistas, y corrigiendo una situación que en la práctica no se había cumplido durante más de 20 años (Crespo Rodas, 2009).

La sanción de la nueva norma dio marco a varias revueltas que condujeron a que la flexibilización de algunas condiciones: los propietarios de las haciendas entregaron en arriendo algunas parcelas de tierra a afroyungueños e indígenas. Así, la libertad dio origen al patronazgo: se instaló el servicio de pongo para los hombres y mitani para las mujeres, que consistía en el trabajo para los hacendados durante tres días a la semana (Arias, 2009). La obligación del pongo incluía encargarse con sus propias herramientas de las tareas de la hacienda: labores de fuerza o en relación a los animales para los varones, y de la cocina y la casa para las mujeres. El pongueaje y mitanaje se declararon abolidos el 15 de mayo de 1945, por el gobierno de Gualberto Villarroel, aunque esta declaración costó la vida al gobernante, restituyéndose la servidumbre. Esta forma de neo-esclavismo sólo terminó con la Ley de la Reforma Agraria de 1953 promulgada por el presidente Víctor Paz Estensoro, bajo el principio de que *la tierra es de quien la trabaja personalmente* y que otorgó a las familias la propiedad de una parcela de tierra de, en promedio, 2 has en su carácter de ciudadanos libres (Arias, 2009; Angola Maconde, 2010).

I-3 Características histórico-demográficas de las poblaciones afrosudamericanas.

Una característica que comparten las comunidades afrodescendientes de toda Sudamérica es la del rescate de sus culturas, al que hoy se encuentran abocados, especialmente a través de sus formas de ritmo, música y baile, como el tumbé de los afrochilenos, el candombe de los afroargentinos, afrouuguayos y afroparaguayos, o la saya en el caso de los afrobolivianos.

Es muy reconocido que en el proceso de la creación cultural en América Latina y el Caribe se han producido formas y técnicas musicales de origen africano

adaptadas e incorporadas a las sociedades locales, reflejando en la cultura el mestizaje que caracteriza a estos pueblos (Martínez Montiel, 2008). De modo que no resulta extraño que los afrosudamericanos busquen visibilizar su existencia a través de la revalorización de sus expresiones culturales como modo de lucha para ocupar su espacio y reclamar sus derechos como nación (Walker, 2010).

Como resultado de estos fenómenos de mayor visibilización, hacia finales de la década de 1980 se inicia en varios países de América Latina un proceso de “comprensión de lo étnico” en términos jurídicos, que incluyen la sanción de leyes que incorporan la historia y cultura de los afrodescendientes en el sistema educativo formal. Aunque muy válidas, siguen siendo muchas las limitaciones y deudas sociales económicas, educativas, culturales y estructurales (García, 2010a).

A continuación, se presentan la situación de distintos pueblos de afrodescendientes a lo largo de Sudamérica.

1-3.1 Afrobrasileños

Brasil ocupa un territorio superior a 8 millones de km² y su población, que asciende actualmente a más de 200 millones de habitantes, es resultado de un proceso de mestizaje entre poblaciones de origen nativo americano, europeo y africano, constituyendo una de las poblaciones más heterogéneas del mundo.

El vasto territorio se divide políticamente en 5 macro-regiones, en donde la ancestría europea predomina, aunque con diferencias por localización geográfica. En el norte, nordeste y centro del país, la contribución europea promediaría al 60%, la africana del 25% y la nativa del 15%. En la región sudeste la contribución africana se eleva por sobre el 30%, en desmedro de la nativa americana, mientras que en el sur la predominancia europea alcanza cifras superiores al 80% de la población (de Assis Poiaras, 2010).

Respecto de esta distribución diferencial, Callegari-Jacques et al. (2003), refiriendo a datos censales, observan que el porcentaje de ciudadanos que en este país se autoasignan como “blancos” muestra un gradiente geográfico norte-sur, registrándose en el Norte un 27.9%, Noreste 29.5%, aumentando hacia el centro-

oeste al 43.8%; sudeste 63.5%; alcanzando en la región sur un 84%. Además, Carvalho Gontijo (2008) menciona que en encuestas oficiales nacionales de 2006, cerca del 49,5% de la población brasileña actual se reconoce como negro o pardo, las categorías censales utilizadas, con mayor concentración en la región Noreste. Estos datos actuales se correlacionan con los datos históricos, en donde se observa que los registros más elevados de arribos de esclavos se ubican en los estados del Norte y Noreste (Callegari-Jacques et al., 2003). En base a marcadores de ancestría y a datos censales, Pena et al. (2011) estimaron en diferentes regiones del Brasil un indicador de “ancestría total” que muestra una mayor uniformidad que la esperada, observándose una ancestría europea que oscila entre el 60% en el noreste al 78% en la región sur.

El actual territorio de Brasil fue descubierto por una expedición portuguesa a cargo de Pedro Alvarez Cabral el 22 de abril de 1500 (Nitoburg, 1991). Desde entonces, Portugal fue siempre la mayor fuente de inmigrantes (Carvalho Gontijo, 2008). La real ocupación sucedió a partir de 1530 con la llegada de 400 colonos, que traían ganado y caña de azúcar para su explotación, además de esclavos (Nitoburg, 1991). Inicialmente, la mano de obra necesaria para la producción fue nativa, pero prontamente esa fuerza de trabajo se vio disminuida en número.

En el inicio, llegaron aproximadamente unos 500.000 portugueses, casi todos varones (Luizon, 2007). En 1538 comenzó el suministro regular de esclavos africanos, y desde entonces hasta 1855, 4 millones de ellos llegaron a Brasil (Oliveira et al., 2009), para ser ocupados en el cultivo de la caña de azúcar, café y la minería del oro. Callegari-Jacques et al. (2003) eleva la cifra de la inmigración africana forzada a 9 millones. Carvalho et al. (2008) refieren que los registros históricos indican que fueron introducidos al Brasil aproximadamente tres millones y medio de esclavos del África sub-sahariana, mayormente del África central y occidental, principalmente a partir de la segunda mitad del siglo XVIII.

Al tiempo de la llegada de los europeos los grupos nativos que habitaban la región alcanzaban una población de 2.000.000 (Oliveira et al., 2009). Para Carvalho Gontijo (2008) esta cifra es menos precisa, estimando entre 1 y 10 millones los nativos en territorio brasileño antes de la llegada de los europeos, mientras que Luizon (2007) propone 2.4 millones de nativos. La conquista

portuguesa hizo disminuir la población autóctona a unos 500.000, ubicados en reductos de comunidades nativas o integrados a las urbes. Muchas etnias desaparecieron (Carvalho Gontijo, 2008). Además, el proceso de mestizaje poblacional se registra en las zonas costeras desde hace 500 años, mientras que en las zonas interiores fue posterior (Luizon, 2007).

Respecto del origen de los africanos llegados al Brasil, de Assis Poiaras (2010) indica que pertenecían principalmente a las etnias bantú y yoruba. Luizon (2007), citando a Curtin (1969) indica que eran provenientes en su mayoría de Angola, Congo y Mozambique. Salzano y Freire-maia, citados por Carvalho Gontijo (2008), mencionan que eran bantús y sudaneses capturados en las costas oeste y este del continente africano.

Para Mello e Souza, también citado por Carvalho Gontijo (2008), y para Luizon (2007) a lo largo de los diferentes siglos la procedencia varió. A inicios del siglo XVI los principales orígenes se ubicaban en la costa occidental del África, en Senegambia, arribando a los estados norteños del país. Más tarde, en el siglo XVII el embarque se desplazó hacia el sur, partiendo de las costas centro-occidentales del continente, siendo los principales puertos de Ghana, Congo y en menor medida Angola, llevados hasta la región brasileña de Bahía y alrededores. Esta fue la ruta más activa durante 300 años. En el inicio del siglo XVII las capturas fueron realizadas al interior del continente, cerca de la zona de los grandes lagos. Hacia fines del fin del siglo XVII y principios del XVIII el origen principal fue Congo y Angola (Mello e Souza, citado por Carvalho Gontijo (2008), Luizon (2007). Por este tiempo, en el siglo XVIII fueron descubiertos en el oriente brasileño los yacimientos de oro y diamantes, lo que incrementó el tráfico de esclavos, sobre todo a los estados de Minas Gerais y Pernambuco (Nitoburg, 1991).

A partir de 1850 el tráfico de esclavos fue prohibido, aunque los africanos siguieron ingresando a Bahía, Rio de Janeiro y Sao Paulo desde procedencias diversas, entre ellas Costa da Mina, Congo y principalmente desde Mozambique (Luizon, 2007). En la Fig. I.1 se observan las rutas del tráfico en los distintos períodos.

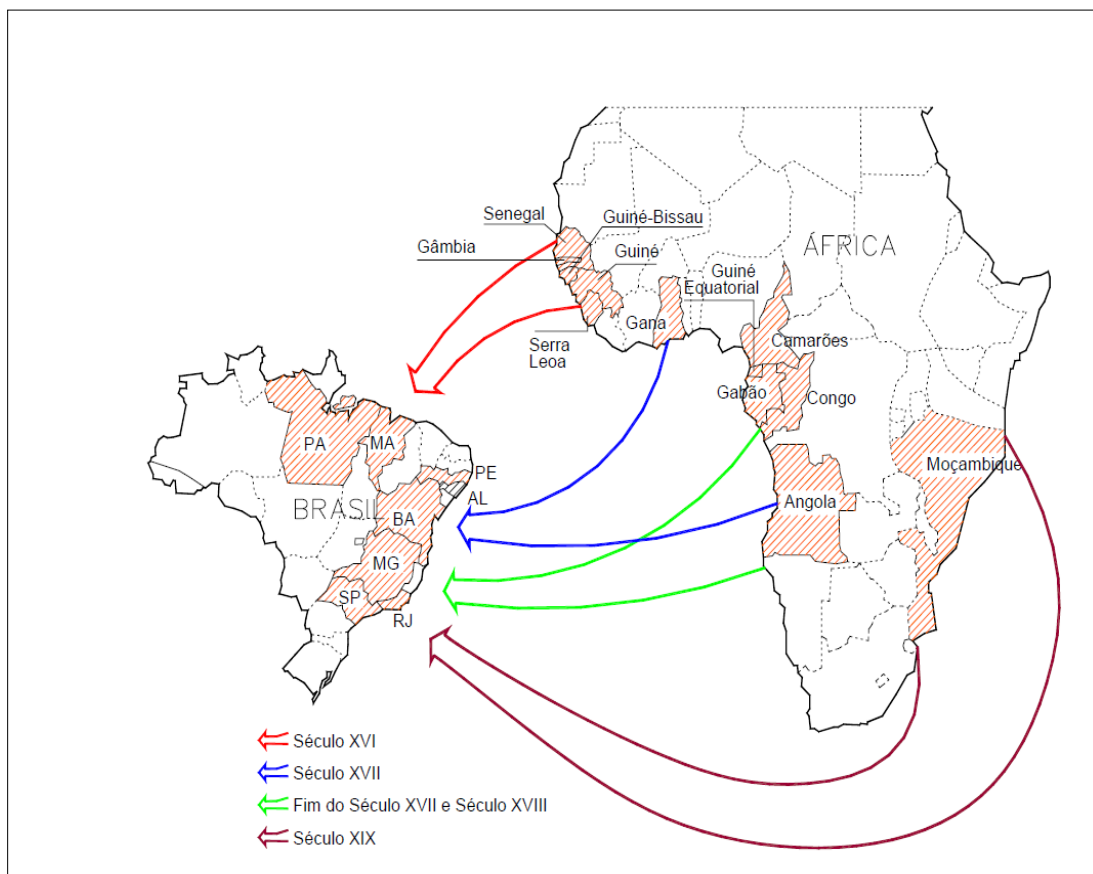


Fig. I.1: Rutas de la trata de esclavos llegados al Brasil, en los diferentes períodos. Tomado del original de Luizon (2007).

La distribución de los africanos fue bastante heterogénea, siendo los estados que recibieron un mayor número de inmigrantes forzados Rio de Janeiro (38%), Bahía (25%), Pernambuco (13%), São Paulo (12%), Maranhão (7%), y Pará (5%) (Luizon (2007). Coincidentemente, para Nitoburg (1991) los estados que recibieron más esclavizados fueron Bahia, Rio de Janeiro y Pernambuco. Este autor refiere que, en virtud de sus capacidades para el trabajo, existe en Brasil cierto grado de distribución según el origen. Por ejemplo, los africanos de origen bantú se destacaban en las labores agrícolas, los sudaneses eran artesanos. De tal modo que en la región de Bahía había muchos yorubas de Nigeria, mientras que en Rio de Janeiro, Maranhão y Pernambuco predominaban los de origen bantú. Esta distribución diferencial puede haber influido en la conservación de la lengua de origen y costumbres: el idioma yoruba era utilizado en la comunicación de los africanos en la región de Bahía, mientras que el cimbundu se utilizaba en los estados del norte y el sur. Esta identificación permitió la conformación de asociaciones de individuos de pertenencia étnica común denominados naciones

(nação), siendo la mayor la yoruba.

El mestizaje sucedió pronto, y avanzó rápidamente en el transcurso de los siglos XVII y XVIII, influyendo notoriamente en la composición de la sociedad brasileña tanto en las zonas rurales como en las ciudades, y tanto entre europeos y africanos, como entre nativos y africanos, en menor cuantía (Nitoburg, 1991).

La independencia del país en 1822 no modificó el sistema económico. A pesar de que la trata fue prohibida en Brasil en el año 1831, confirmada en 1850, por entonces cada año ingresaban al país alrededor de 30.000 esclavos africanos (Nitoburg, 1991). Hacia finales de la década de 1860 surgieron las sociedades abolicionistas, las que ejerciendo presión consiguieron la liberación de los cautivos hacia 1883 y 1884, lográndose la sanción de la abolición incondicional en mayo de 1888 (Nitoburg, 1991).

En Brasil, existen hoy comunidades que presentan una importante ancestralidad africana, que son remanentes de los *quilombos* o *mocambos*, asentamientos aislados cultural y geográficamente, conformados por esclavos fugados y que se encontraban distribuidos en todo el país, a excepción de los estados de Acre y Roraima (Carvalho Gontijo, 2008). La palabra quilombo tiene origen bantú y significa campamento o fortaleza. Allí, los aldeanos se dedicaban a la economía de subsistencia, o aún al comercio (Luizon, 2007), estableciendo un vínculo intenso y asimétrico con otras comunidades. El Quilombo dos Palmares, organizado a partir de 1630, fue el más importante núcleo de resistencia al esclavismo en Latinoamérica, que perduró por más de cien años (Luizon, 2007). También fue llamado Estado o República de Palmares, estaba ubicado en los bosques de palmas del actual estado de Alagoas y formado por varios poblados, donde vivían alrededor de 20.000 africanos de diferentes etnias. En esta organización se dedicaban a la labranza de la tierra, cultivando maíz, mandioca, caña de azúcar y bananas. Curiosamente, había personas en situación de esclavitud, la mayoría nativos, aunque también blancos y mestizos (Nitoburg, 1991).

Hoy, en estos grupos predomina la contribución genética africana, seguida de la nativa americana y europea (Carvalho Gontijo, 2008), aunque, por tener distinto origen, las comunidades remanentes de quilombos presentan diferente

composición étnica.

Principalmente concentradas en los estados de Maranhão y Bahía, las comunidades remanentes de quilombos ascienden a más de 2000, aunque muchas no cuentan con un reconocimiento oficial, por falta de estudios antropológicos acerca de su origen. Esto acarrea problemas sociopolíticos, en especial los referidos a la tenencia de la tierra. Su derecho a la titularidad está asegurada en la Constitución, pero no está suficientemente concretada en la práctica. Estas razones pueden formar parte de las causales de pérdidas en el patrimonio biológico y antropológico de estas comunidades, por mestizaje y migración interna (Carvalho Gontijo, 2008).

Estos fenómenos de migración interna han poblado de afrodescendientes las grandes urbes brasileñas. Por ejemplo, en Río de Janeiro, los migrantes procedentes de Bahía se establecieron entre 1850 y 1920 en caseríos cercanos a los muelles, zona que pronto respondió al nombre de «Pequeña África». Posteriormente, otros migrantes llegados de Bahía construyeron la primera favela de Río, detrás del Ministerio de Guerra. En el transcurso del siglo XX, las favelas se diseminaron por toda la ciudad, y devinieron una forma común de hogar para los pobres, quienes son predominantemente afrobrasileños (Andrews, 2007).

1-3.2 Afrovenezolanos

Debido a su ubicación geográfica, el territorio venezolano ha recibido numerosos flujos migratorios desde épocas prehispánicas. Al momento del contacto con los primeros conquistadores, Venezuela estaba poblada principalmente por grupos Caribes y Arawacos. Con la llegada de los primeros colonizadores españoles en el siglo XVI, en 1502, y luego con el ingreso de africanos a través del comercio de esclavos que se desarrolló desde el siglo XVI al XVIII, se produjo un intenso mestizaje que dio origen a la población venezolana actual (Castro de Guerra et al., 2009). Nitoburg (1991) fija en 1525 el momento de la llegada de los primeros africanos a Venezuela, desde las Antillas.

Este proceso de mestizaje no fue homogéneo a través del país y significó la casi sustitución del componente genético nativo por el europeo (Nitoburg, 1991), pudiéndose identificar actualmente en el territorio venezolano áreas de ocupación

predominantemente de origen africano, algunas de origen europeo y unas pocas de supervivencia aborigen (Castro de Guerra et al., 2009).

Hacia 1570 la población en la región llegaba a 300.000 nativos, 2.000 europeos y 5.000 mulatos, mestizos y negros (Nitoburg, 1991). Para los primeros años del siglo XIX, la población venezolana era de 800.000 habitantes clasificados de la siguiente forma: Blancos nacidos en Europa, 12.000; Blancos hispanoamericanos (criollos), 200.000; Castas mixtas o gentes de color, 406.000; Esclavos negros, 62.000; Indios de raza pura, 120.000 (Arellano Moreno, 1982, citado por Castro de Guerra et al., 2009).

La actual Venezuela comenzó a recibir esclavos del África subsahariana desde finales del siglo XVI, mayormente provenientes de los lugares de venta en la costa atlántica africana, así como también en la costa del Océano Indico (García, 2010b). Allí, fueron empleados en trabajos agrícola-ganaderos y mineros, y en menor proporción a trabajos domésticos. Las principales unidades productivas agrícolas fueron las haciendas de cacao, de las que se estima un número de 4000 durante el siglo XVIII, ubicadas en la zona costera, especialmente en la región de Barlovento o en zonas boscosas aledañas. Los poblados de Choroní y Chuao, dedicados a la explotación cacaotera son herederos hoy de aquellas haciendas (Fig. I.2). También se documenta trabajo esclavo en haciendas de añil, hatos ganaderos en los llanos, plantaciones de caña de azúcar y explotación de oro y perlas, estas últimas obtenidas del fondo del mar cercano a la isla Cubagua, próxima a la Isla Margarita (García, 2010b, Nitoburg, 1991).



Fig: I.2: Plantación de cacao en Chuao, Venezuela. Fotografía de la autora.

García (2010b) considera que la principal procedencia de los africanos en Venezuela es la etnia Kongo o Congo⁴, con centro en Angola y expandida a los actuales territorios de República del Congo, República Democrática del Congo y Gabón, lo cual documenta con investigaciones culturales de naturaleza musical, culinaria, toponímicos, y religiosa.

En Venezuela hubo movimientos de resistencia y también de lucha antiesclavista, denominados cimarronaje (Nitoburg, 1991, García, 2010b).

Por una parte, en lo referente a la resistencia, los esclavos fugados fundaban poblaciones fortificadas que se denominaron *cumbe*, algunas de ellas mixtas con pueblos nativos, lo que dio origen a importante población mestiza. Se ubicaban principalmente entre el lago Maracaibo y Riohacha, así como en el llano tropical (Nitoburg, 1991).

En lo relativo a la lucha, hubo en Venezuela dos formas de cimarronaje. Desde lo efectivamente confrontativo, llamado cimarronaje frontal, con varios episodios de levantamiento de esclavizados contra sus amos, o de cimarrones contra compañías comerciales (Nitoburg, 1991, García, 2010b). También se reconoce un cimarronaje jurídico, conformado por quienes obtenían el beneficio de la libertad en el marco de las normas legales establecidas por las Leyes de Indias, dentro de las cuales se incluye el trabajo en las “haciendillas” que realizaban los esclavizados cuyos amos no podían mantener, a quienes se les otorgaba una parcela de tierra para trabajar y un escaso tiempo diario para hacerlo (García, 2010b). Se produjo la *campesinización* de los esclavos.

Iniciadas las guerras independentistas, un importante número de afrodescendientes que formaban parte de la población local participaron, no solo para la libertad de la Gran Colombia, sino también para otros pueblos sudamericanos. En retribución a la colaboración que le prestara el presidente Haitiano en la lucha contra el poder realista, y en respuesta a su pedido expreso (García 2010b), Simón Bolívar promete en un manifiesto la libertad de los esclavos (Nitoburg, 1991) en junio de 1816. Esta decisión es adoptada por los patriotas en 1818, concediendo la libertad a los esclavos que luchaban por la independencia.

⁴ El prefijo *ba* indica el plural, de modo que se dice kongo o bakongo.

Posteriormente, una vez terminada la guerra independentista, los dueños de los esclavos exigieron retribuciones económicas por la libertad concedida y aquellos decretos libertarios perdieron vigencia a medida que la república se consolidaba. Las leyes de manumisión, sancionadas en 1821 y 1830, obligaban al manumiso a pagar con trabajo su manutención. La Constitución de ese año no reconocía a los afrodescendientes como ciudadanos. Recién en 1854 el presidente José Gregorio Monagas concedió la libertad a los esclavos, a través de un decreto que incluía la indemnización de los amos (García, 2010b).

Durante la Guerra Federal, que se desarrolló entre 1859 y 1863, nuevamente los afrodescendientes se incorporaron a las filas de Ezequiel Zamora, quien proponía igualdad de todos los ciudadanos ante la ley y la prohibición perpetua de la esclavitud, principios que quedaron trancos con la muerte del líder. La población de origen africano continuó en situación de semiesclavitud bajo el sistema de peonaje.

La modernización de los estados sudamericanos en el siglo XX sumió bajo el concepto de mestizaje a los afrodescendientes, permitiendo el avance de políticas racistas, discriminatorias y excluyentes. A partir del año 1945 surgieron gobiernos de corte popular en varios sitios de América, inclusive en Venezuela, y en 1948 asume la presidencia Rómulo Gallegos, afrodescendiente. La dictadura que lo derrocó profundizó el racismo (García, 2010b).

Como corolario de un complejísimo proceso de “mezcla racial y fusión étnica” de cuatro siglos de duración, se formó una población y una cultura con aportes nativos, españoles, vascos, africanos, portugueses, italianos y franceses (Nitoburg, 1991). Estudios actuales reportan que el componente genético más importante en Venezuela es el europeo con una proporción en torno al 54-58%, seguido del aporte indígena con valores entre 25 y 32% y con menor aporte del africano en torno al 15-17% (Rodríguez-Larralde et al., 2001; Acosta Loyo et al., 2004; Simmons et al., 2007, citados por Castro de Guerra 2009). Sin embargo, existen áreas que son reconocidas históricamente por ser asentamientos de descendientes de esclavos africanos fundamentalmente ubicadas en las costas del Caribe, y otras que aún conservan gran parte de descendientes de los pobladores indígenas originales, sitios en donde los porcentajes estimados en general sufren

variación.

1-3.3 Afrocolombianos

Los dos principales grupos lingüísticos que ocupaban el territorio de la actual Colombia antes de la llegada de los europeos eran los Chibchas y los Caribes. Los españoles arribaron a la costa norte hacia 1500, pero su asentamiento permanente en Santa Marta y Cartagena sucedió en 1515 y 1533, respectivamente. La llegada de los esclavos africanos influyó notablemente en la demografía de la región (Salas et al., 2008a). El puerto de Cartagena de Indias fue el centro más grande de la trata de esclavos en toda la América Española, pero la mayoría de los esclavos se trasladaban de allí a otras regiones (Nitoburg, 1991). Se estima que arribaron allí unos 200.000 africanos destinados al Virreinato del Perú (Salas et al., 2008a). Debido a estas influencias, se considera que la población colombiana resulta de un proceso complejo de mestizaje entre europeos, africanos y nativos americanos, cuya proporción varía según la localización geográfica (Salas et al., 2008a).

La denominada *región afropacífica* ocupa la faja costera colombiana sobre el Océano Pacífico que se extiende desde el Golfo de Úraba al Norte, hasta el límite con Ecuador al sur, ocupada por las laderas de la Cordillera Occidental de Los Andes y surcada por ríos que descienden de este a oeste. La ciudad de Santiago de Cali es la segunda ciudad sudamericana con mayor densidad poblacional afrodescendiente, con un porcentaje mayor al 50% (Platicón Caicedo, 2010).

Como para buena parte del resto de Sudamérica, los primeros africanos llegados al territorio lo hicieron con los conquistadores españoles, y en los primeros decenios del siglo XVI la forma de la dependencia era la esclavitud doméstica, en domicilios privados, pero también en monasterios, e instituciones sociales (Nitoburg, 1991). Pero el ingreso de esclavizados se incrementó con el descubrimiento de minas de oro en la región, siendo empleados desde 1544 en el trabajo minero (Platicón Caicedo, 2010, Nitoburg, 1991). La fase inicial de incursión en la región, desde los primeros años del siglo XVI y hasta mediados del siglo XVII se caracterizó por la resistencia indígena. Por entonces, la lucha de los nativos se transforma en huida hacia regiones resguardadas, dejando las tierras a los españoles, los que fundan una red de poblados mineros de africanos

esclavizados. Esta segunda fase se inicia entre las décadas de 1660 y 1680. Entre el 6% y el 20% de los esclavizados desembarcados en Cartagena, eran vendidos para trabajar en la zona costera del Pacífico. Existen registros que muestran que los afropacíficos, llegados alrededor del 1700 en un número aproximado de 4.000 durante un período de diez años, eran de origen akan, llamados minas⁵ por los europeos (provenientes de Costa de Oro, actual Ghana) y ewe-fon del África occidental (Platicón Caicedo, 2010).

Hacia la mitad del siglo XVIII se inicia en el entonces Virreinato de Nueva Granada el denominado segundo ciclo minero, centrado en el Chocó. A las minas del Pacífico llegaron africanos provenientes del oeste y centro-oeste del continente. Del oeste llegaron los yorubas, llamados lucumíes por los españoles, mientras que del centro-oeste lo hicieron los africanos pertenecientes a los reinos de Kongo y Loango (Platicón Caicedo, 2010). Los trabajadores de las minas en los últimos decenios del siglo XVIII eran en un 80% africanos y afrodescendientes pero no todos eran esclavos: había muchos manumisos y cimarrones que trabajaban contratados o para su provecho (Nitoburg, 1991). Muchos de los mineros esclavizados habían comprado su libertad, en una forma de automanumisión llamada mazamorreo, consistente en el trabajo en días y horas de descanso para ahorrar una suma con la que compraban su libertad a un precio fijado por las autoridades. Este proceso permitió el asentamiento de los automanumisos en comunidades a la vera de los ríos, que son ocupadas hasta hoy por los afrocolombianos (Platicón Caicedo, 2010).

En Cartagena y sus alrededores, los africanos libres o esclavos se dedicaban al cultivo de la mandioca, y a labores artesanales rurales y de ciudad. También los hubo barqueros o marineros y aquellos que integaron las filas milicianas (Nitoburg, 1991).

Existieron en Colombia comunidades cimarronas o palenques (Nitoburg, 1991) y también se suscitaron revueltas, desde principios del siglo XVIII. En virtud de los datos sobre una de ellas, la revuelta de Tadó, en 1727 se conoce que también había en la región esclavizados que habían sido traídos de Jamaica y hablaban

⁵ Platicón Caicedo (2010) menciona que los europeos llaman Costa da mina o Costa de oro al territorio akan, debido a que esa cultura contaba con grandes conocimientos en minería.

inglés, aunque se desconoce si eran naturales de Jamaica o habían permanecido allí tanto tiempo como para aprender el idioma (Platicón Caicedo, 2010).

En la ruta hacia la abolición de la esclavitud, en 1821 se declaró la liberación de vientres, aunque el sistema esclavista persistió hasta la abolición en 1851 durante la presidencia de José Hilario López, con resarcimiento a los amos. Por entonces existían en Nueva Granada unos 20.000 esclavizados (Platicón Caicedo, 2010).

El proceso de mestizaje es marcado, ya que según Keyeux et al., (2000), existió siempre una estrecha relación socio-cultural entre africanos y nativos, lo que es particularmente notorio en las comunidades afrocolombianas de los departamentos del Chocó y Cauca. Un estudio realizado en la comunidad de Mulaló, en el valle del Río Cauca, que incluye estudios genéticos, refiere que los pobladores tienen sus orígenes en el pueblo fang que habitó los actuales territorios de Congo, Camerún, Guinea Ecuatorial y Gabón (Londoño, 2009).

Los afropacíficos han migrado, por motivos diversos, desde principios del siglo XX, predominantemente hacia la ciudad de Santiago de Cali, que hoy es la tercera ciudad colombiana en importancia (Platicón Caicedo, 2010).

En la década de 1970, tiene difusión entre los afrocolombianos la “doctrina de la negritud”, cuyos adeptos reclaman la participación pública de los afrodescendientes más allá de los aspectos culturales de la música y la danza (Nitoburg, 1991). Políticamente, la constitución nacional de 1991 hace un paso de apertura a la diversidad, y en 1993 se establece por ley que el estado debe velar por la difusión y sostén de la cultura afrocolombiana (Platicón Caicedo, 2010).

1-3.4 Afroecuatorianos

La población ecuatoriana se caracteriza por ser étnicamente diversa, en donde se distinguen cuatro grupos principales: una mayoría mestiza, con más del 70% de la población, un 7% de nativos, mostrando una variedad de más de 100 etnias de las cuales la Kichwa es la mayoritaria, la población afroecuatoriana con un porcentaje similar al nativo, y un 6% de población europea (Baeta Bafalluy, 2012). Este proceso de mestizaje, como en el resto de los países sudamericanos se produjo en los últimos 500 años.

Los afroecuatorianos, que se estiman en un número de 500.000, habitan regiones específicas del país, especialmente en la provincia costera de Esmeraldas, y en el valle andino del Chota en la provincia del Carchi. Se estima que pudieron haber llegado principalmente desde Guinea Ecuatorial a Panamá, desde donde fueron trasladados a Ecuador alrededor del año 1553 (González Andrade, 2006).

En el Ecuador se reconocen 38 comunidades afrodescendientes asentadas en el Valle del Chota-La Concepción y Salinas, en los Andes, aunque por cuestiones migratorias los afrodescendientes se encuentran hoy habitando todo el Ecuador. Sus antecesores fueron introducidos en la zona más baja de esta región por los jesuitas, durante los siglos XVII y XVIII, quienes fueron los primeros en emplear africanos cautivos para el cultivo de la caña de azúcar en sus propiedades agrícolas de la zona del Valle (Chalá Cruz, 2010). Posteriormente, alrededor del año 1780 los jesuitas fueron despojados de sus tierras que quedaron bajo el control real, momento en el que los esclavizados de las fincas cañeras fueron comercializados a otras haciendas de la zona.

La esclavitud dio origen al cimarronaje, resultado de la fuga de las haciendas hacia regiones más altas de difícil acceso y refugio cultural de la ancestría africana. Las comunidades afrochoteñas de hoy tienen ese origen, entre 1780 y 1810, por lo que guardaban y guardan aun hoy cierta independencia de las haciendas vecinas.

En 1821 se promulgó la ley de libertad de vientres, manumisión y abolición de tráfico de esclavos en la entonces Gran Colombia, que declaraba a los esclavos mayores de 18 años, debiendo los menores mantenerse bajo el poder de los amos de sus madres hasta la mayoría de edad.

Walsh (2007) afirma que, aún después de la manumisión de la esclavitud, los afroecuatorianos sufrieron un marcado sometimiento hasta la Reforma Agraria de 1964.

Los apellidos que ostentan los afrochoteños están relacionados con regiones geográficas africanas, probablemente de su procedencia o del sitio de embarque, en el África occidental, (hoy Ghana y Nigeria) y en el África Central (Angola y el Congo) (Chalá Cruz, 2010).

Como los otros afrosudamericanos, los afrochoteños se encuentran en un proceso de revitalización de la memoria colectiva en base a música, danzas, mitos y cuentos, intentando a través de ello enarbolar una propuesta de contenido político que intenta romper con la estructura centralista de la administración del poder. Una importante estrategia de lucha, especialmente tratada por los afroecuatorianos y los afrocolombianos, son los esfuerzos en etnoeducación (Walsh, 2007).

1-3.5 Afrochilenos

Martínez Montiel (2008) menciona que Diego de Almagro, quien arribara al territorio chileno entre 1535 y 1537, llevaba africanos en su expedición. Salgado Henríquez (2010) precisa estos datos, indicando que la expedición que permitió la llegada del primer europeo a Chile, estaba integrada en un 13% por africanos, indicando que está documentada su presencia en la fundación de la ciudad de Santiago por Pedro de Valdivia el 12 de febrero de 1541.

Durante la época colonial y hasta 1560 los africanos tuvieron el rol de esclavos de servicio, es decir ocupados de tareas domésticas. Entrado el siglo XVI se comenzó a requerir mano de obra para las labores mineras, lo que determinó un aumento del tráfico de esclavos: se afirma que en 1620 alcanzaban la cifra de 22.000 (Salgado Henríquez, 2010).

Inicialmente la ruta para el ingreso de esclavizados africanos procedía desde Panamá o Cartagena de Indias, continuaba por el istmo de Panamá y retomaba la ruta marítima por el Pacífico hacia el puerto peruano del Callao y a la ciudad de Lima. Posteriormente se creó una ruta continental desde Buenos Aires, que arribaba a Santiago cruzando la cordillera de Los Andes desde Mendoza (Salgado Henríquez, 2010; García, 2010b). Según Martínez Montiel (2008) esto comenzó a suceder en 1595, mediante comercio legal y como fruto del contrabando.

Hacia 1620 el país cobraron importancia las explotaciones agrícolas, donde fueron llevados los africanos esclavizados (Salgado Henríquez, 2010). Buena parte de ellos eran propiedad de órdenes religiosas como los jesuitas. En 1767, fecha en que los jesuitas son expulsados de Chile, sus esclavizados, en número de 1200, fueron despachados a Lima para ser vendidos (Salgado Henríquez, 2010).

También para los afrochilenos se refiere que recibían apellidos pertenecientes a sus dueños (Salgado Henríquez, 2010).

La ciudad de Arica, fundada en 1570, fue uno de los destinos más frecuentes de los barcos negreros sobre la costa del Pacífico en América del Sur. También de ese puerto se embarcaban las mercancías de plata extraídas de Potosí rumbo a Europa. Salgado Henríquez (2010) menciona que el historiador Ricardo Palma refiere que en 1620 había en Arica unos 1000 africanos y afrodescendientes esclavizados, y unos 100 libres.

La llegada del estado chileno a Arica el 7 de julio de 1880 significó el comienzo de un éxodo que dispersó a la población afroariqueña, en función del conflicto territorial en el que quedó sumida la zona. Este conflicto se saldó en 1929, quedando Arica en territorio chileno y Tacna perteneciente a Perú (Salgado Henríquez, 2010). La mayor parte de la población afrodescendiente que se consideraba peruana, emigró hacia el norte. Otros que permanecieron en Chile, dejaron Arica para trasladarse al valle fértil de Azapa, donde muchos de ellos tenían pequeñas porciones de tierras propias, con las que habían sido compensados después de la abolición de la esclavitud y donde hoy hay una presencia afrodescendiente marcada.

Martínez Montiel (2008) indica que la población africana en Chile no fue numerosa a causa del clima y de un proceso de mestizaje intenso, aunque considera simplista a la primera explicación. Los resultados del censo realizado en 13 provincias donde habitaban afrodescendientes en 1813 revelan que el número total de habitantes en la región considerada era de 295.000, dentro de los cuales 22.661 eran negros o mulatos y 3.563 de ellos se encontraban en situación de esclavitud. Cabe destacar que este censo no incluía a la provincia de Santiago y que en la región de Concepción, un relevamiento realizado el año anterior por el Obispado arrojaba, sobre un total de 211.000 personas, había en la región 7.900 “negros, mulatos y mestizos”. Estos resultados generales permiten hacer una estimación de un 7.6% para los “negros y mulatos”, libre y esclavizados (Salgado Henríquez, 2010).

La abolición total de la esclavitud data del 24 de julio de 1823 y por ese año la cifra estimada de afrodescendientes en territorio chileno era de entre 10.000 y

20.000 personas (Salgado Henríquez, 2010).

Cien años más tarde, el censo realizado en Arica en 1923 refiere que de un total de 4.040 personas, los afrodescendientes representaban un 2.3% de la población, con 86 individuos (Salgado Henríquez, 2010).

Hoy los afrodescendientes chilenos difunden su historia y sus tradiciones y trabajan para incidir en las políticas públicas, por reconocimiento y contra la discriminación y el racismo a través de instituciones propias como la ONG Oro negro, sindicada como la primera organización afrodescendiente que viera la luz en el año 2000, con sede en Arica, donde trabaja con las familias afrodescendientes de la región, tanto urbana como rural.

1-3.6 Afroperuanos

Se reconoce que el primer africano llegado al Perú lo hizo entre noviembre y diciembre de 1527 de la mano del español Alonso de Molina, y que a mediados de 1550 los arribados ascendían a 3.000, como parte de la soldadesca. La trata en el Perú tuvo tres períodos: a inicios del siglo XVI manejado por la corona española, la trata a largo plazo mediante contratos con compañías particulares y en el último tercio del siglo XVIII, desde 1778, a través del libre comercio, desde Nueva Granada, Venezuela, Cuba y Puerto Rico, además de los puertos tradicionales de Portobelo, Cartagena y Buenos Aires.

Los africanos que fueron trasladados inicialmente a la zona de la sierra, la selva y los valles de la costa, ocupan hoy la región costera desde Piura hasta Tacna, y las grandes ciudades. Las comunidades más notorias son las de El Carmen y El guayabo en Chincha (Bilbao Lobatón y Mori Julka, 2010). Estos autores reconocen que entre 1560 y 1650 el origen de los afroperuanos era de variadas etnias del área de Senegambia y Guinea Bissau, de otras regiones del África occidental y del África central y meridional. Para Martínez Montiel (2008) en Perú había grupos angolas, carabalís, mozambiques, chalas y congos.

También Málaga Nuñez Zeballos y Nima Vera (2010) reconocen que el origen étnico de los esclavos negros que llegaron al Perú fue muy variado. Por ejemplo en Arequipa, provenían en un 44.5% directamente del continente africano

(considerados bozales), un 25.6% de negros denominados criollos por haber nacido fuera del África, tanto en España como en América, siendo el 29.9% restante de procedencia no referida. De los africanos bozales, el 62% procedía de la costa occidental del África, del territorio entre los ríos Níger y Senegal; en un 27% del África central y meridional, especialmente de la región de Angola, y el porcentaje restante provenía de otras zonas del África Occidental.

La ocupación de los africanos en Perú fue inicialmente acompañar a los conquistadores, para luego ocuparse de controlar a la mano de obra indígena en obrajes textiles o minas. Como resultado de la caída demográfica de los nativos, los reemplazaron en el trabajo forzado en minas y plantaciones en zonas altas y bajas. Más tarde fueron concentrados en las zonas de los valles costeros, dedicados al cultivo del trigo (siglo XVI y XVII) y caña de azúcar (fines del siglo XVII hasta inicios del siglo XIX). También los había dedicados al trabajo doméstico o de oficios en áreas urbanas (Bilbao Lobatón y Mori Julka, 2010). Muchos integraron las filas del ejército español que dominó las revueltas de los nativos en los siglos XVII y XVIII.

Los africanos libertos en Perú, al igual que en Argentina, se agruparon en cofradías, organizaciones de socorro mutuos, en jurisdicción de alguna orden religiosa. Se reunían en base a las etnias africanas: las primeras fueron la de los “guineos”⁶, congos y angolas.

La resistencia africana a la dominación tomó formas pasivas, cotidianas y sin notoriedad, y formas activas con revueltas y motines, destinados a mejorar las condiciones de vida, o rebeliones que buscaban abolir la esclavitud sin abandonar el espacio laboral de las haciendas. También ocurrieron el cimarronaje y la palenquería, aunque los palenques o pueblos de cimarrones no alcanzaron a constituirse en estados ni tuvieron una magnitud poblacional semejante a las de Brasil. En ocasiones el cimarronaje se desarrolló junto a los nativos, aunque la política colonial estaba dirigida a enfrentar a ambos grupos (Bilbao Lobatón y Mori Julka, 2010; Martínez Montiel, 2008). Se relata que había episodios de bandolería asociados a los palenques: a punto tal que un bandolero negro de nombre Pedro

⁶

Por la época los españoles llamaban Guinea al Africa (Bilbao Lobatón y Mori Julka, 2010).

Leon Escobar tomó la ciudad de Lima, y el 28 de diciembre de 1835 se sentó en el sillón presidencial, siendo fusilado tres días más tarde (Bilbao Lobatón y Mori Julka, 2010).

Los censos, siempre cuestionados por limitados y fragmentarios, documentan que el número de africanos hacia 1550 había en Perú unos 3.000 africanos. En la Lima de 1791 representaban el 60% de la población. Algunos documentos señalan que en 1793 la población de negros y pardos ascendía a 81.841 individuos, estimándose que alcanzaron 100.000 hacia fines del siglo XVIII (Bilbao Lobatón y Mori Julka, 2010). Después de la independencia en 1821 se calcula que habría en Perú unos 41.000 esclavizados, número que disminuyó a raíz de las guerras posteriores. El censo poblacional de 1940 indicó que sobre un total de más de 6 millones de ciudadanos, la población afroperuana representaba el 0.47% ascendiendo a 28.800 personas, aunque lo fidedigno de las cifras se pone en duda (Bilbao Lobatón y Mori Julka, 2010).

La abolición de la esclavitud data de 1854, y se reconoce su sanción a Ramón Castilla, aunque su antecesor en el poder Rufino Echenique también la había decretado unos meses antes (Bilbao Lobatón y Mori Julka, 2010). Los afrodescendientes fueron libres pero sin ser ciudadanos.

Hoy la actual población afroperuana se ubica principalmente a lo largo de la costa, tanto en áreas urbanas como rurales, reunida en 26 comunidades de importancia, estimándose que el 55% se concentra en Lima y la costa central (Bilbao Lobatón y Mori Julka, 2010).

1-3.7 Afroparaguayos

La palabra *cambá* que se utiliza para designar a los afroparaguayos refiere a negro en guaraní, fue aplicada en sentido despectivo (Pla, 2010). Además de este significado, *cambá* podría también hacer relacionarse con la etnia *camba* en la actual República del Congo (Medina Benítez y Medina Alfonso, 2010).

Los primeros esclavos africanos llegaron al Paraguay en el siglo XVI, con los conquistadores españoles como desprendimiento de las columnas que se enviaban al Potosí desde Buenos Aires o provenientes del Brasil, participando de

la fundación de la colonia de Paraguay junto a los españoles en los años 1530.

Medina Benítez y Medina Alfonso (2010) indican que en Paraguay hubo ventas de africanos entre los años 1560 y 1570 y posteriormente, en 1571, una cédula real permitió la importación de africanos esclavizados de posesiones portuguesas. Existen registros que indican la introducción de esclavos desde el Plata entre 1585 y 1789, en forma interrumpida. Estadísticas del año 1782 mencionan que hubo por esa época unos 10.838 negros y mulatos libres o siervos en Paraguay, repartidos en 4925 de sexo masculino y 5923 de sexo femenino. Hacia 1811, año de la independencia paraguaya, los afroparaguayos constituían cerca del 10% de la población del país. No obstante estos números, se considera que en Paraguay no funcionó un mercado de esclavos propiamente dicho, sino que la introducción resultaba esporádica y de pequeña escala (Pla, 2010).

Durante los primeros años del gobierno de José Gaspar Rodríguez de Francia hubo escasos ingresos de esclavos al país, debido al bloqueo que aisló al Paraguay de sus vecinos del Sur. Además, Rodríguez de Francia concedió el derecho de asilo del esclavo que se fugaba hacia Paraguay y en 1824, abolió las órdenes religiosas, confiscando sus bienes, incluso sus amparados y esclavizados. Se creó la Esclavatura del Estado, entidad gubernamental destinada a la compra y venta de esclavos, pese a que en 1842 se había sancionado la ley de Libertad de vientres. En 1833 el presidente Francia forma el escuadrón de lanceros pardos, soldados pagos y con privilegios. Por ley, la esclavitud fue abolida en 1869 (Pla, 2010).

En 1820 se produce un episodio considerado clave en la conformación del pueblo afroparaguayo. En ese año se produjo la introducción de un grupo de 250 soldados afroparaguayos y sus familias que llegaron con el general Artigas acompañándolo en su asilo. El Dr. Rodríguez de Francia recibió a Artigas y sus lanceros otorgándole unas 100 hectáreas productivas en calidad de comodato, es decir con el estado reservándose la titularidad de la propiedad. Esta cesión posibilitó la creación de un pueblo de afrodescendientes libres. Medina Benítez y Medina Alfonso (2010) identifican a la actual comunidad Kambá Cua con aquellos afroparaguayos llegados con Artigas. Aún hoy la comunidad carece de la titularidad de las tierras en las que habita, lo que ha sido durante muchos años y

muchos gobiernos un motivo de disputa.

Antes de la Guerra de la Triple Alianza (1864-1870) se contabilizaba un total poblacional de 240.000 dentro de los cuales un 7% eran afroparaguayos, en número de 17.171. De éstos, 7866 o el 46% esclavizados, 516 libertos y el resto *pardos libres* (Medina Benítez y Medina Alfonso, 2010). El porcentaje de afroparaguayos que participó en esta guerra supera su proporción en la población. El presidente Francisco Solano López emitió en 1866 un decreto que ordenaba el enrolamiento de todos los libertos y esclavos. La abolición total de la esclavitud sucedió por ley el 2 de octubre de 1869, beneficiando sólo a 450 sobrevivientes de la guerra (Medina Benítez y Medina Alfonso, 2010).

En el Paraguay había tres categorías de africanos y afrodescendientes. Los esclavizados podían serlo de particulares, del estado y de las órdenes religiosas. Antes de 1824, el propietario de esclavos en Paraguay era la iglesia. Existían los libres o libertos y una categoría adicional, la de los amparados, que pertenecían a una institución inventada para controlar a la población afrodescendiente libre, en la que los amparados eran destinados mayormente a los “pueblo de pardos”, cercanos a las fronteras o en regiones de alta conflictividad con los nativos, en donde quedaban bajo la autoridad de un administrador (Medina Benítez y Medina Alfonso, 2010). A los cargos públicos no podían acceder personas de sangre africana, aunque fueran nativos paraguayos desde varias generaciones, uno de las consecuencias de la desigualdad de sangre que se vivía en el Paraguay (Pla, 2010).

Es probable que, a raíz de estas circunstancias históricas en Paraguay, se haya producido un proceso rápido de mestizaje con nativos americanos (Pla, 2010, Pág. 24). Medina Benítez y Medina Alfonso (2010), citando a Susnik (1991), indican que, hacia 1774 el cruce de los *yanaconas* (indígenas esclavizados) con los pardos, conviviendo en la casa de sus amos, era generalizado, dándose un 55% de uniones mixtas (Pla, 2010).

Medina Benítez y Medina Alfonso (2010) indican que hacia mediados del siglo XX la presencia de afroparaguayos se torna poco reconocible, persistiendo tres pequeños núcleos: la comunidad Kambá Cua que se ubica en la ciudad de Fernando de la Mora, en el área metropolitana de Asunción, a unos 24 km al este del centro, en la provincia Central, la de Emboscada y la de Kambá Kokué, en la

provincia de Guaraní, que suman, según un censo realizado por las propias comunidades en 2007, 7.637 personas, que representa el 0.13% de la población paraguaya. Emboscada reúne el 89,5% de los censados.

Hoy, la Constitución paraguaya reconoce la existencia de las poblaciones nativas y garantiza sus derechos a la tierra y a la libertad de culto, pero esta consideración no se extiende a los afroparaguayos. Tampoco en Paraguay existe una categoría para afroparaguayos en el Censo Nacional de Población.

El actual pueblo afroparaguayo lucha por la propiedad de las tierras en las que viven y se reconoce en sintonía cultural con otros pueblos afrosudamericanos, en especial referencia a ritmos y bailes (Medina Benítez y Medina Alfonso (2010).

1-3.8 Afrouruguayos

Se afirma que en el territorio uruguayo la introducción de esclavos africanos no fue significativamente importante comparada con otras zonas de Latinoamérica, caracterizada por ser fundamentalmente de carácter más doméstico que productivo (Vidart y Pi Hugarte, 1969; Barreto, 2011 y Rosal, 2011), dedicado fundamentalmente a tareas hogareñas o a algún oficio, de localización urbana y número reducido.

Para Isola (1975), citado por Barreto (2011) la presencia africana en el Uruguay es tan antigua como la europea, ya que considera que su introducción se habría iniciado ya desde la fundación de Colonia del Sacramento en 1680. Nova colonia do Sacramento se fundó como fruto de una avanzada portuguesa sobre el Río de la Plata a cargo del gobernador de Río de Janeiro, quedando a partir de este momento al servicio del Imperio Portugués. Con el gobernador venían africanos esclavizados (Machado, 2010). Esa autora indica que el comercio de africanos en el Río de la Plata se inició en el siglo XVI por el puerto de Buenos Aires, de modo ilegal a cargo de portugueses quienes controlaron el contrabando durante los siglos XVI y XVII.

El aporte del puerto de Montevideo al ingreso africano es más significativo a partir de 1743. Rosal (2011) indica que entre 1742 y 1806 ingresaron al Río de la Plata unos 26.000 esclavos.

En el mismo sentido, Campagna (1990), citado por Barreto (2011) menciona que los esclavos aumentan su participación en el contexto demográfico urbano entre los años 1745 y 1810, disminuyendo posteriormente su crecimiento. Estos datos son similares a los que aporta Rosal (2011), quien indica que en los 35 años que median entre 1777, un año después de la creación del Virreinato del Río de la Plata y 1812, año de la abolición de la trata negrera, llegaron a Montevideo como puerto autorizado 70.225 esclavos provenientes de Brasil y África en 712 viajes.

Rosal (2011) y Borucki (2010) indican que el tráfico hacia el Río de la Plata (Uruguay y Buenos Aires) seguía dos rutas: una directa desde el África, que reunía al 40% de los esclavizados, y una ruta indirecta desde Brasil, desde donde arribaban el restante 60%. Machado (2010) indica que las formas de ingreso de africanos esclavizados a Montevideo fue variando con la época. Hasta 1743 los arribos provenían de puertos brasileños o de Buenos Aires. El primer barco que partió de costas africanas con destino específico a Montevideo arribó en 1743 e ingresó al hoy Uruguay 200 africanos.

A partir de 1789 Montevideo es declarado el único puerto de ingreso de africanos para todo el cono Sur de América. Por entonces, se habían habilitado una serie de galpones o barracas para alojar africanos, conocidas como *caserío de los negros*.

Afirma Martínez Montiel (2008) que en 1797 la aduana de Montevideo era la única autorizada para el tráfico de esclavos en el Río de la Plata y que Montevideo fue el puerto más importante de ingreso de esclavos africanos a las colonias españolas en el cono sur.

El tráfico de esclavos repercutió sobre la demografía de la región. En el siglo XVIII se documenta en los censos que en el sur del territorio los habitantes de origen africano alcanzaban el 20% (Sanz et al., 2011) Entre 1791 y 1810 la población total de Montevideo creció un 119% y la esclavizada aumentó un 486%, ascendiendo en 1803 a 11.400 personas. El padrón realizado en Montevideo y su jurisdicción en 1778 indica un porcentaje de habitantes *negros o pardos* del 31% (Martínez Moreno, 1941), porcentaje que disminuye al 15% hacia 1829 o 19% en 1843 (Campagna (1990) citado por Barreto (2011)). Al igual que en otros sitios de Latinoamérica, en los archivos, padrones o censos uruguayos desaparecen, entre 1880 y 1996-1997, las categorías étnicas para los afrouruguayos, lo que impiden

precisar la composición étnica de la población.

De acuerdo al relevamiento de datos de padrones del siglo XVIII, Martínez Montero (1941) citado por Barreto (2011), establece que los africanos que ingresan inicialmente al Uruguay eran mayoritariamente de origen bantú. El censo de la ciudad de Montevideo de 1812-1813 arrojó un cuadro complejo de orígenes, pueblos y naciones de los africanos en la zona, que se identificaban con el nombre del pueblo o región desde donde habían sido raptados. Según estos datos, la mayoría de los arribados entre 1742 y 1810 eran oriundos de la región atlántica y con frecuencia de la región del Congo. Para Martínez Montiel (2008) el origen de los africanos en Uruguay parece estar en Angola, Mozambique y Costa de Oro, aunque el volumen del tráfico de contrabando puede haber dejado ocultos otros orígenes.

En 1825 se declara la libertad de vientres y se prohíbe el tráfico de esclavos, logrando la mayoría de los esclavos de la época colonial su libertad a través de la compra de la misma o de servir en el ejército, especialmente a partir de las leyes dictadas durante la Guerra Grande (1839 - 1851). La liberación del esclavo no era total, ya que pasaban a integrar una casta de libertos, cuyas actividades no variaban de las que realizaban anteriormente como esclavos. Ambas castas (esclavos y libertos) estaban constituidas por *negros* y *pardos*, indicando esta última un creciente mestizaje.

Luego de 1825, se señala una movilización de africanos a través de la extensa frontera terrestre entre Brasil y Uruguay, debido a lo cual se estableció una doble corriente migratoria: desde el Uruguay se trasladaban esclavos para ser vendidos en Brasil, y desde allí llegaban negros fugados que buscan amparo en las leyes abolicionistas existentes en el Uruguay, dado que el fin de la esclavitud en Uruguay se decretó el 26 de octubre de 1846 y la de Brasil el 13 de mayo de 1888. Fruto de esta movilización surgieron pequeñas poblaciones de africanos y afrodescendientes en la zona fronteriza, debido a la proximidad física, a las estancias ganaderas cercanas y a la presencia de saladeros en la zona. Se considera que este movimiento que duró hasta 1889, contribuyó notoriamente al poblamiento del norte y este del Uruguay (Florines et al., 1994, citado por Barreto, 2011). En los saladeros, principalmente en los ubicados en territorio brasileño se

utilizó mano de obra esclava (Machado, 2010). Esta situación se sostuvo hasta muy avanzado el siglo XIX. Asimismo, la Guerra grande (1839-1851) y la revuelta de los Farrapos (1835-1845) en el estado de Rio Grande do Sul tuvieron incidencia directa en la situación de los africanos y afrodescendientes de la región, ya que un número importante de ellos fueron reclutados.

En el territorio uruguayo, durante el período colonial la iglesia propició la formación de las cofradías como modo de control de los africanos esclavizados (Machado, 2010). Más tarde, hacia finales del siglo XVIII se conformaron las salas de naciones, formas de asociación autónoma y autoconvocada, reunida por origen étnico. Hubo naciones Congo, Mina, Carabalí y Lubolo, que resultaron refugios culturales donde se conservaban y practicaban lenguas y religiones. Machado (2010) indica que la sala de la cual hay mayores referencias ha sido la Congo. Estas asociaciones trocaron de nombre al de Juntas de morenos (Congos o Mozambiques) durante el proceso de modernización del estado, entre las décadas de 1870 y 1880.

Las salas de naciones fueron paulatinamente reemplazadas por los candombes, espacios de reunión y expresión de la religiosidad de los afrodescendientes, más abiertos a los no-afro que las salas, caracterizados por las ceremonias de coronación de los reyes.

Al igual que en otros países latinoamericanos, el aporte africano en el Uruguay ha sido subestimado, debido a la minimización de la importancia del aporte de las minorías ante la mayoría blanca a partir de la masiva inmigración europea de mediados del XIX. Sin embargo, los datos culturales y biológicos permiten afirmar la importante presencia de descendientes de africanos, no sólo en la capital, sino también en otras regiones del país. Martínez Montiel (2008) ubica en la actualidad una importante presencia afrodescendiente en las regiones rurales y en los cinturones urbanos del norte.

1-3.9 Afroargentinos

La llegada a la zona de los africanos esclavizados data de la primera y segunda fundación de la ciudad de Buenos Aires, en 1536 y 1580 (Martínez Montiel, 2008; Molina y López, 2010). Desde la primera fundación de Buenos Aires hasta después

de la Revolución de mayo, barcos españoles, franceses, portugueses e ingleses arribaron con fines de comercialización de esclavos al Río de la Plata, trayendo durante más de dos siglos unos doscientos mil africanos (Schávelzon, 2003). Después de 1724, Buenos Aires se alternó con Montevideo en su carácter de puerto de introducción de esclavos, contabilizándose ingresos de contrabando en estos puertos hasta pasada la mitad del siglo XIX, concretamente hasta 1861 (Molina y López, 2010). Martínez Montiel (2008) señala al puerto de Buenos Aires como importante en el comercio clandestino, mencionando que en este puerto, hacia las primeras décadas del siglo XVII, los precios de las *mercancías* eran bajos.

Si bien la Asamblea del año 1813 prohibía terminantemente el tráfico de esclavos, éste comenzó a ceder hacia 1840, año de la firma del tratado antiesclavista entre Argentina y Gran Bretaña, o aún hacia 1861 cuando Buenos Aires acepta la Constitución de 1853 (Molina y López, 2010).

Se ha documentado en un 40% la población africana y afrodescendiente en 1776, en los comienzos del virreinato del Río de la Plata (Molina y López, 2010). Hacia finales del siglo XVIII se registraban en Tucumán un 64% de individuos con ascendencia africana (incluyendo las formas de mestizaje), y el porcentaje era también alto en otras ciudades del interior: Santiago del Estero 54%, Catamarca 52%, Salta 46%, Córdoba, 44%. Hacia el inicio del siglo XIX la ciudad de Buenos Aires reunía un 35% de población africana o afrodescendiente (Schávelzon, 2003; Rosal, 2011). También Martínez Montiel (2008) señala que, después de su ingreso por el puerto de Buenos Aires seguían su viaje hacia Cuyo, Córdoba y Tucumán, o hacia sus aún más lejanos destinos en Chile, Paraguay y Potosí.

No obstante estas estimaciones, el número de afros en Buenos Aires es difícil de calcular con exactitud, tanto por el contrabando (Rosal, 2011), la escasez de documentos y su variada interpretación como por lo subjetivo que resultaba la clasificación por color de piel de los porteños de entonces (Schávelzon, 2003).

Para 1810, había en la ciudad 9.615 negros y mulatos, 150 indígenas y 22.793 blancos. Esto significa que, en estos momentos de mayor cantidad y porcentaje en la ciudad, la proporción de africanos y afrodescendientes era del 29,5% (Schávelzon, 2003). Sólo levemente difieren los números comentados por Rosal

(2011), quien indica que según registros oficiales, sin considerar los ingresos por contrabando, al finalizar el período colonial el 33% de los habitantes de Buenos Aires y Montevideo eran de origen africano, sobre un total de 43.000 y 11.000 habitantes, respectivamente.

Respecto de su procedencia, hay coincidencias en marcar su heterogeneidad. Mayormente proveían de África occidental, siendo las naciones más representadas en Buenos Aires. Los territorios de procedencia comprendían desde Senegal al río Geba, la Costa de Oro y los ríos de Sierra Leona, la gran factoría humana de Santo Tomé, toda Angola y el sur del río Congo y aún llegaban desde Asia occidental (Schávelzon, 2003). Martínez Montiel (2008) señala que las compañías inglesas que comerciaban en Buenos Aires recurrían a las factorías de Costa de Oro, Bahía de Biafra, Sierra Leona y Bahía de Benín, indicando que los que procedían de Angola y Mozambique hicieron su ingreso a partir de 1789.

Rosal (2011) concuerda con otros autores respecto de la dificultad de indicar los territorios de procedencia, dado que los registros indicaban como la región de procedencia el nombre de los puertos-factoría de los que partían los barcos negreros en el África, o aún el último puerto tocado por el buque, aunque hubieran sido cargados en otros. Con estas salvedades, el autor indica que, de los africanos arribados al Río de la Plata en forma directa, el 78% provenía del África suroccidental (Mozambique), centro-occidental (Loango y Angola) y el Golfo de Biafra (Bonny y Calabar), mientras que un 15% provenía de Guinea occidental, Costa de oro y Golfo de Benín. Además, estima que 19.200 esclavos llegados de Rio de Janeiro provenían del África centro-occidental (especialmente Luanda y Benguela) y que los 7100 arribados desde Bahía eran originarios del Golfo de Benín. Esto arroja una proporción de 2/3 de la esclavatura africana provenientes de Mozambique y Congo-Angola.

En Buenos Aires, los edificios de mayor porte en la época colonial eran los dedicados a la compraventa de los esclavizados, mercados negreros o *asientos*, también denominados “Compañías”. Los asientos, sitios adquiridos por las empresas introductoras europeas, eran construcciones, atracaderos y espacios al aire libre cercados por muros, siempre próximos al río. Eran básicamente barracones de techo de paja o teja donde vivían los esclavos recién introducidos,

contándoselos de a miles (Schávelzon, 2003). The South Sea Company era el asiento donde los ingresos comercializaban esclavos en la zona de Retiro (Molina y López, 2010).

La compañía de Jesús se dedicó a enseñar oficios a los esclavos, de modo que los *esclavos de los jesuitas*, excepcionalmente valiosos, constituían por 1770 la mano de obra artesanal de la ciudad. Hacia comienzos del siglo XIX producían y vendían artículos en la calle. Otros participaban como esclavizados en la agricultura, como peones de estancia y a partir de 1806 integraron las milicias, inicialmente participando de las luchas independentistas y luego de las disputas internas entre unitarios y federales, la guerra del Paraguay y la mal llamada “campaña al desierto” (Molina y López, 2010).

Menciona Golberg (2003) que, tanto antes como después de la declaración de la independencia existían cuerpos de milicias conformados por afrodescendientes. Durante las guerras de la independencia, los negros libres y esclavos también fueron reclutados y entraron en acción en los distintos enfrentamientos con los realistas. Las normativas indicaban que los esclavos obtendrían la libertad una vez que cumplieran cinco años de servicio, o al término de la guerra.

La característica de los afroargentinos es la organización comunitaria en diferentes formas organizativas, las cofradías o naciones africanas, cuya existencia data desde fines del siglo XVIII. Las cofradías eran hermandades controladas y organizadas en el seno de la iglesia católica. Las naciones eran asociaciones étnicas que inicialmente coexistieron con las cofradías. En 1785 se fundó la que reunía a los provenientes de Guinea y en 1791 la de los Congo, las que resultaron las más importantes. Martínez Montiel (2008) indica que en Argentina había cuatro naciones: conga, mandinga, adra y congo. Luego de la independencia, en 1821 fueron organizadas mediante decretos formales, llegando a haber más de 50 de ellas, y resultando imposible ubicar con exactitud su referencia étnica original.

Estas asociaciones recreaban el acervo cultural africano, dieron cohesión a los grupos, consolidaron la identidad y la pertenencia, y obtenían recursos económicos en forma controlada por el estado o la iglesia (Molina y López, 2010; Schávelzon, 2003). Originalmente funcionaron en ranchos o casas, en donde

hubiera un espacio abierto para el baile y uno cerrado para ceremonias, en el cual se recibían invitados de jerarquía y renombre como por ejemplo Juan Manuel de Rosas y su familia (Schávelzon, 2003). Martínez Montiel (2008) asegura que el candombe afroargentino se originó en estas festividades, iniciadas como una celebración religiosa y sincretizadas con la religión católica.

La población afro de Buenos Aires se concentraba en dos zonas. Una era la zona de la costa del río, donde una ancha franja que se descubría en la bajante servía para el lavado de la ropa o para juntar agua, frecuentada por la población afro casi en exclusividad hasta fines del siglo XVIII. El otro sitio de asentamiento eran los barrios del Tambor, agrupaciones de viviendas de libertos, sus sitios de trabajo y sede de las naciones, especialmente luego de 1810. No existen precisiones respecto de su ubicación, mencionándose Monserrat, San Telmo o la Boca (Schávelzon, 2003).

Hacia la mitad del siglo XVIII comenzaron los bailes públicos africanos, donde cada nación mostraba sus toques y danzas particulares. El candombe, la milonga y el tango son ritmos creados por la interacción entre negros y blancos pobres.

Dice Salgado Henríquez (2010) que la palabra Tango significa baile en la lengua kimbundu de Angola. Además existen una serie de vocablos en lunfardo, jerga de los barrios pobres porteños muy utilizada en la poética tanguera, que son asociables a términos africanos (Schávelzon, 2003): mina, tamangos, marote, cafúa, y otros términos tradicionales aunque no lunfardos con igual origen probable como mondongo, bobo, mucama, arrorró, bengala, milonga o zamba.

Existe una representación respecto de que los afroargentinos han “desaparecido”. Sin embargo, contrarresta con estas afirmaciones el protagonismo que los afroporteños tenían por aquella época, donde estaba consolidándose el estado argentino. Existían, por ejemplo, los periódicos afroporteños, con más de 7 publicaciones diferentes, medios de comunicación y reconocimiento identitario de los afrodescendientes en el país (Geler, 2011). La autora asigna esta desaparición en el discurso de lo afroargentino, a que el contexto social obligaba a la no-reivindicación de la pertenencia africana de aquellos afroporteños destacados.

Se esgrimen diversas razones para explicar la actualidad de los afroargentinos: es muy llamativa la baja tasa de natalidad registrada en la época de la esclavitud, la cual sumada a una alta tasa de mortalidad debido a las condiciones de salubridad, que culmina con la epidemia de fiebre amarilla en 1871, su eliminación en las innumerables guerras del siglo XIX, o el mestizaje con nativos y posteriormente con la gran inmigración europea (Schávelzon, 2003; Martínez Montiel, 2008). Schavelzon (2003) llega a afirmar que “el idioma que hablaban los afros en las rancherías era el kichua”, aunque esto no es compartido por todos los especialistas.

Además de la disminución real de la presencia africana en la zona, también se ha dado una invisibilización, representada por la desaparición en los censos de una categoría representativa, reemplazada por la ambigua de “trigueño” (Molina y López, 2010).

La idea de que la población africana y afroargentina impresionó con fuerza la cultura nacional comenzó a cultivarse alrededor de la década de 1960, junto a los grandes cambios en la política, la cultura y la sociedad de esos difíciles años argentinos (Schávelzon, 2003). Hasta entonces, la sociedad argentina había ignorado esta realidad que ha sido parte de su construcción, registrándose todavía hoy en la representación popular y aún académica una subvaloración de su importancia y cuantía.

En estudios previos realizados por el equipo de investigación de la Sección de Antropología Biológica de la Facultad de Filosofía y Letras Universidad de Buenos Aires y otros grupos de investigación de nuestro país se demostró una participación africana del 4% en el acervo genético del Área Metropolitana de Buenos Aires (AMBA) y Bahía Blanca (BB) y Comodoro Rivadavia (Avena, 2001; Avena et. Al, 2006, 2007, Avena et al., 2009a, 2010a). En el noroeste de nuestro país, el aporte subsahariano alcanza el 5% (Avena et al., 2009b), y en algunos estudios el 10% en muestras de Jujuy, Salta, Tucumán, Santiago del Estero, Catamarca y La Rioja (Alfaro, 2005). Recientemente, Corach et al. (2010) y Avena, et al. (2010b) determinaron en 8 provincias argentinas un 4% de componente subsahariano. Estas estimaciones de mestizaje, en correspondencia con la información histórica y demográfica de cada localidad cosmopolita en estudio,

evidenciaron que la participación indígena y africana tiene en la Argentina una incidencia considerablemente más importante de lo habitualmente aceptado a nivel académico y popular.

I.4 La actualidad afroboliviana

Menciona Walsh (2007) que los pueblos afroandinos han sido objeto de exclusión, aún de mayor magnitud que los pueblos nativos, ya que mientras los pueblos nativos se encuentran hoy en la búsqueda de una transformación social y política con reconocimiento de derechos, las luchas de los afrodescendientes aún se centran en visibilizar su existencia, a través de la recuperación y reconstrucción de la memoria y el conocimiento colectivos, aunque el objetivo de la ampliación de sus derechos no se descarte a mayor plazo.

Así sucede con los afrobolivianos, que han iniciado desde hace unas dos décadas un movimiento de visibilización (Arteaga et al., 2009). Hoy día se autodenominan Pueblo. La Asamblea Constituyente que se inició en el año 2006 abrió la oportunidad para que el pueblo afrodescendiente boliviano haga escuchar sus demandas (Arias, 2009; Lisocka-Jaegermann, 2010). La aprobación del texto constitucional el 25 de enero de 2009 trajo consigo la inclusión del pueblo afroboliviano, que se encuentra mencionado en el artículo 1, 3, 30.1, 32 y 395 de la carta magna del Estado plurinacional de Bolivia. En el texto de la nueva Constitución se remarca como política de estado la construcción de una nueva identidad para el Estado Plurinacional de Bolivia a partir del respeto a la diversidad. En la letra del artículo 3 capítulo 1 se establece que *“el pueblo boliviano está conformado por la totalidad de las bolivianas y los bolivianos pertenecientes a las áreas urbanas de diferentes clases sociales, a las naciones y pueblos indígena, originario, campesino y a las comunidades interculturales y afrobolivianas”*.

I-4.1 La región de Nor Yungas

Con el nombre de los Yungas o los valles yungueños se conoce a la región situada en el frente oriental de la alta Cordillera Real (también denominada Central u Oriental) extendida a través de una estrecha franja que corre de sur a noreste hacia la cuenca amazónica, a una altitud que varía entre los 600 y los 2500

metros sobre el nivel del mar. Es una región geográfica perteneciente al ecosistema de la yunga, caracterizado por ser una zona húmeda, con nieblas constantes y precipitaciones abundantes, engalanada con verdes laderas, precipicios, ríos, cascadas y una exuberante vegetación. Es una de las ecorregiones más ricas del país por contener gran cantidad de especies animales y vegetales. En los cálidos valles de los Yungas bolivianos se labran terrazas para el cultivo de la coca, bananas, cítricos, tabaco, cacao, papayas, amaranto, lúcumas, cayotes, piñas, palta, maíz (Arteaga et al., 2009; Portugal Ortiz, 1978).

Las comunidades afroyungueñas constituyen reductos de la cultura africana, ya que si bien todas distan aproximadamente 100 km de La Paz, la región es de difícil acceso, razón por la cual se considera que las poblaciones yungueñas se han desarrollado en un grado importante de aislamiento geográfico (Angola Maconde, 2010). Hay coincidencia en los historiadores de que se puede hablar de un vacío documental entre 1850 y 1950 respecto de la población negra boliviana (Lisocka-Jaegermann, 2010), indicando que este vacío puede estar relacionado con el aislamiento del territorio que habitaron.

Las comunidades que presentan una densidad poblacional mayor de afrodescendientes son Tocaña, Chijchipa, San Joaquín y Mururata, a una altitud de 1680 metros sobre el nivel del mar y en relación directa con Coroico, la comunidad de referencia administrativa de la región.

Específicamente la comunidad de Tocaña es la que cuenta con la mayor proporción de individuos con ascendencia africana. Posee una población conformada por 31 familias, de las cuales 23 manifiestan ser afrodescendientes por autoadscripción, enunciación que generalmente se relaciona con ciertos rasgos fenotípicos que ellos mismos señalan como distintivos: el color de la piel, los rasgos faciales, y el cabello rizado, denominado “chiri” (Arnold, 2008; Iudica y Parolin, 2011). Este pequeño poblado es hoy el centro de la reivindicación de valores y expresiones culturales de tradición africana (Arias, 2009).⁷

⁷ Cuando hoy, en los pueblos afrodescendientes de los yungas, los jóvenes practican alguna danza o canto que han tomado de las tradiciones, se arengan al grito de “Vamos, como lo hacen los tíos de Tocaña”, aludiendo a la referencia que para ellos son los mayores de este poblado (n. de la a.)

En la Tocaña de hoy, los pobladores bailan la *morenada*, en las festividades de la Virgen del 15 de agosto y la saya, todo el año.

En referencia particular a la saya, se supone que la denominación deriva del vocablo *Nsaya* de origen Kikongo que significa trabajo en común. Consiste en música, danza, poesía y ritmo donde se utiliza la metáfora y la sátira⁸, donde un grupo de participantes repite coplas propuestas por un cantante principal que se va alternando, al son de tambores denominados cuanchas. Hoy se considera a la Saya como un elemento integrador, unificador, comunicador y alternativo en la reunificación de la comunidad afroboliviana (Rey Gutierrez, 1998) y a través de su análisis se puede reconocer tanto la raíz africana como las acomodaciones y asimilaciones culturales en la convivencia con el nativo americano y el español (Arias, 2009).

Respecto de la morenada, encontramos que esta danza es similar a la relatada bajo el nombre de *bailes morenos* que practican los afroarriqueños en Livilcar en honor a la Virgen del Rosario de las Peñas (Walker, 2010).

Refiere Rey Gutierrez (1998), a partir de testimonios de pobladores, que Tocaña era propiedad de la familia García, quienes también eran dueños de otras haciendas en Chijchipa y en el altiplano, y que a la muerte del padre las tierras se distribuyeron en sus hijos, correspondiéndole la hacienda de Chijchipa a Pio García y la de Tocaña a Jesús García. En un principio Chijchipa era de propiedad de los Marqueses de Zabala y Mururata de los Marqueses de Pinedo, quienes ponían sus apellidos a sus esclavos. Hoy día muchos de los habitantes de Tocaña y Chijchipa llevan dichos apellidos, aunque no existe ningún García.

Existe hoy en las comunidades afroyungueñas una discreta interrelación con las familias aymaras, que no se refleja en el trabajo colectivo, pero que se da en otros planos de la vida social. Las familias comparten los festejos patronales, carnavales, establecen relaciones de padrinazgo y se conforman algunas parejas mixtas afro-aymara (Rey Gutierrez, 1998).

⁸ Movimiento cultural Saya Afroboliviana MOCUSABOL, www.afrobolivia.org.bo

Las familias afroyungueñas sufren la migración de sus jóvenes a ciudades de mayor oportunidad económica o de formación académica, como La Paz, Santa Cruz, Cochabamba, y a la región de Caranavi y Alto Beni. En las décadas de 1970 y 1980 los afrodescendientes comienzan a formar parte de los barrios de las ciudades más importantes de Bolivia (Angola Maconde, 2010). Lisocka-Jaegermann (2010) estima en un 1% la fracción de afrobolivianos que alcanza la educación superior.

I-4.2 *Rey Afro en Mururata*

Un elemento de representación simbólica para los afroyungueños es la presencia de un rey afro. En la localidad de Mururata reside Julio Pinedo Pinedo⁹, quien fue coronado como rey de los afrobolivianos en 1992 y luego reconocido en diciembre de 2007 por la Prefectura de La Paz, por su vínculo directo con Bonifacio Pinedo a quien se cree descendiente de una familia real del Congo. Su madre, de nombre Aurora Pinedo era hija de Bonifacio. La investigación que arribó a esta coronación fue realizada al menos en parte por familiares de los terratenientes para quien el abuelo Bonifacio trabajaba, quienes transmitieron oralmente la idea de su pertenencia a la realeza africana, recordando los atuendos y corona que ocasionalmente lucía. Este hecho no ha sido confirmado por documentos históricos y los historiadores dudan de su veracidad (Lisocka-Jaegermann, 2010). Sin embargo, los afrobolivianos refieren a don Julio Pinedo como el rey afro, considerándolo un símbolo, aunque sin ejercer sobre la comunidad poder de decisión. En el momento de la realización de la entrevista, Julio Pinedo contaba con 72 años, dedicándose al cultivo de la coca y compartiendo con su esposa Angélica Larrea la atención de un pequeño comercio a la entrada del pueblo. Quizás sea importante para rastrear el origen de la información que condujo a esta coronación, ya que Bilbao Lobatón y Mori Julka (2010) mencionan que entre los africanos era utilizado el término reyes para los nacidos en África.

⁹ El rey afro Julio Pinedo Pinedo fue entrevistado personalmente por la autora.

I-5 Antropología Genética

La Antropología Genética es una rama de la Antropología Biológica que emplea marcadores genéticos para estudiar el origen, la evolución y la diversidad biológica de nuestra especie.

Una especie puede definirse como un grupo de individuos con capacidad de reproducirse entre sí produciendo descendencia fértil. Según este criterio, todos los seres humanos pertenecen a una única especie, la del *Homo sapiens*. En la práctica, la reproducción en los seres humanos está limitada por barreras geográficas, sociales, religiosas, socioeconómicas. Como resultado de estas restricciones a los cruzamientos, y la acción de mecanismos microevolutivos (la mutación, la selección, la deriva génica y el flujo génico), ha surgido una variedad de grupos parcialmente diferenciados, lo que constituye poblaciones humanas con características particulares.

Los eventos mutacionales se producen con relativamente poca frecuencia. Se han realizado estudios que investigan la tasa de mutación promedio en el hombre, que se ha estimado en 2.5×10^{-8} por locus (Nachman & Crowell, 2000). La selección permite que un gen mutante, si es beneficioso para el individuo en el medio en el que se desarrolla, incremente su frecuencia de aparición en la población (Cavalli-Sforza y Bodmer, 1981).

En el ser humano, una porción muy pequeña del genoma (aproximadamente el 1%) está constituido por exones que realmente codifican polipéptidos, aunque el total de secuencias vinculadas con la producción de proteínas alcanza el 25%, estimándose el número génico entre 20.000 y 25.000 (Krebs et al., 2012). Las mutaciones que afectan a los genes que se expresan están sometidas a los procesos de selección natural, por lo tanto son poco variables. Aquellas mutaciones que suceden en el material genético que no se expresa no se ven afectadas por estas fuerzas, ya que no originan cambios fenotípicos. Estas mutaciones son denominadas neutras, y su propagación y por lo tanto su frecuencia poblacional se independizan de los procesos selectivos. Este ADN no codificante, por lo tanto, es altamente variable entre los individuos y es fuente de una importante cantidad de marcadores genéticos utilizables en Antropología Genética.

Los sistemas polimórficos que han sido utilizados tradicionalmente para el estudio de las diferencias entre las distintas poblaciones humanas, son los sistemas sanguíneos ABO, Rh, Diego y Duffy y los grupos HLA. Este abordaje tradicional se caracteriza por la detección de las variantes a nivel fenotípico. En las últimas décadas se han desarrollado, estudiado y consolidado en su utilización otros sistemas de marcadores genéticos polimórficos, detectables a través del estudio de técnicas de biología molecular.

El término polimorfismo fue descrito por Ford en 1940 como la presencia en una población de dos o más formas alélicas discretas, de las cuales la de menor frecuencia no puede mantenerse sólo por mutación recurrente. En términos generales se asume que un polimorfismo es la condición por la cual en una población hay más de una variante de un determinado gen, con una frecuencia mínima de un 1%.

Los polimorfismos genéticos son las variantes que presenta un marcador genético, que se presenta altamente variable entre los individuos, producto de las mutaciones del genoma, y puede referirse a un gen, a un sitio de restricción o a cualquier secuencia de ADN que presente alternativas alélicas (Melo, 2010). El grado de polimorfismo de un marcador genético está relacionado con el número de alelos que presente.

Cuando ocurre una mutación en forma única e irrepetible, todos los individuos derivados de aquel donde el cambio ocurrió, también la portan. En consecuencia, todos los individuos en los que se observa el cambio ocurrido, derivan de aquel individuo único donde ocurrió por primera vez la única mutación.

Por eso, cuando se desea caracterizar antropogenéticamente a una población, se estudian las frecuencias en que se presentan las distintas variables de algunos marcadores genéticos polimórficos (Cavalli-Sforza y Bodmer, 1981), que demuestran ser altamente informativos para la estimación de las diferencias entre las poblaciones y el estudio de sus relaciones filogenéticas y filogeográficas. Para intentar comprender la historia de una población resulta preferible analizar la herencia de los linajes uniparentales maternos (ADNmt) y paternos (cromosoma Y), y los heredados de ambos progenitores (marcadores autosómicos o biparentales) (Pakendorf & Stoneking, 2005).

1-5.1 Marcadores genéticos biparentales

Uno de los sistemas genéticos utilizados como herramienta de análisis para la antropología biológica son los STRs (de su sigla en inglés short tandem repeats).

Las secuencias que están formadas por repeticiones en tandem de una unidad corta, denominadas repeticiones variables de número variable (VNTR), son frecuentes en el genoma de los mamíferos. La variabilidad para estas secuencias se observa cuando una población contiene fragmentos de muchos tamaños diferentes que representan la misma región genómica. Cuando se examina a los individuos, se observa que existe polimorfismo y que pueden encontrarse muchos alelos diferentes. Generalmente se usa el nombre microsatélite cuando la longitud de la unidad de repetición es <10pb (pares de bases) y se utiliza minisatélite cuando la extensión de la unidad de repetición se encuentra entre 10 y 100 pb (Krebs et al., 2012).

Estos marcadores polimórficos se heredan en forma mendeliana y son codominantes, están sujetos a recombinación y mutación, y no se presentan en una ubicación preferencial en el genoma. Dado que la variabilidad entre los individuos se basa en el número de veces que se repite la secuencia core, la identificación de los alelos que presenta una persona para los marcadores STR se representa por un número, significativo de cuantas veces la secuencia core se repite para ese marcador en ese individuo. Considerando la condición diploide de la especie humana, el genotipo de un individuo para un determinado marcador será indicado como dos números, usualmente separados por una coma o guión, por ejemplo: marcador TH01: genotipo 7-9. Existen variantes con número de repeticiones incompletas.

Para la especie humana se han identificado varias regiones que se encuentran ubicadas en distintos lugares del genoma, distribuidas entre los 23 pares de cromosomas característicos de la especie.

Los AIMs (marcadores informativos de ancestría) son marcadores biparentales que pueden asumir diferentes formatos: STRs (short tandem repeats), SNPs (single nucleotide polymorphism o polimorfismos de nucleótido único), InDels (inserciones/delecciones) y se presentan polimórficos, exhibiendo grandes

diferencias en las frecuencias alélicas entre poblaciones, por lo que pueden ser usados para inferir orígenes geográficos individuales. Usando un panel de AIMs es posible estimar las proporciones relativas de diferentes ancestrías en individuos mestizos e inferir el tiempo del que data del proceso de mestizaje.

I-5.2 Marcadores genéticos uniparentales

I-5.2.1 Características del ADN mitocondrial

El ADN mitocondrial humano (ADNmt) es una molécula circular de doble cadena de 16569 pares de bases, carente de histonas, que fue secuenciada completamente a partir de un único individuo en 1981 por Anderson y col. (1981) y luego corregida por Andrews et al., (1999).

El genoma mitocondrial contiene 37 genes que están ubicados en forma continua en una gran región codificante que representa el 90% del total de la molécula. Además, hay una región no codificante de unas 1122 pb, el bucle D o D-loop, también denominada región control (RC) que se extiende desde la posición 16024 hasta la 16569 y desde la 1 hasta la 576, que es muy polimórfica en secuencia y longitud (Krebs et al., 2012) (Fig. I.3).

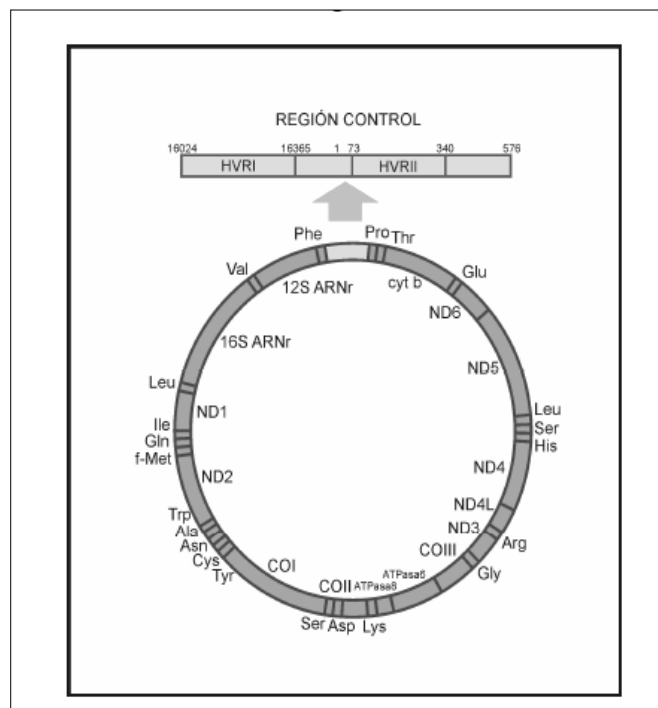


Fig. I.3: Esquema del genoma mitocondrial humano, denotada la región control (Tomado de Fregel Lorenzo, 2010).

El ADNmt humano presenta diferentes tipos de polimorfismos:

-Polimorfismos de secuencia: El tipo de variación más frecuente dentro de esta categoría es el SNP, en regiones no codificantes, siendo las transiciones (purina por purina o pirimidina por pirimidina) predominantes frente a las transversiones (purina por pirimidina o viceversa) en una proporción aproximada de 40:1.

-Polimorfismos de longitud: producidos por inserciones o deleciones de uno o más nucleótidos. En el ADNmt existen trectos homopoliméricos de una o más bases nucleotídicas, localizados en las posiciones 16184-16188/16190-16193, 303-309/311-315 y 568-573. Además, se ha descrito un microsatélite corto (AC)_n, con bajo grado de heterocigosidad (Bodenteich et al. 1992) entre las posiciones 514 y 523.

El ADNmt se hereda en forma uniparental o por herencia exclusivamente materna, ya que a pesar de que el óvulo y el espermatozoide contienen mitocondrias, estas sólo son legadas a la descendencia a través del ovocito. Las mitocondrias del espermatozoide están ubicadas en la porción intermedia de la cola, y no ingresan al ovocito en la fecundación. Como explicación alternativa se ha propuesto un efecto de “dilución”, debido a que, en la mayoría de los mamíferos, del número de moléculas de ADNmt de origen materno y paterno en una proporción de 20.000-100.000 aproximadamente contra 50 a 70, respectivamente (Ankel-Simons & Cummings 1996; Bravi, 2004).

Como resultado de la ausencia de recombinación, el contenido del genoma mitocondrial se comporta como un bloque de genes ligados que se transmite sin modificaciones a lo largo de generaciones sucesivas, esto es, como un sistema haploide. La herencia del ADNmt se expresa por medio de la ecuación 1ⁿ, es decir el 100% de las secuencias del ADNmt se transmitirán del ancestro materno a su descendencia.

Esta cualidad, junto con el sistema de los STRs de la porción no recombinante del cromosoma Y, hace que ambos se denominen sistemas de linaje uniparental, y son especialmente utilizados en la investigación de la demografía histórica de las poblaciones humanas y los episodios migratorios de los que los antecesores

maternos o paternos han participado, asumiendo que la variabilidad genética presente refleja los eventos demográficos del pasado (Rosa & Brehm 2011).

Adicionalmente a estas características, el ADNmt posee una tasa de mutación 5 a 10 veces mayor al genoma nuclear. Se calcula en 0.47×10^{-6} sustituciones/sitio/año (Pakendorf & Stoneking, 2005), aunque esta estimación no cuenta con acuerdo (Alvarez Iglesias, 2008). Las diferencias que exhiben distintos autores podrían basarse en que el nivel de estabilidad de la molécula varía en diferentes sitios, existiendo posiciones dentro de la región control conocidas como “hot spots” o “puntos calientes de mutación” cuya tasa de mutación es 4 o 5 veces mayor que la media (Pakendorf & Stoneking, 2005). La ausencia de histonas (Lanteri y Confalonieri, 2003), o la de sistemas de reparación o la presencia de radicales libres del oxígeno productos de la fosforilación oxidativa (Melo, 2010) serían factores que favorecen esta alta tasa de mutación y hacen preferible su empleo a escala microevolutiva, a diferencia de los genes nucleares (Lanteri y Confalonieri, 2003).

La estimación de la tasa de mutación permite relacionar la diversidad genética con una escala temporal, haciendo posible calcular el tiempo al ancestro común más reciente entre dos linajes, es decir, estimar el tiempo de divergencia entre ellos. La estimación de este reloj molecular ha sido motivo de debate en la literatura (Rosa & Brehm, 2011).

En función de estas particularidades, es relativamente simple secuenciar todo el ADNmt o alguna porción como la región control, por lo que se ha utilizado el análisis de sus variantes en innumerables trabajos científicos en el área de la medicina, la biología, la antropología y las ciencias forenses.

Los estudios iniciales utilizaban solamente la región codificante del ADN mitocondrial. El primer trabajo sobre la variación del ADNmt utilizó la digestión con enzimas de restricción y caracterización de la molécula entera, sobre un grupo de 21 personas de diversas etnias y regiones geográficas, y fue publicado por Anderson y cols., en 1981. Estos estudios, analizando la variación en fragmentos de restricción de longitud polimórfica (RFLP) condujeron a una estimación en 180.000 años para la aparición de todas las variantes a partir de un inicio común, que es consistente con los estudios posteriores y más recientes

(Krebs et al., 2012).

Posteriormente se realizaron estudios que incluían la secuenciación de los segmentos hipervariables de la región control (HVS), más informativos. En los primeros años, la región elegida para secuenciar, fue la región hipervariable I (HVI), de unas 350 pb comprendida entre la posición 16024 y 16365, que es altamente variable, aunque susceptible de mutaciones recurrentes que pueden tornar dificultoso su análisis. Posteriormente, se incorporó a los estudios la región hipervariable II (HVII) comprendida entre las posiciones 073 y 340. En estudios recientes, se ha observado un aumento en la capacidad discriminativa del ADN mitocondrial cuando también se analiza la región denominada HVIII, del nucleótido 438 al 574 (Fridman & Gonzalez, 2009).

La tendencia es poder analizar cada vez más posiciones, y así en estos últimos años la recomendación es analizar la región control completa desde la posición 16024 hasta la 16569 y desde la 1 hasta la 576 (Alvarez Iglesias, 2008). Gayà-Vidal et al. (2011) indican, en base a sus resultados en poblaciones andinas, que es importante secuenciar el fragmento comprendido entre la región HVI y HVII porque interesantes polimorfismos se localizan fuera de los segmentos clásicos. La construcción de árboles filogenéticos basados en secuencias genómicas completas resulta de mayor resolución que cuando se utilizan secuencias cortas, tendiéndose también a estudiar combinadamente secuencias de la región control y secuencias parciales de regiones codificantes (Pakendorf & Stoneking, 2005). En años recientes, se han documentado estudios que relevan la secuencia completa de la molécula del ADN mitocondrial humano, lo que ha permitido la resolución de haplogrupos difíciles como los pertenecientes al grupo H (Rosa & Brehm, 2011) y más precisiones temporales. Una gran cantidad de información (cerca de 4200 secuencias genómicas completas del ADN mitocondrial) fue recientemente compilada en el comprehensivo árbol filogenético de actualización frecuente y consultable en línea, www.phylotree.org.

Debido a que el ser humano posee de cientos a miles (10^2 - 10^4) de copias de ADNmt por célula se genera un fenómeno de polihaploidía. Las múltiples copias de ADN mitocondrial de un individuo son por lo general idénticas, condición conocida como homoplasmia. Esta característica resulta fundamental para utilizar

este sistema genético en análisis filogeográfico, donde las unidades de estudio son los individuos, y probablemente se deba a que dentro de cada población intracelular del ADNmt las mutaciones se fijarían en forma rápida por un proceso análogo a la deriva génica (Lanteri y Confalonieri, 2003).

Si bien la homoplasma es la regla, pueden coexistir en un individuo secuencias diferentes de ADN mitocondrial, lo que se denomina heteroplasma (Bär et al., 2000). Existen dos tipos de heteroplasmas: puntuales y de longitud. Las puntuales son producto de un cambio nucleotídico en determinada posición. La heteroplasma más frecuente en región control está basada en variantes de longitud, y se deben a la variación del número de bases en un tracto homopolimérico. La tasa de heteroplasma en una población ha sido calculada en 14% (Afonso Costa et al., 2010). Cuando se presenta esta circunstancia, la secuenciación del fragmento requiere del uso de cebadores alternativos.

Convencionalmente, el perfil de mutaciones que presenta un individuo, en comparación con la secuencia consenso de Cambridge (Cambridge Reference Sequence, CRS; Anderson et al., 1981) define un haplotipo mitocondrial. Las variantes que muestran un antecesor común se organizan en clados jerárquicos denominados haplogrupos. Las relaciones filogenéticas entre las variantes se ilustran mediante árboles filogenéticos o redes (Rosa & Brehm, 2011).

Este tipo de estudios ha contribuido al esclarecimiento del origen africano del hombre moderno (Pakendorf & Stoneking, 2005; Krebs et al., 2012). Aunque recientemente se ha señalado la existencia de hibridación con neandertales y con el hombre de Denisova, su aporte es minoritario y la importancia cuantitativa del origen africano es mucho mayor. Además no se han detectado por el momento linajes mitocondriales neandertales y denisovanos (Hammer, 2013). Inicialmente cuestionado, el grupo de Allan Wilson fue el primero en sugerir el origen africano de todos los linajes maternos y una posterior derivación de los tipos no africanos. Como se ha señalado anteriormente, se observa una variante ancestral, conocida como Eva mitocondrial, en el Sudeste o Este africano, al que coalescen todos los linajes maternos hace 160 a 200 mil años, coincidente con los hallazgos paleoantropológicos, y una dispersión sobre otras regiones de 80 a 120 mil años de evolución (Rosa & Brehm, 2011).

I-5.2.1.1 Distribución de los linajes mitocondriales

A lo largo de la historia y durante estos movimientos poblacionales las mutaciones se han ido acumulando secuencialmente en los linajes de ADNmt modificando las secuencias fundadoras, lo cual, sumado a los efectos de la deriva génica, efecto fundador, la existencia de barreras geográficas y cuellos de botella, ha generado linajes maternos divergentes conforme las poblaciones humanas ocupaban distintas regiones geográficas en todo el mundo. Por esta razón, muchos haplogrupos mitocondriales son continente-específicos. Las personas que migran de una región a otra transportan en su ADNmt una etiqueta para el análisis geográfico y genealógico.

Con el propósito de comparar los linajes encontrados, se está utilizando un sistema de nomenclatura consensuado y de revisión continua, en donde las letras mayúsculas definen los haplogrupos, identificando los subtipos con letras y números alternados (por ejemplo L0a1) (Rosa & Brehm, 2011). Como este sistema comenzó a implementarse con el estudio de los nativos americanos por Torroni et al. (1993), estos grupos fueron nominados siguiendo el orden alfabético como haplogrupos A, B, C y D.

Tempranamente, en estudios de Torroni en 1994, se observó que la mayoría de los ADN mitocondriales subsaharianos, (entre el 70 y el 100%) presentan un sitio de restricción específico en la posición 3592. Estos haplotipos se asignaron a un linaje denominado L, que contiene varios superhaplogrupos con diversos haplogrupos (Batini, 2007).

En la clasificación actual de los linajes mitocondriales se identifica al haplogrupo L0 de origen africano como la ramificación más antigua del árbol (Mishmar et al., 2003). Este haplogrupo habría surgido en el África oriental y posteriormente se habría expandido a por todo el continente africano a través de los linajes L1, L2 y L3. De este último haplogrupo habrían derivado los tipos M y N, que marcan la salida del hombre moderno del África, y que habrían dado origen a los haplogrupos característicos de Europa, Asia, Oceanía y América. En Europa y Asia occidental los haplogrupos característicos son los H, I, J, L, N1b, T, U, V, W e Y, derivados de N. En Asia, M y N habrían originado los haplogrupos A, B, C, D, F, G, Y y Z, entre otros (Mishmar, 2003). Mientras que en Siberia predominan los

haplogrupos G, Y y Z, el haplogrupo X no se encuentra en Siberia o el Este Asiático pero se observa en baja frecuencia en el Norte y Oeste de Asia, en Europa y el Asia Central, y en América (Pakendorf & Stoneking, 2005) (Fig. I.4).

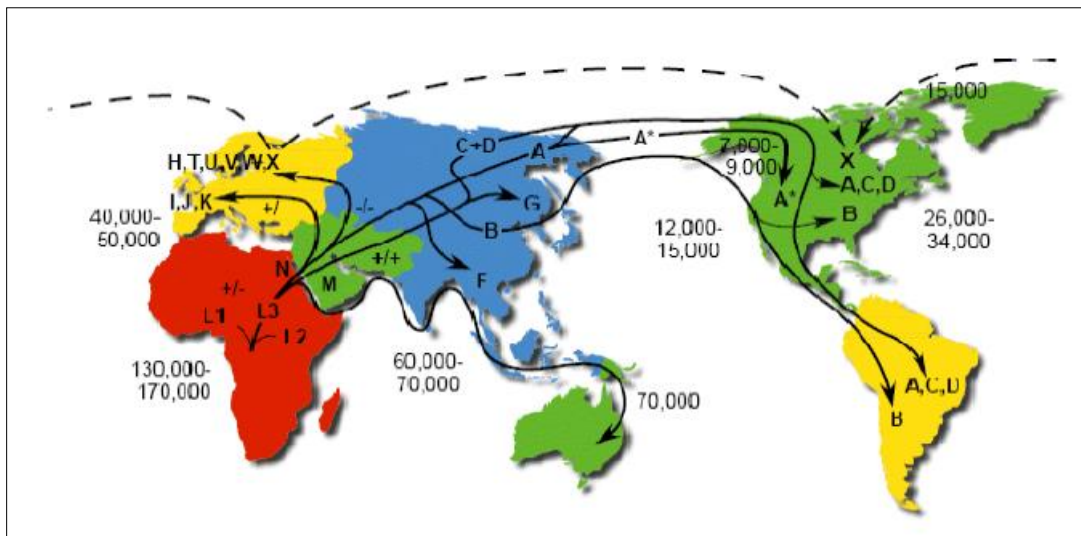


Fig. I.4: Representación de las migraciones humanas a través de los linajes mitocondriales. En letras los haplogrupos mitocondriales, en números los años antes del presente en que surgieron los haplogrupos (adaptado de Mitomap).

En América del Sur, las poblaciones nativas muestran los haplogrupos A, B, C y D (Afonso Costa et al. 2010), con una distribución no homogénea a través del continente americano, observándose una elevada frecuencia del haplogrupo A en América del Norte, y del haplogrupo B en algunas regiones de Centro América así como en el altiplano. La frecuencia de los haplogrupos C y D aumenta progresivamente en sentido norte-sur, llegando a desaparecer los haplogrupos A y B entre los fueguinos.

En algunas poblaciones nativas se han detectado haplotipos diferentes de los mencionados, siendo considerados mutaciones sobre los haplotipos fundadores, o bien resultado de la mezcla con poblaciones no nativas aportados por migrantes europeos o africanos a partir del siglo XV (Baeta Bafalluy, 2012), época caracterizada por el proceso de mestizaje poblacional entre grupos nativos, europeos y africanos. Aunque la introducción de linajes mitocondriales tuvo menor impacto que la de los linajes paternos, se comprueba la coexistencia de linajes nativos, africanos y europeos en varias poblaciones sudamericanas.

I-5.2.2 Características del Cromosoma Y

La herencia asociada al cromosoma Y es denominada holándrica, debido a que es transmitido de los varones a su descendencia masculina.

Del material genético que contiene, sólo el 5% de su secuencia, correspondiente a los segmentos distales del brazo corto y largo (Yp y Yq) es homóloga al cromosoma X y por lo tanto son las únicas regiones que sufren recombinación durante la meiosis. Estas regiones son llamadas pseudoautosómicas, y aquellas regiones que no intercambian fragmentos con el cromosoma X son denominadas Y-específicas.

La región no recombinante del cromosoma Y presenta fragmentos hipervariables de secuencia repetitiva ubicados prevalentemente en la porción heterocromática del brazo largo y en la zona pericentromérica, caracterizados como STRs (Short Tandem Repeats) y SNPs (Single Nucleotide Polymorphisms). La caracterización alélica de las regiones polimórficas de la región no recombinante del cromosoma Y define un haplotipo, denominándose haplogrupo al conjunto de variantes que muestran un antecesor común.

Considerando la ausencia de recombinación en la mayor parte de su longitud y la herencia holándrica que lo caracteriza, las regiones específicas del cromosoma Y actúan como un sistema genético, en el cual la secuencia se transmite a la siguiente generación como un único grupo de ligamiento y en consecuencia, la fuente de variación entre el cromosoma Y del ancestro paterno y de los varones descendientes es sólo la mutación (Bianchi y Martínez Marignac, 2003). Por esto, los polimorfismos que muestran los marcadores genéticos del cromosoma Y se utilizan para rastrear la relación genética entre distintos haplotipos, y trazar un mapa de la historia del poblamiento humano. En la Fig. I.5 se observa un mapa de los marcadores STR para el cromosoma Y.

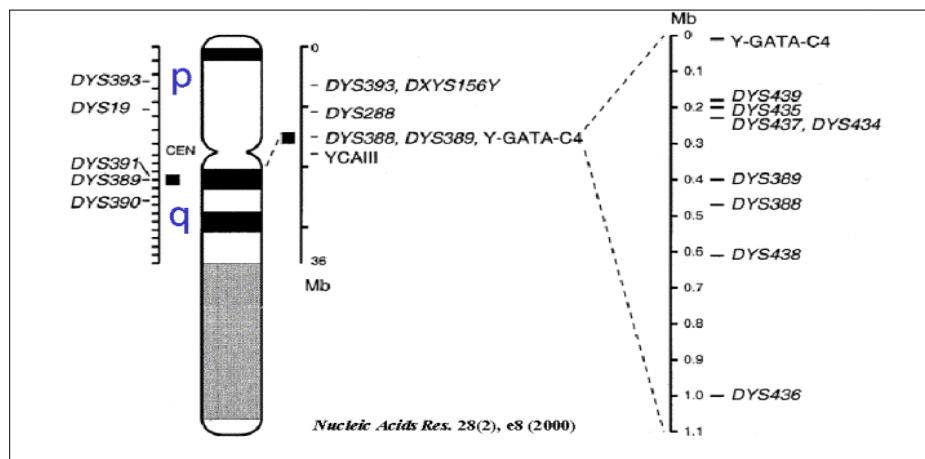


Fig. 1.5: Mapa de los marcadores STR del Cromosoma Y (modificado de Ayub et al., 2000).

Varios laboratorios de Europa constituyeron el grupo EDNAP (European DNA profiling group) que ha acordado en sistematizar el estudio de la variabilidad de los marcadores Y-STR que incluye un conjunto de 9 loci denominado “haplotipo mínimo”, y un haplotipo extendido que agrega cada vez más marcadores al conjunto mínimo. Los datos colectados a nivel mundial están siendo almacenados en la base de datos internacional <http://www.yhrd.org> (Roewer et al., 2001).

1-5.2.2.1 Distribución de los linajes paternos

La nomenclatura de los haplogrupos del cromosoma Y está representada en un árbol filogenético binario el cual se identifica como YCC2003 y se encuentra disponible como referencia en la página web del consorcio Cromosoma Y (<http://ycc.biosci.arizona.edu>). En este árbol filogenético, los haplogrupos principales que se identifican con letras mayúsculas de la A hasta la R.

Filogenéticamente, la rama más antigua del cromosoma Y correspondería al linaje A, surgido en África. De él deriva el linaje B, también africano. Posteriormente surgió el haplogrupo CT, que precedió a la gran migración fuera de África, y que diera origen a los haplogrupos no africanos, y también a otros africanos. Del haplogrupo CT derivaron dos líneas, DE y CF. El grupo DE se fraccionó en el grupo D asiático y E africano, mientras que el clado CF divergió en Asia en el haplogrupo C y el superhaplogrupo F. Los descendientes del haplogrupo C se dispersaron ampliamente desde Oceanía a Siberia, llegando al continente americano (Ke et al., 2001, Underhill et al., 2001). Por su parte, el haplogrupo F dio origen a los restantes grupos G a T. Los haplogrupos G, I y J se dispersaron por Europa,

mientras que el haplogrupo H se expandió en India (Kivisild et al., 2003). La población portadora del haplogrupo K originado en el sudoeste de Asia, se dispersó ampliamente hacia Eurasia, Oceanía y América, dando los haplogrupos K, L, M, NO, P, S y T. De ellos, NO se difundió por el norte y el este de Eurasia, originando los haplogrupos N y O. Paralelamente, la rama del haplogrupo P derivó por un lado en el haplogrupo R, muy frecuente en Europa (R1a en el este y R1b en el oeste, y por otro en el haplogrupo Q, que desde el Asia central llegaría hasta América. De allí que los principales haplogrupos fundadores en el continente americano sean C y Q aunque éste último presenta mayor frecuencia. Junto con el haplogrupo R representan el 96% de los linajes americanos. Hoy el haplogrupo Q se puede hallar en poblaciones asiáticas, siberianas y americanas, siendo su variante Q1a2a1a1 (M3) exclusiva del continente americano y la más frecuente entre los nativos americanos (Jobling & Tyler-Smith, 2003) El haplogrupo Q1a2a1a1(M3) es el más frecuente en Sudamérica, mientras que el linaje Q1a3* alcanza sus mayores frecuencias en el borde noroeste de Sudamérica (Bailliet et al., 2009). La distribución por migración de los linajes paternos se observa en la Fig. 1.6.

Posteriormente a los procesos migratorios productos de la colonización y la trata, la diversidad haplotípica del cromosoma Y en América se incorporaron otros haplogrupos como E3a de origen africano o DE de origen africano o europeo, entre otros. Aunque hubo cierta discusión al respecto, se acepta que R1 ingresó a América post-descubrimiento (Schurr, 2004). La proporción de los haplogrupos del cromosoma Y varía considerablemente entre las poblaciones estudiadas, indicando Zegura et al. (2004) que la proporción de haplotipos no nativos es del 17% a lo largo del continente americano.

Como consecuencia de la elevada especificidad poblacional de los haplotipos del cromosoma Y puede realizarse una estimación del origen étnico-geográfico de una muestra, aunque esta aproximación debe realizarse con cautela. Por ejemplo el haplotipo E1b1b es muy frecuente en África, aunque también se encuentra en menor frecuencia en el sur de Europa por haberse expandido alrededor del Mediterráneo, desde el noreste africano u Oriente medio (Baeta Bafalluy, 2012).

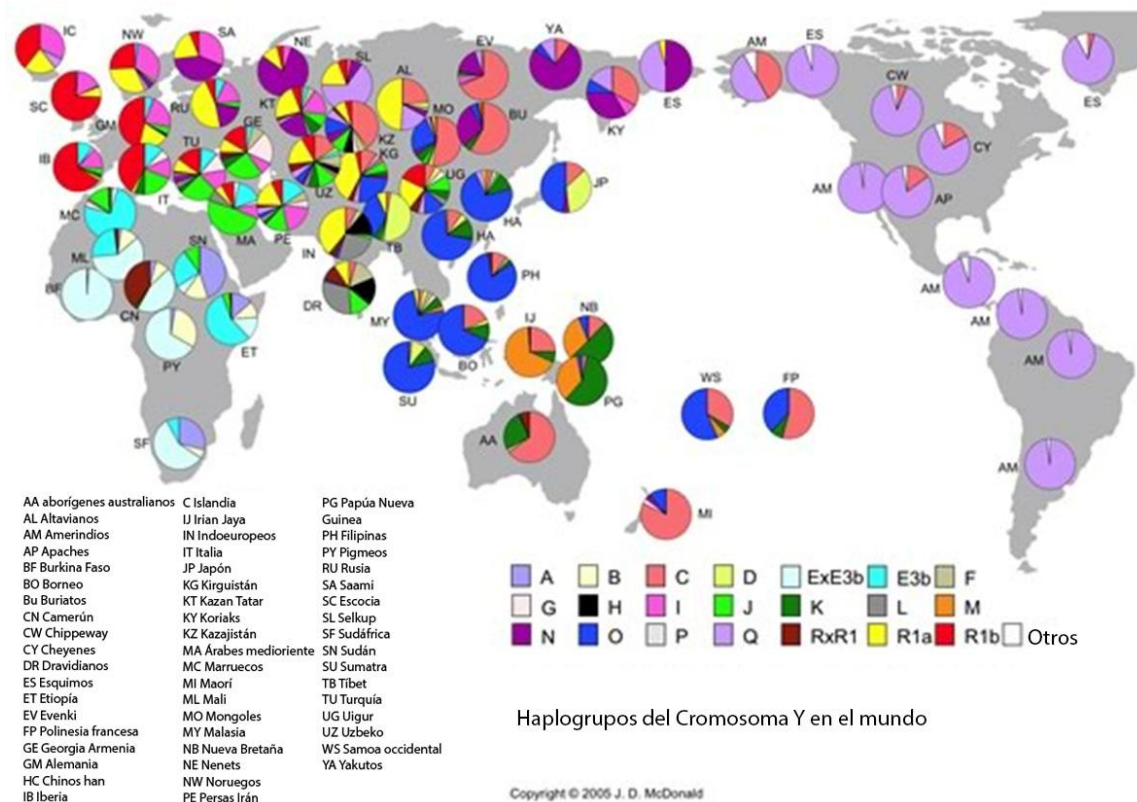


Fig. I.6: Distribución por migración de los haplogrupos del cromosoma Y. Modificado de J.D. McDonald, 2006.

I-6 Estudios antropológicos en poblaciones afrolatinoamericanas

Se presentarán las características generales de los marcadores moleculares utilizados en este estudio, relevando los antecedentes bibliográficos que los utilizan para describir a las poblaciones afrosudamericanas en general, y las poblaciones bolivianas en particular, nativas y mestizas.

Debe considerarse que en las estimaciones de ancestría intervienen varios factores que condicionan el resultado, como tamaño muestral, representatividad del lugar de recolección, métodos de cálculo y cantidad de marcadores utilizados, los cuales difieren en los diversos estudios, por lo que presentan dificultades para su comparación. En las líneas que siguen resultan más confiables los datos obtenidos en aquellos trabajos donde se han recolectado muestras de un gran número de personas, considerado posibles sesgos muestrales y determinado gran cantidad de marcadores.

I-6.1 Marcadores genéticos biparentales

El estudio de los STRs autosómicos en América ha sido exhaustivo, tanto a escala regional como continental (Demarchi, 2009). La mayor parte de ellos se centra en objetivos descriptivos, construyendo bases de datos que resultan de aplicación en genética forense y estudios de filiación. Así, se encuentran descritas distintas poblaciones cosmopolitas de Sudamérica: brasileñas (Grattapaglia, 2001), venezolanas (Bernal et al., 2006), chilenas (Roby et al., 2009), colombianas (Hincapié López, 2009) y uruguayas (Velásquez, 2013).

En Argentina se han realizado diferentes estudios que comprenden diferentes regiones geográficas.

En la región del noroeste Alfaro et al. (2005), utilizando técnicas serológicas para el sistema HLA, determinó que el aporte autóctono alcanza el 40%, con un aporte africano del 10%, en las poblaciones de Jujuy, Salta, Tucumán, Santiago del Estero, Catamarca y La Rioja. Acá debe considerarse la apreciación ya señalada acerca de la cantidad de marcadores utilizados. Wang et al (2008) empleó parte de la misma muestra, pero analizando 678 AIMs, siendo el aporte subsahariano similar en Salta, pero reduciéndose aproximadamente a la mitad en Catamarca y Tucumán (Di Fabio, 2016). Gómez Pérez et al. (2011), a partir del análisis de 8 sistemas ALUs en 5 regiones de la provincia de Jujuy, observaron una gran variación en la ancestría subsahariana, que va desde el 0% en La Puna, pasando por el 6,5% en la selva hasta alcanzar un 12,5% en la zona de Quebrada Baja. En Córdoba y Tucumán, García et al. (2015) analizaron 10 AIMs en muestras de 15 centros urbanos, encontrando un rango de aporte subsahariano que va del 0% en Río Cuarto al 4,9% en San Francisco del Chañar.

Para la región central, en Buenos Aires se determinaron 12 AIMs (marcadores de ancestría) registrándose una mezcla génica con africanos del 2.2% (Fejerman et al., 2005), siendo éste el primer trabajo dirigido específicamente a detectar el aporte africano en Argentina.

En el trabajo de Avena et al. (2012) se analizó la ancestría individual empleando 99 AIMs, para abordar la posible diferencia regional. Se observó que el aporte autóctono es más alto en la Patagonia y especialmente en el NOA, mientras que

no hay diferencias significativas en cuanto al componente africano, el cual está representado en las distintas regiones en un rango del 2% al 5%. La gran mayoría de los individuos estudiados tenían aportes de dos o tres de las parentales, pero mientras había individuos con valores muy elevados de ancestría europea o amerindia (incluso algunos pocos que presentan el 100% de alguna de ellas), ningún individuo superaba el 35% de ancestría africana, aunque una de cada siete personas poseía un aporte detectable de ancestría subsahariana.

Wang et al. (2007) realizaron una recopilación de los datos genéticos en base a marcadores autosómicos en diferentes poblaciones nativas americanas. Estudiando 530 individuos pertenecientes a 29 poblaciones nativas de América del Norte, Central y Sur, en comparación con otras poblaciones del mundo, hallaron que las poblaciones nativas presentan una menor diversidad genética que las poblaciones de otros continentes, medida por la heterocigosis y por el número de alelos por locus. Además, se observa una declinación norte-sur en la diversidad genética. La heterocigosis se ve reducida en poblaciones del Este sudamericano, con un menor número de alelos distintos por locus en comparación con poblaciones del Oeste.

Estos datos están en coincidencia con un origen africano del hombre, con sucesivas migraciones que involucraron sólo a un subgrupo de la variación genética de la población de origen, y con el Estrecho de Bering como único punto de entrada al continente. De allí, se dio una migración temprana costera norte-sur por el Pacífico, y otra por el Atlántico, lo que concuerda con la diferenciación en subpoblaciones para Sudamérica. Además, las poblaciones nativas muestran un mestizaje reciente con africanos y europeos.

Wang et al., (2008) estudiaron 13 poblaciones mestizas en 7 países latinoamericanos, utilizando un número muy importante de marcadores microsatélites autosómicos. El estudio abarcó poblaciones variadas desde México al cono sur, focalizando en las regiones donde durante la época colonial existió evidente interacción entre europeos y nativos americanos. Estos autores hallaron una amplia variación en la ancestría nativa americana, que muestra un rango del 70% en Salta al 20% en Rio Grande do Sul, el valle central de Costa Rica o Medellín, acompañada de ancestría africana generalmente minoritaria. La ancestría africana

ronda el 5% en todas las poblaciones analizadas, aunque es mayor en Medellín en Colombia, Rio Grande do Sul en Brasil y Oriente en Guatemala (10%), en relativa proximidad a las áreas caribeñas y del sur de Brasil con un historial asociado a la trata de esclavos.

También se observa una variación en el componente nativo americano, coincidente con la estructura genética de las poblaciones americanas precolombinas. Estos datos se encuentran en coincidencia con los datos históricos, pudiendo relacionar la mayor ancestría nativa en regiones donde históricamente se desarrollaron las grandes poblaciones nativas, como en la región andina y Mesoamérica, mientras que la mayor incidencia europea se halló en las regiones en donde la densidad de nativos americanos precolombinos fue menor.

En el Brasil, Callegari-Jacques et al. (2003), estudiaron 12 marcadores STRs analizando diversas regiones, hallando un incremento de la contribución europea de Norte a Sur, del 68 al 82%. La contribución africana es mayor en el centro-oeste y sudeste, elevándose hasta el 20%, y mostrando el valor menor del 11% en la región sur. Los valores extremos para los nativos americanos se ubican en el Sur y Sudeste (7-8%) y el Norte (18%). Resultados obtenidos por Godinho (2008, citado por Carvalho Gontijo, 2008) utilizando 4 marcadores STRs muestran que la contribución genética en Brasil en general se estima en el 66% para los europeos, el 25% para los africanos y el 9% restante para nativos americanos.

Pena et al. (2011), utilizando un panel de 40 InDels pequeñas, observan una gran diversidad entre y dentro de diferentes regiones del Brasil, aunque la autoadscripción a categorías de color no se corresponde con los hallazgos de ancestría. Para evitar este sesgo autoperceptivo, realizan un cálculo de ancestría total considerando tanto la información ancestral como la censal, lo que arroja una mayor homogeneidad, con una ancestría europea que oscila entre el 60% en el noreste al 78% en la región sur.

En un estudio realizado en Ecuador, González Andrade (2006) estudió una muestra de mestizos, nativos, y afroecuatorianos, utilizando marcadores STRs autosómicos. Según estos marcadores, la población mestiza contiene un 73% de componente nativo americano, un 19% de europeo y un 8% africano. La población

afroecuatoriana muestra un 57% de componente africano, un 28% de europeo, elevándose al 15% el componente nativo.

En Bolivia, Callisaya Yujra (2007) estudió 9 marcadores STR en una muestra de 30 individuos mestizos de las localidades de La Paz, Oruro y Potosí, con el objeto de dar inicio a una base de datos de utilidad forense. Cifuentes et al. (2008) caracterizaron una muestra de individuos mestizos procedentes de La Paz y Santa Cruz de la Sierra para 12 STRs autosómicos, sin hallar diferencias significativas entre ambas localidades. En 2009, Rocabado et al., analizaron 15 STRs autosómicos en una muestra de población aymara y mestiza de la ciudad de La Paz, hallándola diferente a varias poblaciones latinoamericanas pero similar a una muestra de origen peruano.

No hemos hallado antecedentes de estudios para marcadores autosómicos STRs en la población afroboliviana, aunque existe un estudio de Galanter et al. (2012) desarrollaron un panel de 446 AIMS distribuidos a todo lo amplio del genoma y optimizados para la estimación de las proporciones de mestizaje en Latinoamérica.

I-6.2 Marcadores genéticos uniparentales

I-6.2.1 ADN mitocondrial

Estudios de Carvalho et al. (2008) en 5 poblaciones afrodescendientes de la región amazónica del Brasil, mostraron que llamativamente el 50% de los linajes maternos eran de origen amerindio, de los cuatro haplogrupos principales (A-D), y la mitad restante mostró pertenecer a linajes maternos africanos, hallándose los haplogrupos africanos L0, L1, L2 y L3 en diferentes frecuencias.

Estudios realizados en Colombia, refieren que en las comunidades afrodescendientes, los linajes de origen africano alcanzan una frecuencia del 79%, mientras que del restante porcentaje, la frecuencia mayoritaria pertenece a los haplogrupos A y B (8% y 9.9%) (Keyeux et al., 2000). Coincidentemente con estas cifras, Salas et al. (2008a) hallaron que el ADNmt de las poblaciones afrocolombiana y mulata de la región sur del valle del Cauca (Colombia), presentan predominancia de linajes africanos, en un 73% y 81%, respectivamente.

En un estudio sobre el ADNmt mediante RFLP que abarca cuatro poblaciones del noroccidental de Venezuela, diferentes en su origen histórico-demográfico, Castro de Guerra et al. (2009) hallaron un predominio de linajes femeninos nativos (A, B, C, D) independientemente del origen de la población, y la casi inexistencia de los europeos (H, I, J, K, T, U, V). Los haplogrupos africanos hallados (L, L3d y L3e) tienen mayor frecuencia en las dos poblaciones que están ubicadas en la zona de población africana, con una frecuencia del 21 y el 24%.

Para los mestizos afroecuatorianos, se hallaron haplotipos mitocondriales de origen nativo en exclusividad (A: 33%, B;33%, C:10%; D: 24%), sin presencia africana o europea (Baeta Bafalluy, 2012).

Sans et al., (2006, 2011) muestran que los linajes maternos determinados por el estudio del ADN mitocondrial en Uruguay varían entre el 4 y el 8% en todo el país, alcanzando cifras de entre 17 y 21% en el nordeste uruguayo, proporción menor al porcentaje de linajes de origen amerindio que promedia el 31%.

Trabajos realizados por integrantes de nuestro grupo de investigación analizando poblaciones argentinas, indican la presencia de un 1 a un 8% de linajes maternos de origen africano (Di Fabio Rocca y Raggio, 2014).

En cuanto a Bolivia, Afonso Costa et al. (2010) han caracterizado la población cosmopolita de La Paz, que exhibe una distribución de haplogrupos de un 96% para los haplogrupos A, B, C o D característicos de las poblaciones sudamericanas, y un 4% a linajes del oeste Eurasiático y del este Asiático.

Gayà-Vidal et al. (2011) estudiando dos poblaciones geográfica y lingüísticamente bien diferenciadas (hablantes aymara de la región del lago Titicaca y hablantes quechua del norte del departamento Potosí), hallaron que el 81% de los Aymaras y el 61% de los Quechuas presenta el haplogrupo mitocondrial B2. Más específicamente, A2 y C1 se presentaron en frecuencias menores del 10% para los Aymaras y 20% para los Quechuas, y en ambos casos el haplogrupo D1 presenta las frecuencias más bajas.

I-6.2.2 Cromosoma Y

Una característica de las poblaciones americanas es la asimetría por sexo, que da cuenta de cruzamientos diferenciales, con predominio de varón europeo con mujer nativa, seguido por hombre africano con mujer autóctona. Así, se observa en los estudios de ADNmt y cromosoma Y un predominio de linajes paternos europeos y linajes maternos nativos americanos.

Domingues et al. (2007), estudiando 12 Y-STRs y 17 Y-STRs en una población de afrodescendientes en Rio de Janeiro hallaron gran heterogeneidad: los autores encontraron diferencias significativas tanto con la población general de Rio de Janeiro, como con muestras de origen europeo y africano de Portugal, o de los actuales países africanos de Mozambique, Angola y Guinea Ecuatorial, y una gran influencia europea.

Mediante 5 marcadores Y-STRs también fue estudiada la población mulata de Ribeirão Preto, estado de São Paulo, en el sudeste de Brasil, considerando blancos (120) y mulatos (50). Para la población blanca se halló que el mestizaje reúne un 89% de antecesores europeos, un 5% de amerindios y un 6% de africanos, mientras que llamativamente, la población mulata está conformada por un 93% de ascendencia europea y 7% de origen africano (Brandão Ferreira et al., 2006).

Cuando se analizan los STRs del cromosoma Y en poblaciones ecuatorianas, González Andrade demuestra que la influencia europea se eleva con respecto a los marcadores STR autosómicos, registrándose un 70% de linajes europeos, 2% de africanos y un 28% de nativos en la población mestiza, mientras que en la muestra afroecuatoriana se observa un 44% de linajes africanos, 31% de europeos y 15% de nativos.

Baeta Bafalluy (2012) determinó en poblaciones afroecuatorianas que, entre los linajes paternos se encuentra un 50% de origen euroasiático, un 36% nativo americano y un 11% de origen africano. Dentro de los linajes europeos, R1b está representado en un 25%, y dentro de los linajes africanos, E1b1b1 se encontró en una frecuencia del 7%, mientras que el 4% restante es E1b1a.

Díaz Sarmiento (2010) realizó un estudio sobre marcadores 17 Y-STR en una muestra de 406 varones individuos residentes en dos localidades de Colombia, Bogotá y Santander, en las que evidenció una estrecha relación con poblaciones de origen europeo.

En Argentina los linajes paternos africanos han sido poco estudiados. Parolín et al. (2012) determinaron un 1,2% en Buenos Aires; Corach et al. (2010) encontraron un 0,9% en el total de muestras del país (con un 1,7% para el NEA, un 0,5% para la región Centro y 1,5% para el Sur). Salas et al., (2008b) documentan un porcentaje menor al 1% de linajes africanos entre los linajes paternos en una muestra en la provincia de Córdoba, mientras que Altuna et al. (2009) describen un porcentaje mayor (5%) en una localidad jujeña asociada a una plantación de caña de azúcar, La esperanza. Ramallo et al. (2009) también documentan linajes de origen africano en el norte argentino. Dicha ancestría no fue encontrada en otros trabajos donde se buscaron linajes paternos subsaharianos: Beltramo et al. (2011) en Gualeguaychú (Entre Ríos), Pauro et al., (2013) en Villa Atamisqui y Sumampa (Santiago del Estero) y Motti et al. (2013), en Belén y Santa María (Catamarca).

En el Uruguay, la distribución de linajes paternos muestra un 1% de componente africano en la población general, mientras que cuando se analizan poblaciones afrodescendientes como en la localidad de Melo, el aporte africano por línea paterna asciende al 30% (Sans et al., 2002).

Los linajes paternos de la población boliviana se estudiaron a través de una muestra obtenida en las ciudades de La Paz y Chuquisaca, observándose un 61% de linajes de origen nativo y un 39% europeos, con mayor predominancia europea en Chuquisaca respecto de La Paz (Vullo et al., 2015).

En las poblaciones andinas Quechua y Aymara estudiadas por Gayà-Vidal et al. (2011) se observa la presencia de haplogrupos nativos americanos, en el 96.6% y 78.2% respectivamente (Linajes Q1a2a1b y Q1a2a1a1). De los haplogrupos nativos americanos, los Quechuas presentan Q1a2a1a1 en el 100% de los casos, y los aymaras muestran un 89% de Q1a2a1a1 y 11% de Q1a2a1b. Los restantes individuos se asignaron al haplogrupo R1b, el más frecuente en Europa occidental.

CAPITULO II: HIPÓTESIS A SOSTENER Y OBJETIVOS

Las poblaciones latinoamericanas se caracterizan por presentar proporciones variables de ascendencia europea, amerindia y africana. Existen importantes diferencias regionales, dadas en primer lugar por las cantidades relativas de cada componente y luego por la intensidad y dirección del proceso de miscegenación ocurrido.

El ingreso de africanos esclavizados fue muy importante durante la época colonial. Diversos factores (la violencia, la explotación, las epidemias) contribuyeron a la marcada disminución de la población indígena y la consiguiente introducción forzosa de mano de obra desde el África subsahariana.

Si bien esta introducción fue mucho mayor en lugares como Brasil y el Caribe, en lo que se desarrollaba la economía de plantación de cultivos como café, tabaco, caña de azúcar, cacao y algodón, existiendo allí una necesidad de mano de obra intensiva, también se hizo sentir en muchas otras regiones, como en Bolivia.

Por consiguiente, resulta de interés el estudio de comunidades afrodescendientes de la región de Nor-Yungas (Bolivia), donde existen crecientes movimientos reivindicatorios de su historia local. Es claro que no es el dato genético lo que “otorga identidad”, pero éste puede resignificarse culturalmente, y la devolución de los datos a las personas participantes se constituye en un importante aporte en ese sentido, especialmente cuando es solicitado por las comunidades.

Por esa razón, este estudio se centra en la caracterización antropogenética de las comunidades afrodescendientes de Nor Yungas, por lo que se constituye en el primer estudio que se realiza con este enfoque en las comunidades afrodescendientes de Bolivia.

Los datos genéticos, contextualizados con los principales acontecimientos histórico-demográficos ocurridos en las comunidades afrodescendientes estudiadas, generarán un cuerpo de conocimiento bio-antropo-socio-cultural de relevancia, que contribuirá al caudal de información con que cuentan las comunidades para la tarea de reconstrucción de las raíces que están desarrollando en procura de visibilización y reconocimiento.

Sostenemos como hipótesis que **la población afroyungueña es una población de origen étnico mixto, con una ancestría genética predominantemente africana, y aportes minoritarios de origen nativo americano y europeo, diferenciales por género, siguiendo el modelo de cruzamiento diferencial.**

En este marco, el **objetivo general** de este trabajo de tesis consiste en analizar, a partir de los datos genéticos, genealógicos, demográficos e históricos, las características de la población afrodescendiente de la región de Nor Yungas, Bolivia, en particular de las comunidades de Tocaña, Chijchipa, San Joaquín y Mururata, que son las que registran la mayor proporción de habitantes con este origen.

Objetivos Específicos

- I. Tipificar marcadores genéticos biparentales (STRs autosómicos) y marcadores de herencia uniparental (ADN mitocondrial y STRs del cromosoma Y) en una muestra poblacional de localidades de la región de Nor Yungas, Bolivia.
- II. Estimar los aportes africanos y no africanos en el acervo genético de las poblaciones.
- III. Contrastar los datos genéticos con la información genealógica, demográfica e histórica disponible, a fin de analizar los movimientos migratorios y los contactos interétnicos establecidos en las poblaciones estudiadas.
- IV. Comparar los resultados obtenidos respecto de los registrados en otras poblaciones de Bolivia, Sudamérica y África.
- V. Transferir la información obtenida a las familias y comunidades que forman parte de la investigación guardando la confidencialidad individual, y procurando la comprensión de los resultados genéticos por parte de las personas participantes.

CAPITULO III: MATERIALES Y MÉTODOS

III-1 Poblaciones estudiadas

Las comunidades estudiadas son Tocaña, Chijchipa, San Joaquín y Mururata (Fig. III.1). La comunidad de Tocaña se ubica a $16^{\circ} 08' 00''$ de Latitud Sur y $67^{\circ} 46' 00''$ de Longitud Oeste.

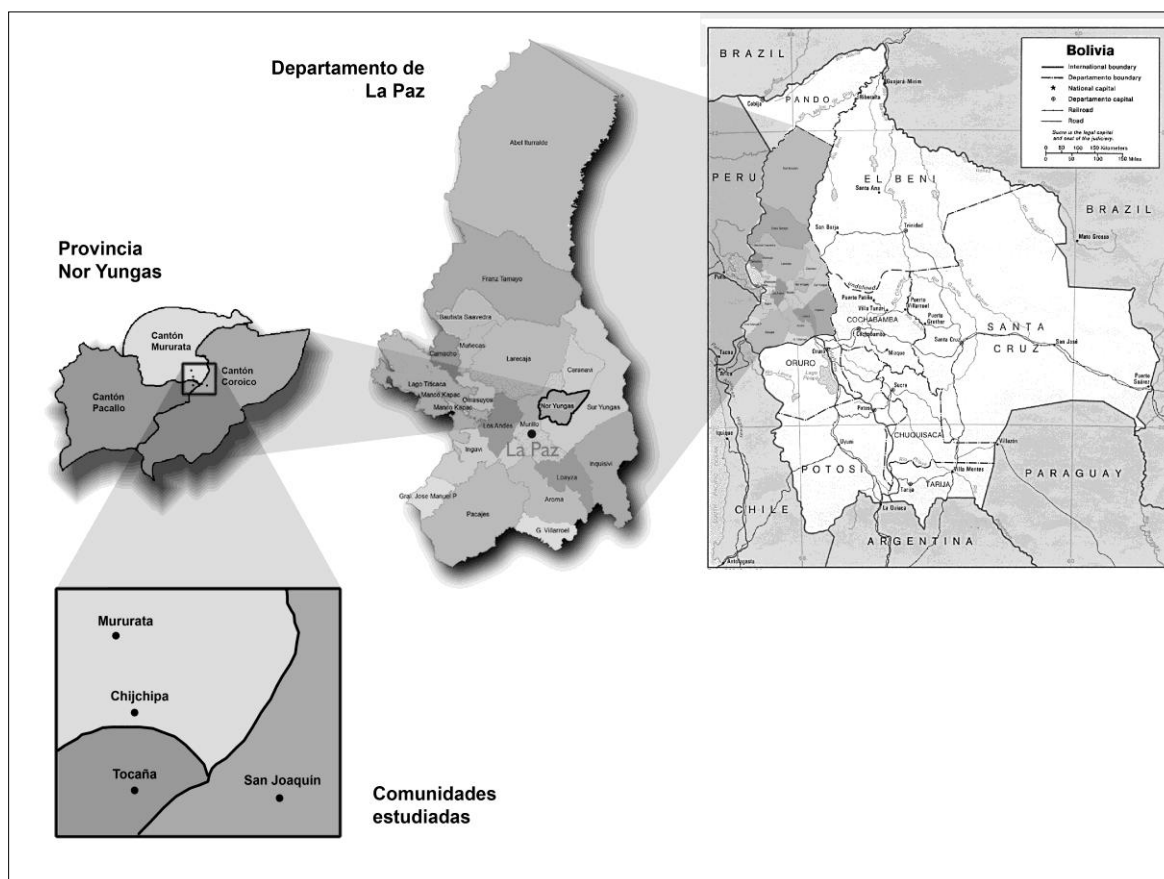


Fig.III.1: Mapa de Bolivia mostrando la localización de la provincia de Nor Yungas en el Departamento de La Paz ($16^{\circ}10'S$, $67^{\circ}40'W$). Detalle ampliado de la zona.

Según los datos censales de 2001, la población más pequeña es San Joaquín, con 57 personas, el número total de pobladores de la comunidad Chijchipa-Yarisa es de 132 y la población de Mururata asciende a 236 personas. Para este censo, la cantidad de pobladores de Tocaña era de 171 personas. En ocasión de este trabajo, se contabilizaron 121 individuos mayores de 21 años, y un total de 192, comprendiendo 94 mujeres y 98 varones.¹⁰

¹⁰ La fuente de este número poblacional es un trabajo realizado por la Dra. Consuelo Shirley Carvajal Quispe que ha sido temporalmente la médica a cargo del Centro de Salud de Tocaña.

Son comunidades pequeñas, habitadas por entre 5 y 23 familias afrodescendientes. Las poblaciones estudiadas distan de Coroico, el centro administrativo más cercano, entre 10 y 20 km. Las comunidades no cuentan con servicio público de transporte, lo que sumado a las dificultades de transitabilidad de los caminos de montaña, las hace de difícil acceso.

En todas las comunidades hay luz eléctrica en las casas y en el camino carretero. Para la provisión de agua, cada familia cuenta con una *pila*, canilla que acerca agua de consumo de una fuente natural cercana. Hay en cada comunidad una escuela y una iglesia, sin párroco de residencia permanente.

Políticamente, todas se encuentran organizadas en una estructura que los vecinos asimilan a la de un sindicato, que cuenta como dirigentes a un representante o delegado con el cargo de Secretario General, y a un Secretario de Relación, durante períodos de mandato de uno o dos años. Cada comunidad se reúne en asambleas de periodicidad mensual, participando cada familia del debate de los temas de interés a través del pedido de la palabra y tomando decisiones mediante la votación a mano alzada.

Usualmente, cada familia reside en una casa conformada por varias construcciones de una sola planta, de ladrillos o de adobe, y techo de chapas o tejas de tipo colonial. La construcción principal, en la que se ubica el o los dormitorios generalmente dispone al frente de una galería cubierta, donde se encuentra la mesa familiar. La cocina y el baño son habitaciones separadas, en los alrededores cercanos de la construcción principal.

Muchas casas cuentan con un “cachi”, construcción ancestral que asemeja un patio con piso de piedra laja, utilizado para el secado de las hojas de coca. La ausencia de cachi se reemplaza por los denominados “cachi portátiles” de arpillera plástica (Fig. III.2).

Las familias se dedican en su mayoría al trabajo rural, el que en algunos casos se acompaña de cierta actividad comercial, como la atención de un pequeño comercio o el alquiler de habitaciones para el turismo.



Fig. III.2: Cachi y cachi “portátil” para el secado de la hoja de coca. Fotografías de la autora.

Las actividades de la jornada comienzan alrededor de la hora 6, con tareas domésticas, y a las 8 con las tareas agrícolas: preparación del terreno, desmalezado o cosecha, de las fracciones de terreno cultivados de coca en forma de terrazas que reciben el nombre de *cocales* (Fig. III.3). Usualmente el trabajo es comunitario: varias familias trabajan en el predio de una de ellas o en cocales de usufructo comunitario, cambiando todos de predio según sea necesario. El regreso del campo ocurre alrededor de las 18.30, hora en que se retoman las tareas domésticas. La dinámica de las actividades relatada se repite de lunes a domingo.



Fig. III.3: Cocal en terraza. Fotografía de la autora.

La alimentación se basa en vegetales frescos y crudos, cereales cocidos, proteínas animales (carne de ave, cerdo, vaca, pescado en conserva y huevos) en porciones bien balanceadas y abundantes.

Siguiendo a Pasciaroni et al. (2010), las comunidades estudiadas pueden considerarse como localidades rurales. Según las consideraciones de Marcos (2010), las comunidades de Tocaña, Chijchipa y San Joaquín se pueden clasificar como población rural aglomerada, mientras que la de Mururata sería una aglomeración.

En la comunidad de Tocaña, las casas de familia se distribuyen a la vera de un camino serpenteante de mano única, distando unos 100 o 150 metros entre sí (Fig. III.4).

Chijchipa está concentrada en derredor de un playón deportivo central, a la que también rodean el centro cultural, la iglesia y la escuela (Fig. III.4). Administrativamente se encuentra integrada a la comunidad de Yariza, donde hay una fuerte identidad aymara y de mayor población y tamaño.

San Joaquín es la comunidad que se encuentra más cercana a la ruta La Paz-Coripata, ubicándose algunas casas familiares directamente a la vera de la misma y otras sobre la ladera de los montes circundantes (Fig. III.4).

Mururata es un poblado mixto, con familias afrodescendientes y aymaras, en el que se observa una disposición con plaza central con glorieta e iglesia al frente. La escuela dista dos cuadras de este centro cívico. Las casas son construcciones colindantes unas con otras, formando manzanas abroqueladas y unidas (Fig. III.4).

Las escuelas de Tocaña, Chijchipa y San Joaquín son de nivel primario básico (6 a 9 años) a cargo de un único maestro no afrodescendiente que vive en las dependencias del local de la escuela. Mururata posee una escuela de mayor envergadura, denominada Unidad Educativa Franz Tamayo, de escolaridad primaria completa (se observa en la Figura III.4, al final de la calle).



Fig. III.4: Características de las localidades estudiadas. Fotografías de la autora.

Tocaña y Chijchipa cuentan con un centro cultural para la práctica de encuentros políticos o culturales comunitarios (Fig. III.5). La comunidad de Tocaña cuenta con un puesto de salud sin profesional permanente (Fig. III.6), y en Mururata y Chijchipa hay una promotora de salud que está en comunicación frecuente con el Hospital de Coroico, donde sucede la atención sanitaria de los pobladores de todas las comunidades.



Fig. III.5: Centro cultural de Tocaña y tambores o cuanchas a resguardo en un salón del centro cultural de Chijchipa. Fotografías de la autora.



Fig. III.6: Puesto de salud de Tocaña. Fotografía de la autora.

Tanto de la construcción del puesto de salud y los centros culturales, como de las refacciones de los locales escolares han participado la ONG USAID, con sede en los Estados Unidos, la organización católica Cáritas de Bolivia, o la Unión Europea a través de subsidios. Se encuentra iniciada pero detenida la construcción comunitaria de albergues para uso de turismo en Tocaña, con igual apoyo.

III-2 Protagonistas del estudio

El relato de algunas características observables en los vecinos de los pobladores de las localidades estudiadas, junto a varias imágenes, podrán ser de utilidad como descriptores.

Las señoras mayores visten a la usanza de las mujeres de los pueblos nativos americanos Aymara y/o Quechua, y peinan su cabello rizado, al que denominan *chiri*, sujetándolo en dos trenzas. Las más jóvenes ya no usan tales vestidos típicos y suelen peinar su cabello con muchas trenzas pequeñas adornados con cuentas o lanas de colores, llamando “zambado” a este tipo de peinado (Fig. III.7).



Fig. III.7: Pobladores luciendo vestimenta y peinados usuales, que difieren según la edad. Fotografías de la autora.

Casi todos los pobladores afrodescendientes practican expresiones de la danza y la música a las que asignan origen africano: la *saya* y la *morenada*, ataviados con trajes confeccionados en tela blanca bordada a mano y sombreros adornados con cintas rojas (Noss, 2001) (Fig. III.8).

En general se relacionan a través de un trato cordial, y son expresivos en la comunicación oral. Los vecinos afrodescendientes y no afrodescendientes de las comunidades estudiadas parecen estar relativamente integrados, sin observarse dificultades en el uso de los espacios comunes. Se registran algunos casos de matrimonios interétnicos.



Fig. III.8: Danza típica de la saya. Fotografía tomada de página web de Jorge Medina, primer diputado afroboliviano.

Los dos ancianos más longevos son Doña Angélica Pinedo Pedrero, partera y curandera, de 90 años que aún se encarga de tareas variadas, y Don Manuel Barra Barra, a quien una afección visual le ha impedido trabajar desde hace unos 10 años. A ambos se les ha realizado una extensa entrevista.¹¹

Los afrodescendientes de la región de Nor Yungas se encuentran muy interesados en la reconstrucción de las raíces africanas de sus antepasados y se manifestaron en su mayoría bien dispuestos a la participación en el trabajo de investigación propuesto. No obstante, la inmensa mayoría de los vecinos, expresaron sus dudas y desconfianza acerca de la realización de una devolución de los resultados obtenidos luego de la finalización del trabajo. Refirieron con dolor que muchas veces han sido visitados con fines de estudio y que en ningún caso han sido informados de los resultados y conclusiones de los análisis realizados¹². Muchos condicionaron su participación en el estudio a la comprobación de que se entregaran los resultados a los primeros vecinos estudiados. Resulta esto una llamada de atención a la comunidad científica sobre el proceder ético y la responsabilidad profesional con la que se realiza el trabajo.

¹¹ A la finalización de este trabajo, ambos estaban fallecidos.

¹² Un vecino asegura que se ofreció, como devolución a la comunidad de los resultados de un trabajo de investigación en el que participaron, una copia del informe de una tesis en idioma inglés.

III-3 Obtención de las muestras biológicas

III-3.1 Viajes de campaña

El trabajo de campo concerniente a este estudio fue realizado en el período comprendido entre agosto de 2010 y febrero de 2013, durante el cual se realizaron 4 viajes de campaña, de extensión variable entre 6 y 15 días.

El primer viaje, de 6 días de duración, se realizó entre el 29 de julio y de 3 de agosto de 2010, ocasión en donde se llevó a cabo el contacto inicial directo con los pobladores de las comunidades de Tocaña y Chijchipa, para informar acerca del proyecto, sus alcances y limitaciones, y obtener un consentimiento informado comunitario para su realización.

El segundo viaje tuvo una duración de 12 días, entre el 11 y el 22 de marzo de 2011. A partir de este encuentro y en las siguientes ocasiones, se procedió a la toma de datos genealógicos y de las muestras biológicas a analizar, con consentimiento informado individual, en aquellas poblaciones que habían sido inicialmente contactadas en el primer viaje. Además, se estableció contacto con las comunidades de Mururata y San Joaquín.

El tercer encuentro con las comunidades duró 14 días, entre el 23 de febrero y el 8 de marzo de 2012, centrado fundamentalmente en la toma de muestras y en la devolución de resultados.

Finalmente, el último viaje fue realizado entre el 22 de enero y el 5 de febrero de 2013. En forma conjunta, los días de campaña totalizaron 47. La autora de la presente tesis cumplió la totalidad de los viajes de campaña, siendo acompañada en el segundo y tercer viaje por la Dra. María Laura Parolin, investigadora del equipo de trabajo.

III.3.2 Muestras biológicas y datos biodemográficos

Las muestras tomadas totalizaron 97, 47 varones y 50 mujeres, por cuatriplicado, en apropiadas condiciones de obtención y conservación, a través de un hisopado bucal. La distribución geográfica de las muestras obtenidas fue: 42 muestras procedentes de Tocaña, 16 de Chijchipa, 15 de Mururata y 24 de San Joaquín.

Cada participante firmó un consentimiento informado individual de su participación en la investigación, cuyo formato, aprobado por el Comité de ética de la Universidad Maimónides, Buenos Aires, se observa en el Anexo informativo B de esta tesis.

Para el análisis biodemográfico, datos colectados a partir del relevamiento de una encuesta individual y una familiar, permitieron conocer lugar de nacimiento, residencia actual e información genealógica de las dos generaciones precedentes. Las mismas se observan en los anexos informativos C y D respectivamente. Asimismo se entrevistaron en profundidad a los dos miembros más longevos de las poblaciones con igual objetivo genealógico. Con la información relevada en las entrevistas, se procedió a realizar la reconstrucción genealógica en sentido ascendente de todos los individuos relevados en la encuesta y de sus familias.

Para preservar la confidencialidad de los datos demográficos y de laboratorio, se codificó y anonimizó toda la información obtenida.

III-4 Devolución de resultados a las comunidades

Los resultados obtenidos en el presente estudio fueron entregados de forma individual y confidencial a cada participante y de forma general a las comunidades estudiadas, mediante diferentes estrategias de comunicación: documentos escritos, afiches y presentaciones en vídeo, dispuestos en un lenguaje sencillo y apropiado para su comprensión.

Las estrategias de afiche y vídeo se reservaron para los resultados generales, y se hizo entrega a cada participante en forma particular de un certificado escrito con su resultado individual, del cual se incluye un modelo en el material informativo adicional (Anexo informativo E).

III-5 Análisis biológico de las muestras

El procesamiento de las muestras biológicas para su caracterización genética se inició con la extracción de ADN, empleando el método de extracción orgánica con fenol-cloroformo y posterior precipitación etanólica. El ADN extraído y diluido apropiadamente luego fue tipificado para los diferentes marcadores genéticos. Los protocolos de laboratorio completos se observan en los anexos informativos F

de la presente tesis.

III-5.1 STRs autosómicos

Para el estudio de los marcadores autosómicos STRs, fue utilizado el kit de amplificación para PCR AmpF/STR® Identifiler (Applied Biosystems, Foster City, CA, USA) siguiendo las instrucciones del fabricante. Los marcadores genotificados utilizando este sistema son D8S1179, D21S11, D7S820, CSF1PO, D3S1358, TH01, D13S317, D16S539, D2S1338, D19S443, vWA, TPOX D18S51, D5S818 y FGA. En la tabla III.1 se detallan las características técnicas del sistema utilizado, donde se pueden observar los marcadores genéticos amplificados, sus nombres, sus ubicaciones en el genoma, y los alelos esperables o más frecuentes, que el sistema presenta en su escalera alélica, además de la marca fluorescente que permite identificarlo.

Tabla III.1: Marcadores autosómicos STRs caracterizados.

LOCUS	LOCALIZACION CROMOSÓMICA	REPETICIÓN	ALELOS INCLUIDOS EN LA ESCALERA ALÉLICA	MARCA
D8S1179	8	[TCTA] [TCTG]	9-19	6-FAM
D21S11	21q11.2-q21	[TCTA] [TTCC]	24, 24.2, 25-28, 28.2, 29, 29.2, 30, 30.2, 31, 31.2, 32, 32.2, 33, 33.2, 34, 34.2, 35, 35.2, 36-39	
D7S820	7q11.21-22	GATA	6-15	
CSF1PO	5q33.3-34	TAGA	6-15	
D3S1358	3p	[TCTG] [TCTA]	12-19	
TH01	11p15.5	TCAT	4-9, 9.3, 10, 11, 13.3	VIC
D13S317	13q22-31	TATC	9-15	
D16S539	16q24-qter	GATA	5, 9-15	
D2S1338	2q35-37.1	[TGCC] [TTCC]	15-29	
D19S433	19q12-13.1	AAGG	9-12, 12.2, 13, 13.2, 14, 14.2, 15, 15.2, 16, 16.2, 17, 17.2	
vWA	12p12-pter	[TCTG] [TCTA]	11-24	NED
TPOX	2p23-2pter	GAAT	6-13	
D19S51	19q21.3	AGAA	7, 9, 10, 10.2, 11-13, 13.2, 14, 14.2, 15-27	
Amelogenina	X: p22.1-22.3 Y: p11.2		X; Y	
D5S919	5q21-31	AGAT	7-16	
FGA	4q28	CTTT	17-26, 26.2, 27-30, 30.2, 31.2, 32.2, 33.2, 43.2, 44.2, 45.2, 46.2, 47.2, 49.2, 50.2, 51.2	PET

La información cruda se obtiene del equipo de secuenciación automática en esquemas que denominamos electroferogramas que sirven al operador para visualizar cuáles son los fragmentos que presenta una muestra para cada marcador. En la Fig. III.9 se observa el fragmento de un Electroferograma correspondiente a una muestra de perfil único, donde se identifican las variantes alélicas de distintos marcadores.

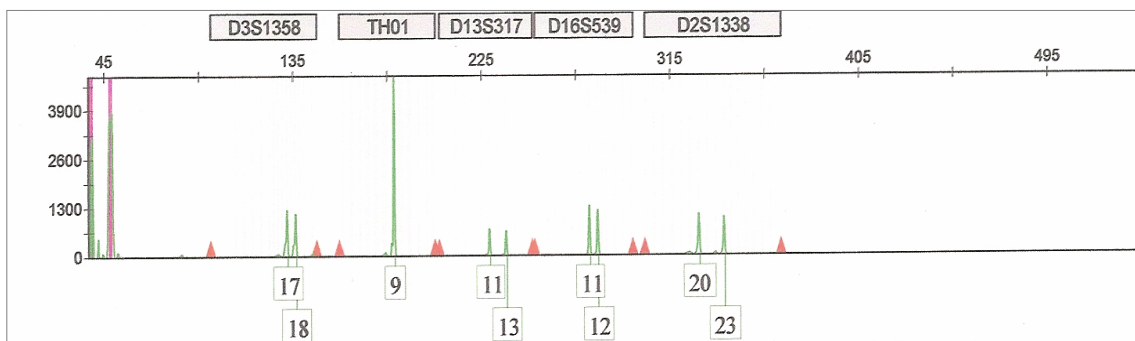


Fig. III.9: Fragmento de electroferograma.

Con el fin de analizar en forma comparativa la población en estudio con otras caracterizadas mediante marcadores autosómicos, se utilizaron datos bibliográficos de 18 poblaciones, utilizando 13 de los 15 marcadores STR, ya que los datos para los marcadores D2S1338 y D19S433 no están accesibles en todas las poblaciones recabadas. Esto es debido a la utilización de uno u otro de los kits comerciales que permiten la amplificación en multiplex de los marcadores estudiados, los que comparten 13 marcadores y difieren en 2. Las citas bibliográficas correspondientes a las poblaciones utilizadas en el análisis comparativo se detallan en el anexo informativo G de la presente tesis.

III-5.2 ADN mitocondrial

Para establecer las características de la herencia materna se estudiaron las secuencias nucleotídicas de la Región Control del ADN mitocondrial (ADNmt), utilizando los cebadores F15878 y R649 (Motti et al. 2009). Los fragmentos amplificados fueron secuenciados en sentido forward y reverse, utilizando el servicio de la empresa MacroGen inc. (Corea). Para la secuenciación se utilizaron diferentes cebadores para la lectura en ambos sentidos, tanto forward como reverse (Tabla III.2).

Tabla III.2: Secuencia de los cebadores utilizados para la amplificación de la región control mitocondrial.

NOMBRE	SECUENCIA 5' A 3'
F15878	AAATGGGCCTGTCCTTGTAG
R649	TTTGTTTATGGGGTGATGTGA
F16475	TAGCTAAAGTGAAGTGTATCC
R599	TTGAGGAGGTAAGCTACATA
F314	CCGCTTCTGGCCACAGCACT
R186	GCCTGTAATATTGAACGTAGGTG
R408	AAAAGATAAAATTTGAAATCT

Las secuencias de la región control del ADNmt fueron observadas con el software Sequence Scanner v. 1.0. La alineación y comparación de las secuencias se realizó con el software Sequencher v.5.0, y las mutaciones fueron nombradas de acuerdo a la secuencia de referencia rCRS (Andrews et al. 1999) y la base de datos Phylotree.

III-5.3 STRs del cromosoma Y

Para determinar la herencia paterna, se analizaron 17 marcadores Y-STRs de la región polimórfica del cromosoma Y en todos los individuos masculinos, siguiendo las indicaciones del fabricante (AmpFISTR Yfiler PCR amplification kit, User's Manual Applied Biosystem). La información correspondiente a cada marcador determinado se reúne en la tabla III.3.

Tabla III.3: Marcadores Y-STRs caracterizados.

LOCUS	REPETICIÓN	ALELOS INCLUIDOS EN LA ESCALERA ALELICA	MARCA
DYS456	AATA	13-18	
DYS389I	[TCTG]	10-15	6-FAM
DYS390	[TCTA][TCTG]	18-27	
DYS458	GAAA	14-20	
DYS19	AGAT	10-19	VIC
DYS385a/b	TCTA	7-25	
DYS393	AGAT	8-16	
DYS391	TCTA	7-13	NED
DYS439	AGAT	8-15	
DYS635	[TATC][TATG]	20-26	
DYS392	TAT	7-18	
Y GATA H4	TAGA	8-13	
DYS437	[TCTA][TCTG]	13-17	PET
DYS438	TTTTTC	8-13	
DYS448	AGAGAT	17-24	

Los productos de amplificación para la caracterización de los fragmentos STR autosómicos y del cromosoma Y fueron genotipificados con el analizador genético ABI Prism 3130 DNA Genetic Analyzer utilizando el software Gene-Mapper ID 3.2.1 (Applied Biosystems, Foster City, CA). Con la información obtenida y analizada se completan los perfiles genéticos de las muestras estudiadas. La calidad de los mismos fue garantizada a través de test de control de calidad de la Sociedad Internacional de Genética Forense (<http://www.isfg.org>) y la Sociedad Argentina de Genética Forense (<http://www.sagf.org.ar>). Las determinaciones se realizaron siguiendo las sugerencias y recomendaciones publicadas por Carracedo et al.

(2010) y Poetsch et al. (2012).

III-6 Análisis Estadísticos

En el análisis de los marcadores autosómicos STR, las frecuencias alélicas, la heterocigosidad, el test exacto para el equilibrio de Hardy-Weinberg y los test para diferenciación poblacional fueron realizados utilizando el programa Arlequin 3.5 (Excoffier et al, 2005). Los parámetros estadísticos forenses fueron calculados usando PowerStats versión 1.2 (Promega Corp.). Los mismos fueron: poder de discriminación (PD), probabilidad de exclusión (PE), índice de paternidad típico (TPI), contenido de información del polimorfismo (PIC) y probabilidad de coincidencia (MP). El PD determina la probabilidad de que un marcador o conjunto de marcadores sean capaces de diferenciar genéticamente a individuos no relacionados tomados al azar; la PE es la probabilidad de que un sistema genético dé evidencias que conducirán a la exclusión de un sospechoso o a descartar la supuesta paternidad, y es función directa del polimorfismo de un marcador; el TPI indica cuántas veces es más probable que un supuesto padre comparta material genético con un individuo tomado al azar; el PIC evalúa la informatividad de un marcador en una población de acuerdo al número de alelos y su frecuencia; y la MP es la probabilidad de que dos individuos tomados al azar tengan el mismo genotipo.

Se estimaron los índices básicos de heterocigosidad observada (H_o), heterocigosidad esperada (H_e) y número de alelos (A) y los gráficos de coordenadas principales usando GenAlEx 6 (Peakall & Smouse, 2006). Para cada sitio y locus se calculó el desequilibrio de ligamiento entre loci por medio de GENEPOP (Rousset, 2008). Se estimó por métodos Bayesianos el número más probable de poblaciones (K) utilizando STRUCTURE (Pritchard et al., 2000). El set de datos genotípicos utilizado para el análisis comparativo entre poblaciones se reconstruyó usando el entorno R (<http://www.r-project.org>) y el gráfico MDS (Multidimensional Scaling) se basó en la matriz de distancias Rst.

Para la asignación de los haplotipos de ADN mitocondrial a un haplogrupo particular se utilizaron las claves propuestas por Bandelt et al. (2003) y Tamm et al. (2007) para los motivos en la HVS-I, adicionalmente se utilizó la herramienta bioinformática Haplogrep (<http://haplogrep.uibk.ac.at/>) que permite la

estimación del haplogrupo del ADNmt más probable, basada en la comparación de una secuencia dada contra su base de datos conformada con secuencias de la región control obtenidas de muestras de diversas regiones del mundo (Lee et al. 2008).

Los resultados obtenidos a partir de la descripción de la región control del ADN mitocondrial, se analizaron en las categorías intra e interpoblacionales. Los análisis intrapoblacionales incluyeron el cálculo de la diversidad nucleotídica, diversidad haplotípica, número de loci segregantes, número promedio y distribución de las diferencias pareadas y la prueba de neutralidad selectiva de Tajima (Tajima, 1989). El análisis de estructura genética fue realizado a través de un análisis de varianza molecular (AMOVA, Excoffier et al. 1992), que tiene en consideración el número de mutaciones entre haplotipos. El modelo mutacional utilizado fue Kimura dos parámetros, el cual genera un porcentaje corregido de nucleótidos en los que dos haplotipos son diferentes y tiene en consideración tasas de sustitución diferentes para transiciones y transversiones. Se utilizó el valor de parámetro de forma $\alpha = 0,26$ (corrección Gamma) calculada por Meyer et al. (1999) para secuencias de la región control del ADNmt humano. Se ha establecido que tal distribución puede explicar el patrón de diversidad en la región control del ADNmt (Wakeley 1993; Yang 1996). Los softwares utilizados fueron DNAsp v5 (Librado & Rozas, 2009) y MEGA 5 (Tamura et al., 2011). Los análisis interpoblacionales incluyeron la estimación de haplotipos compartidos y cálculo de las distancias genéticas, utilizando Arlequin 3.5 (Excoffier & Lischer, 2010).

A partir de los marcadores Y-STR puede inferirse una asignación a haplogrupos definidos, mediante un método bayesiano ejecutado por el programa Haplogroup Predictor (Athey, 2006) y World Haplogroup (Schlecht et al., 2008).

Adicionalmente, para los marcadores uniparentales, se construyeron redes de haplotipos (Median-Joining Network Bandelt et al. 1999) con el software Network 4.5.1.6 (Fluxus Technology Ltd), las redes fueron construidas por haplogrupo. Para la construcción de las redes, las mutaciones que definen los haplogrupos fueron incluidas siempre, mientras aquellas que cambiaban recurrentemente y no eran importantes en la definición de los haplogrupos no fueron incluidas, fue

asignado un peso de cero en el cálculo de la red, siguiendo el esquema de ponderación propuesto por Bandelt et al. (2006), para análisis de parsimonia y de redes.

Las frecuencias haplotípicas de los marcadores uniparentales estudiados se estimaron por conteo directo.

La asignación haplotípica materna y paterna respectivamente, fue correlacionada con información bibliográfica disponible para estimar el origen continental de los ancestros de los actuales pobladores. Adicionalmente, la contribución de los linajes paternos de diferentes orígenes geográficos se estimó ingresando los haplotipos en la base de datos mundial de referencia YHRD (<http://www.yhrd.org>). Herramientas estadísticas de la misma página web se utilizaron para el análisis comparativo interpoblacional.

La proporción del mestizaje fue estimada por medio del método de identidad genética utilizando el software ADMIX95 cedido gentilmente por B. Bertoni (<http://www.genetica.fmed.edu.uy/software.htm>) (Bertoni, 2005; Bertoni et al, 2012). El método de identidad genética utiliza las frecuencias alélicas de las poblaciones para los loci STR uni y biparentales estudiados, estableciendo la relación entre la población híbrida analizada y las parentales como una función lineal. Estima el vector m ponderado por una matriz de varianza-covarianza (V) promedio de las matrices V calculadas para cada población parental.

CAPITULO IV: RESULTADOS

IV-1 Información genealógica

A partir de los datos obtenidos de las encuestas individuales y familiares, se reconstruyeron los árboles genealógicos de las comunidades estudiadas y se analizaron los datos genealógico-poblacionales más relevantes, incluyendo el origen geográfico de las dos generaciones precedentes y los movimientos migratorios de los pobladores.

IV-1.1 Árboles genealógicos

En el anexo H de esta tesis se grafican los vínculos de parentesco correspondientes a las familias estudiadas. En su observación comparativa surgen algunos puntos de interés:

- existen familias con apellidos idénticos, que no reconocen relación de parentesco, al menos para las dos generaciones de progenitores investigadas;
- hay una sola persona participante del estudio cuyos apellidos maternos y paternos coinciden;
- no se observan, a partir de la información genética, relaciones familiares que se encuentren veladas u ocultas; todas las relaciones familiares se encuentran explicitadas.

IV-1.2 Datos genealógico-poblacionales

Del análisis de las encuestas genealógicas realizadas a cada uno de los participantes de la investigación, se observa que el 12% de los antecesores en primera y segunda generación son oriundos de la misma localidad, mientras que el 73% provienen de localidades vecinas de la provincia de Nor Yungas o de la cercana Sudyungas, de fuerte presencia afrodescendiente. Son minoritarios los casos en el que algún antecesor de primera o segunda generación es proveniente de otras provincias del Departamento de La Paz (5%), de otros departamentos bolivianos (6%) o de países limítrofes como Perú (1%). (Fig. IV.1).

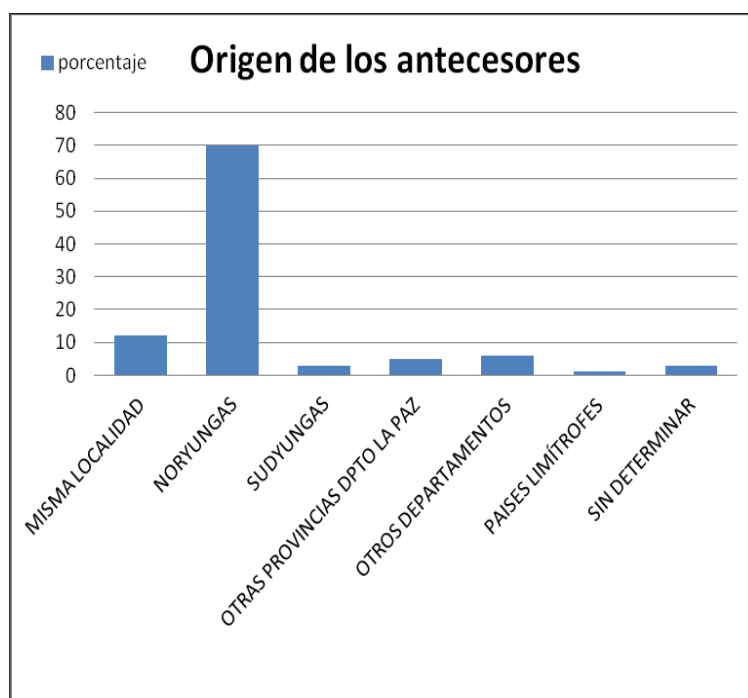


Fig. IV.1: Origen geográfico de los antecesores en primer y segundo grado de los participantes de la investigación.

Al analizar el lugar de residencia de los hijos de las familias encuestadas, se observa que el 94% (31/33) de las familias con hijos mayores de 18 años, han sufrido la emigración de los mismos, tanto por cuestiones de índole laboral como educativa. Del total de hijos de las familias encuestadas, sin discriminación de rango etario, el 42% (92/220) ha migrado.

Analizando el destino de los hijos migrantes, se observa que el 1% (1/92) del total lo hizo a localidades pertenecientes a la misma región de Nor Yungas, el 39% (36/92) migró a otras ciudades del departamento de La Paz, el 40% (37/92) lo hizo a otros departamentos de Bolivia, y que el 20% (18/92) reside fuera del país, siendo España, EEUU, Argentina, Brasil o Italia los países que los han recibido (Fig. IV.2).

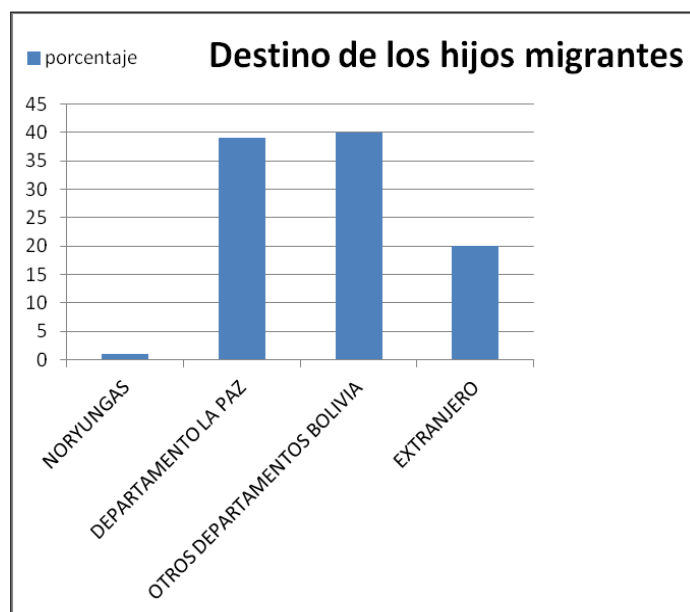


Fig. IV.2: Destino geográfico de los hijos migrantes

IV-1.3 Demografía poblacional

El promedio de número de hijos de la pareja es de 4,4. Considerando las mujeres postmenopáusicas el promedio asciende 5,4, mientras que las que aun están en edad reproductiva tiene un promedio de 2,8 hijos.

La edad promedio al primer embarazo en las familias analizadas es de 23,3 años, y el promedio de edad al nacimiento del último hijo de 38,2 años.

Las principales causas de muerte son difíciles de establecer, ya sea porque las familias no desean hablar de sus familiares fallecidos, o bien porque desconocen la causa del deceso, explicando que han fallecido por “enfermar”. En los escasos casos en los que se refiere con cierta certeza el diagnóstico, aparece la hepatitis como principal causa de muerte en la actualidad. Los problemas sanitarios de mayor incidencia en las comunidades son la hipertensión arterial, la hepatitis, la diabetes, las gastroenteritis y las parasitosis (comunicación oral, Dra. C. S. Carvajal Quispe).

IV-2 Análisis genético de la población

Utilizando los marcadores genéticos autosómicos STRs y los uniparentales de la secuencia de la región control mitocondrial y los Y-STRs se caracterizó genéticamente la población estudiada.

IV-2.1 STRs autosómicos

Los datos genotípicos para los 15 marcadores STR autosómicos estudiados en la población de Nor Yungas, se describen en el anexo informativo I de esta tesis.

Para realizar los análisis estadísticos poblacionales se descartaron de la muestra total ($n= 97$) los individuos emparentados en primer y segundo grado, quedando un $n= 57$. Sobre esta muestra se calcularon las frecuencias alélicas, heterocigosidad observada, esperada, ajuste al equilibrio de HW, y los parámetros estadísticos de interés forense. (Tabla IV.1).

Analizando la información presentada en la Tabla IV.1, no se observaron desviaciones significativas del equilibrio HW después de emplear la corrección de Bonferroni para todos los loci analizados ($P < 0.05/15 = 0.0033$). El locus más informativo fue D21S11, con el mayor promedio para los índices Poder de Discriminación ($PD = 0.9530$) y Paternidad Típica ($TPI = 4.000$). Contrariamente, el marcador D3S1358 mostró los valores más bajos para todos los parámetros analizados. El Poder de Discriminación combinado (PDc) y la Probabilidad de Exclusión combinada para los 15 loci STR fueron respectivamente >0.99999999 y >0.99997 .

Para el análisis intrapoblacional en la muestra yungueña, se realizó una comparación de la variabilidad que presentan los 15 marcadores autosómicos STRs en las 4 localidades estudiadas. La distribución de muestras por localidad fue de 20 para Tocaña, 12 para Chijchipa, 13 para Mururata y 12 para San Joaquín. Los resultados muestran que las poblaciones estudiadas presentan una moderada diversidad genética, en base a los parámetros más usuales para evaluarla: la heterocigosis y el número de alelos, al igual que el índice de Shannon de diversidad de una población¹³ (Tabla IV.2). Tocaña mostró un mayor número de alelos (N_a) y un mayor número efectivo de alelos (N_e) que las demás muestras de afrobolivianos. Por otra parte la heterocigosidad esperada fue mayor en Mururata, aunque la corregida (uHe) fue similar entre Tocaña y Mururata.

¹³ La heterocigosidad observada equivale a la proporción de individuos heterocigotas para cada locus en una población. La heterocigosis esperada estima la proporción de individuos que se espera sean heterocigotas si la población se encuentra en EHW. El I de información de Shannon es un Índice de estimación de la diversidad cuyo valor varía entre 0.5 y 5. La heterocigosidad esperada corregida está ajustada en relación al tamaño muestral y el índice de fijación es la probabilidad de tener dos alelos idénticos por descendencia.

Tabla IV.1: Frecuencias alélicas y parámetros estadísticos para 15 loci STR autosómicos observados en Nor Yungas (2N=114).

Alelos	D8S1179	D21S11	D7S820	CSF1PO	D3S1358	TH01	D13S317	D16S539	D2S1338	D19S433	vWA	TPOX	D18S51	D5S818	FGA
6						0.0965						0.0351			
7				0.0351		0.5176						0.0175		0.0965	
8			0.2193	0.0263		0.1754	0.0351					0.4649		0.0439	
9			0.0965	0.0175		0.0877	0.0614	0.2807				0.114		0.0965	
9.3						0.0702									
10	0.0088		0.3245	0.2895		0.0526	0.1579	0.1228				0.0439	0.0088	0.0877	
11	0.0263		0.2281	0.2895			0.2543	0.3421		0.0789	0.0175	0.2895		0.2719	
11.2										0.0088					
12	0.1579		0.1053	0.2105			0.3246	0.0877		0.1228		0.0351	0.0263	0.2368	
12.2										0.0175					
13	0.2807		0.0263	0.1316			0.1053	0.1667		0.2632			0.1228	0.1667	
13.2										0.114					
14	0.2719				0.0526		0.0614			0.2808	0.0263		0.0351		
14.2										0.0263					
15	0.1667				0.5					0.0263	0.2368		0.1579		
15.2										0.0614					
16	0.0877				0.3158				0.0263		0.3158		0.2281		
16.2															
17					0.1228				0.0526		0.3071		0.2456		
18					0.0088				0.0263		0.0526		0.0702		0.0088
19									0.1228		0.0351		0.0263		0.114
20									0.1756		0.0088		0.0351		0.0088
21									0.202				0.0175		0.149
21.2													0.0175		
22									0.1315				0.0088		0.1667
22.2															
23									0.114						0.1842
23.2															
24									0.0789						0.1667
24.3		0.0088													
25									0.0438						0.1579
26									0.0175						0.0088
27		0.1228							0.0087						0.0088
28		0.1491													0.0088
29		0.2193													
29.2		0.0263													
30		0.2018													
30.2		0.0526													
31		0.0351													
31.2		0.0877													
32															
32.2		0.0789													
33.2		0.0088													
35		0.0088													
43.2															0.0175
Hob	0.8245	0.8771	0.7543	0.6842	0.5964	0.6315	0.7894	0.7193	0.8245	0.807	0.6491	0.6491	0.807	0.7719	0.807
Hex	0.793	0.8626	0.7803	0.7753	0.6379	0.6826	0.7921	0.7602	0.8781	0.807	0.7514	0.6884	0.8455	0.8211	0.8571
p-HW	0.7804	0.2066	0.30959	0.63515	0.1849	0.0322	0.72047	0.75416	0.29533	0.68576	0.07511	0.43657	0.67834	0.25729	0.41877
PD	0.905	0.953	0.906	0.91	0.792	0.85	0.923	0.894	0.947	0.93	0.891	0.845	0.948	0.933	0.949
PE	0.645	0.745	0.517	0.404	0.287	0.354	0.58	0.459	0.645	0.612	0.354	0.379	0.612	0.548	0.612
TPI	2.84	4.000	2.04	1.58	1.24	1.43	2.38	1.78	2.85	2.59	1.43	1.5	2.59	2.19	2.59
PIC	0.75	0.84	0.74	0.73	0.57	0.65	0.76	0.71	0.84	0.79	0.7	0.64	0.82	0.79	0.83
MP	0.095	0.037	0.094	0.09	0.208	0.15	0.077	0.106	0.043	0.07	0.109	0.155	0.052	0.067	0.051

Hob: heterocigosidad observada; **Hex**: heterocigosidad esperada; **p-HW**: probabilidad de desviación del equilibrio HW; **PD**: poder de discriminación; **PE**: probabilidad de exclusión; **TPI**: Índice de paternidad típico; **PIC**: contenido de información del polimorfismo; **MP**: probabilidad de coincidencia.

Tabla IV.2: Parámetros de diversidad en las poblaciones estudiadas (Media±desvío estándar).

Población	Na	Ne	I	Ho	He	uHe	F
TOCAÑA n=20	7.07±0.49	4.70±0.33	1.66±0.07	0.73±0.03	0.77±0.02	0.79±0.02	0.05±0.03
CHIJCIPA n=12	6.13±0.42	4.27±0.36	1.56±0.08	0.78±0.02	0.74±0.02	0.77±0.02	-0.06±0.04
MURURATA n=13	6.33±0.39	4.46±0.30	1.60±0.06	0.74±0.03	0.76±0.01	0.79±0.02	0.03±0.03
SAN JOAQUÍN n=12	6.20±0.43	4.27±0.36	1.55±0.08	0.75±0.05	0.74±0.03	0.77±0.03	-0.01±0.05
Total n= 57	6.43±0.22	4.43±0.17	1.59±0.04	0.75±0.02	0.75±0.01	0.782	0.01±0.02

Na= número de alelos diferentes; Ne= número de alelos efectivos; I = Índice de información de Shannon; Ho= Heterocigosidad observada; He= Heterocigosidad esperada; uHe= Heterocigosidad esperada corregida; F= índice de fijación.

El análisis de coordenadas principales (PCoA), método utilizado para explorar y visualizar las similitudes y diferencias entre los individuos de las poblaciones de Nor Yungas, refleja una distribución homogénea de las distancias genéticas entre las poblaciones de Tocaña, Chijchipa, Mururata y San Joaquín (Fig. IV.3).

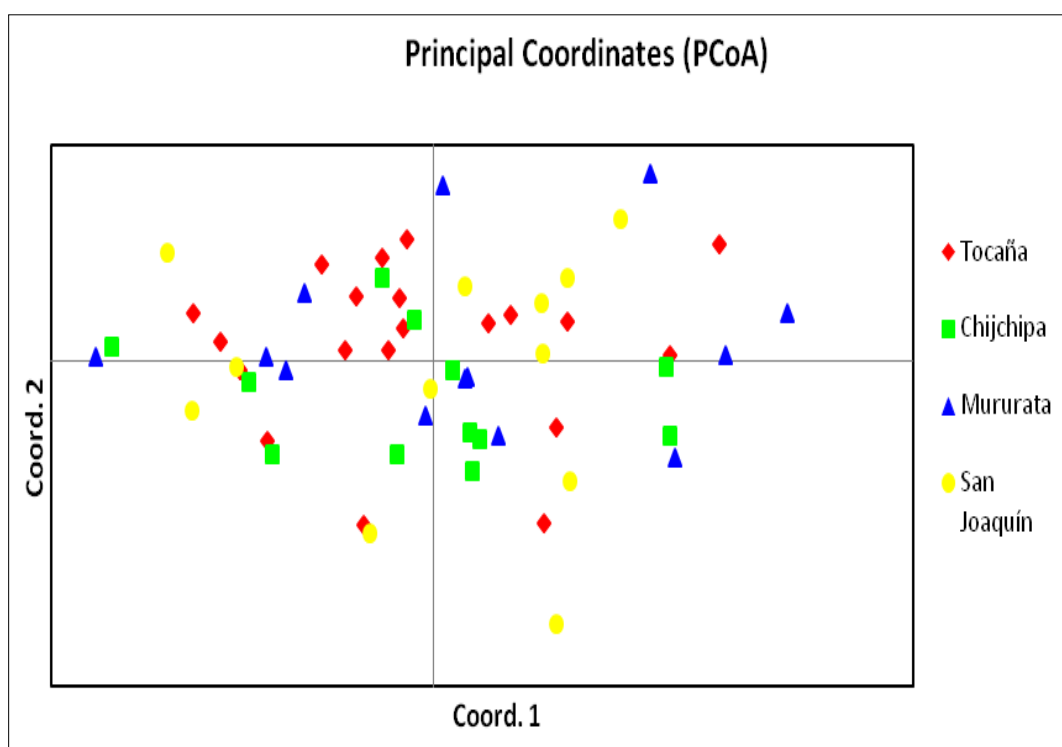


Fig. IV.3: Análisis de coordenadas principales.

Los parámetros estadísticos F (F_{IS} , F_{IT} y F_{ST}) y la estimación del número Nm (migrantes por generación) para cada locus para todas las poblaciones analizadas se observan en la Tabla IV.3. Los parámetros F_{IS} y F_{IT} son estimaciones de la endogamia, mientras que el índice F_{ST} estima el grado de divergencia genética

entre las muestras. Por otro lado, el Nm representa el número de migrantes efectivo, que si es mayor a 1 indica que el flujo génico supera los efectos de la deriva genética.

Tabla IV.3: Parámetros F y estimación de Nm para todas las poblaciones en cada locus.

Locus	Fis	Fit	Fst	Nm
D8S1179	-0,075	-0,064	0,010	23,727
D21S11	-0,040	-0,008	0,031	7,858
D7S820	0,017	0,035	0,018	13,407
CSF1PO	0,076	0,099	0,025	9,924
D3S1358	0,051	0,066	0,016	15,367
TH01	-0,002	0,030	0,032	7,585
D13S317	-0,036	-0,016	0,020	12,260
D16S539	-0,009	0,031	0,039	6,103
D2S1338	0,028	0,048	0,020	11,987
D19S433	-0,042	-0,012	0,029	8,357
VWA	0,105	0,125	0,022	10,919
TPOX	-0,017	0,017	0,033	7,281
D18S51	0,005	0,028	0,023	10,565
D5S818	0,019	0,044	0,026	9,489
FGA	0,006	0,059	0,054	4,419
Media	0,006	0,032	0,027	10,617
SE	0,012	0,012	0,003	1,196

$$Fis = (Media He - Media Ho) / Media He;$$

$$Fit = (Ht - Media Ho) / Ht;$$

$$Fst = (Ht - Media He) / Ht;$$

$$Nm = [(1 / Fst) - 1] / 4$$

Se observa que los valores de Fst son bajos con un promedio de 0.03, indicando poca diferenciación genética y por lo tanto que la muestra de afrobolivianos no está subestructurada.

El análisis molecular de la varianza (AMOVA), muestra que la variación entre poblaciones es baja y que el principal nivel de la variación se encuentra entre individuos dentro de las poblaciones (95%) (Tabla IV.4). Al calcular el parámetro Fst global, se obtiene un valor de 0.000 que refleja ausencia de estructuración.

Tabla IV.4: AMOVA

FUENTE	df	SS	MS	Est. Var.	%
ENTRE POBLACIONES	3	17,197	5,732	0,000	0%
ENTRE INDIVIDUOS	53	327,022	6,170	0,282	5%
DENTRO DE LOS INDIVIDUOS	57	319,500	5,605	5,605	95%
TOTAL	113	663,719		5,888	100%

df: grados de libertad; SS: suma de cuadrados; MS: cuadrado medio; est. var.: estimación de los componentes de la varianza, %: porcentaje de la varianza total atribuida a cada componente.

Cuando se analizan los valores de F_{ST} entre pares de poblaciones, considerando Tocaña, Chijchipa, Mururata y San Joaquín como diferentes grupos, el mayor grado de divergencia genética se observa entre Tocaña y San Joaquín (Tabla IV.5).

Tabla IV.5: Valores F_{ST} entre pares de poblaciones, calculado a partir de las frecuencias alélicas.

	TOCAÑA	CHIJCHIPA	MURURATA	SAN JOAQUÍN
TOCAÑA	0,000	<i>0,707</i>	<i>0,797</i>	<i>0,141</i>
CHIJCHIPA	0,016	0,000	<i>0,854</i>	<i>0,558</i>
MURURATA	0,014	0,017	0,000	<i>0,806</i>
SAN JOAQUÍN	0,022	0,021	0,018	0,000

valores F_{ST} entre pares de poblaciones debajo de la diagonal en negrita, valores de probabilidad (P) entre poblaciones sobre la diagonal en itálica.

En el mismo sentido, la matriz de poblaciones pareadas en base a la distancia genética de Nei se muestra en la Tabla IV.6, indicando que las mayores distancias se observan entre Tocaña y San Joaquín.

Cuando se analiza el número de poblaciones más probable (k) mediante STRUCTURE resulta un valor de $k=1$, indicativo de ausencia de estructuración (Fig. IV.4).

Tabla IV.6: Distancia genética de Nei.

	TOCAÑA	CHIJCHIPA	MURURATA	SAN JOAQUÍN
TOCAÑA	0,000			
CHIJCHIPA	0,104	0,000		
MURURATA	0,102	0,107	0,000	
SAN JOAQUÍN	0,146	0,130	0,115	0,000

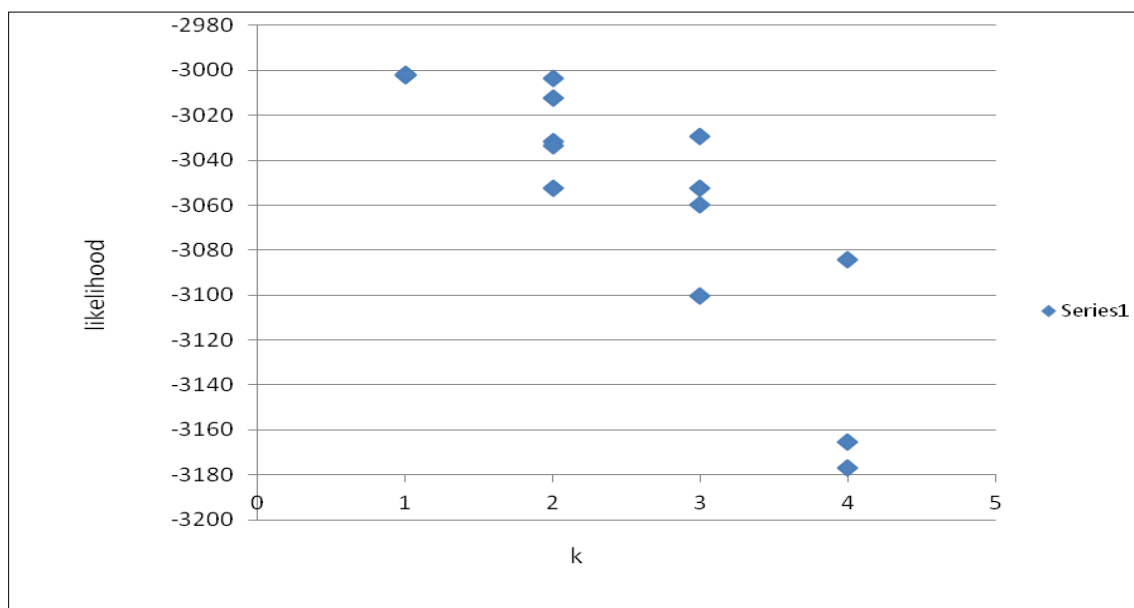


Fig. IV.4: Valores de k, número de poblaciones más probable.

Para el análisis interpoblacional, se estimaron las distancias genéticas entre pares de poblaciones (R_{st}) y se compararon con nueve poblaciones mestizas de Latinoamérica, una nativa sudamericana, dos europeas y seis africanas (Tabla IV.7).

Tabla IV.7: Matriz de distancias R_{st} entre pares de poblaciones

	NY-BO	BO-MTZ	BRL	ARG	CHIL	URUG	ECUR	COLB	VNZL	MEX	GR-CH	ANGL	MZB	UGD	TNZ	NAM	SOML	ITL	ESP
NY-BO	0.000																		
BO-MTZ	0.080	0.000																	
BRL	0.040	0.069	0.000																
ARG	0.054	0.047	0.005	0.000															
CHIL	0.040	0.030	0.015	0.010	0.000														
URUG	0.054	0.073	0.003	0.003	0.019	0.000													
ECUR	0.043	0.017	0.039	0.031	0.008	0.049	0.000												
COLB	0.038	0.044	0.016	0.016	0.006	0.023	0.012	0.000											
VNZL	0.043	0.046	0.004	0.003	0.007	0.007	0.025	0.009	0.000										
MEX	0.046	0.026	0.052	0.047	0.014	0.065	0.005	0.020	0.038	0.000									
GR-CH	0.142	0.031	0.117	0.091	0.059	0.117	0.049	0.078	0.092	0.044	0.000								
ANGL	0.021	0.129	0.056	0.076	0.068	0.072	0.081	0.062	0.066	0.084	0.184	0.000							
MZB	0.008	0.124	0.051	0.071	0.065	0.066	0.079	0.056	0.064	0.084	0.192	0.007	0.000						
UGD	0.037	0.161	0.094	0.119	0.096	0.116	0.100	0.083	0.099	0.093	0.208	0.023	0.032	0.000					
TNZ	0.014	0.106	0.050	0.066	0.053	0.067	0.062	0.047	0.053	0.066	0.168	0.005	0.009	0.016	0.000				
NAM	0.021	0.135	0.056	0.077	0.070	0.071	0.084	0.062	0.064	0.084	0.178	0.000	0.009	0.022	0.006	0.000			
SOML	0.040	0.114	0.067	0.082	0.060	0.087	0.069	0.058	0.068	0.060	0.162	0.026	0.040	0.014	0.016	0.029	0.000		
ITL	0.069	0.078	0.006	0.007	0.028	0.003	0.059	0.032	0.009	0.077	0.127	0.085	0.082	0.132	0.080	0.084	0.098	0.000	
ESP	0.058	0.092	0.004	0.012	0.028	0.004	0.060	0.030	0.012	0.078	0.143	0.071	0.070	0.109	0.070	0.067	0.089	0.004	0.000

BO-NY: Nor Yungas, Bolivia (este estudio); BO-MTZ: Bolivia, mestiza; BRL: Brasil; ARG: Argentina; CHIL: Chile; URUG: Uruguay; ECUR: Ecuador; COLB: Colombia; VNZL: Venezuela; MEX: México; GR-CH: Nativa Gran Chaco; ANGL: Angola; MZB: Mozambique; UGD: Uganda; TNZ: Tanzania; NAM: Namibia; SOML: Somalia; ITL: Italia; ESP: España

No se hallaron diferencias significativas para la población afroboliviana de Nor Yungas y la de Mozambique ($p= 0.0888$). Después de la aplicación de la corrección de Bonferroni, tampoco se encontraron diferencias significativas con las poblaciones de Angola y Uganda. Además, la muestra de afrobolivianos difiere significativamente de todas las poblaciones latinoamericanas con las que fueron comparadas. Estos resultados están bien representados en el gráfico MDS (Fig. IV.5), que muestra a la población de afrobolivianos estudiada (BO.NY) y a las poblaciones africanas en un agrupamiento (cluster) homogéneo, aunque con un desplazamiento hacia las poblaciones latinoamericanas, las cuales por su parte se agrupan con las europeas, excepto la muestra boliviana mestiza (BO.MTZ) que se observa cerca de la población nativa de Gran Chaco.

La estimación del mestizaje para la población estudiada aplicando el software ADMIX95, en comparación con las poblaciones parentales nativas, africanas y europeas utilizadas para el cálculo de la matriz de distancias Rst, arrojó los siguientes valores: la población estudiada presenta un aporte africano del 62% ($\pm 3\%$), una contribución autóctona del 24% ($\pm 3\%$) y un 13% ($\pm 4\%$) de aporte europeo.

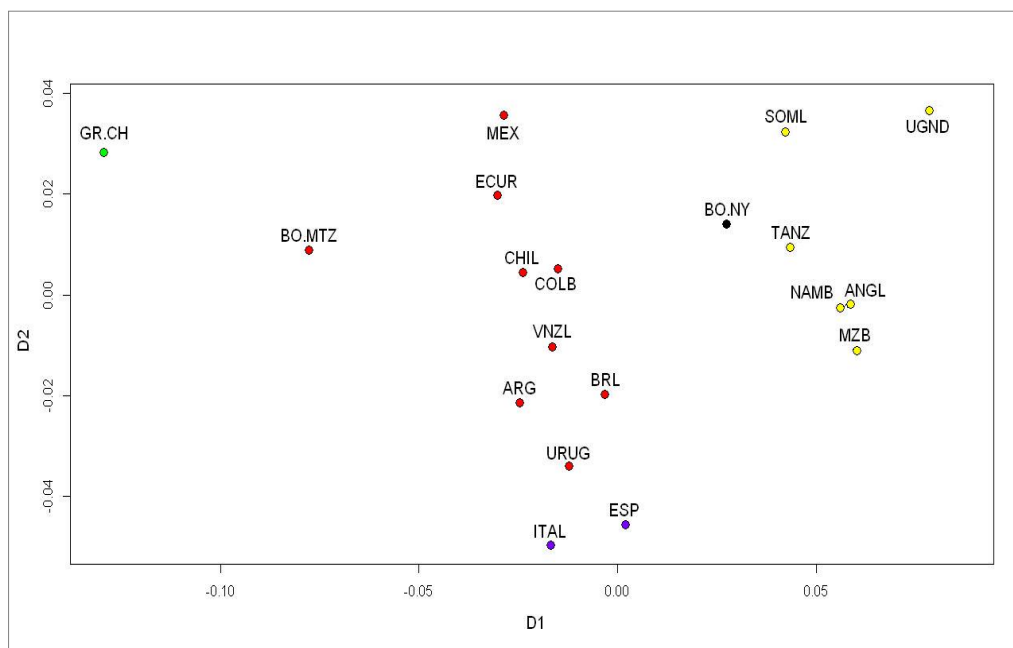


Fig. IV.5: Gráfico bidimensional MDS basado en los valores Rst entre poblaciones apareadas (stress value: 0.048). BO.NY: Nor Yungas, Bolivia (este estudio); BO.MTZ: Bolivia, mestiza; BRL: Brasil; ARG: Argentina; CHIL: Chile; URUG: Uruguay; ECUR: Ecuador; COLB: Colombia; VNZL: Venezuela; MEX: México; GR.CH: Nativa Gran Chaco; ANGL: Angola; MZB: Mozambique; UGND: Uganda; TANZ: Tanzania; NAMB: Namibia; SOML: Somalia; ITAL: Italia; ESP: España

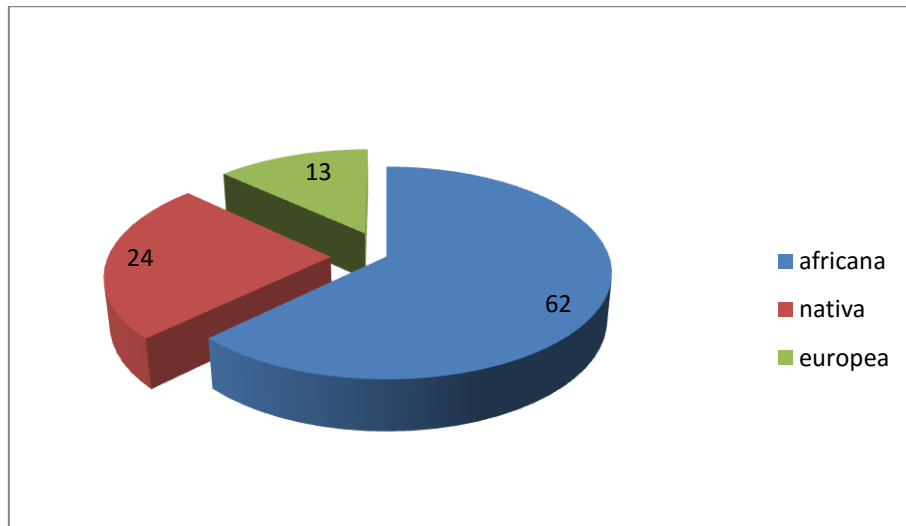


Fig. IV-6: Estimación del mestizaje en la población yungueña, en comparación con parentales nativas, africanas y europeas.

IV-2.2 ADN mitocondrial: región control

A partir de las 97 muestras colectadas, los individuos fueron agrupados en base a los datos genealógicos a fin de unificar las muestras emparentadas por línea materna. De acuerdo con este criterio y considerando que para una muestra no se obtuvo amplificación del fragmento de la región control y en 5 de éstas el fragmento amplificado arrojó una lectura incompleta de la secuencia, se consideraron los resultados completos y reproducibles de la región control del ADNmt de 60 muestras. Los linajes mitocondriales obtenidos, discriminados según las relaciones familiares, se documentan en el anexo informativo I (haplotipos mitocondriales).

De las 60 secuencias de la región control ADNmt analizadas, 25 fueron asignadas a haplotipos diferentes, determinados por un número de 259 posiciones nucleotídicas polimórficas en el total muestral, las que se observan en el anexo J (puntos de mutación) de esta tesis. La mayor densidad de sitios polimórficos se observó en HVI (entre las posiciones 16024 y 16365), donde se registraron 125 sitios polimórficos. La región HV2 (entre 73 y 316) presentó 109 sitios polimórficos. Se hallaron 22 sitios polimórficos en la región ubicada entre HVI y HVII y 3 sitios más allá de la posición 315.

El polimorfismo más frecuente fue la sustitución de nucleótido único C16189T que se observó en el 95% de las secuencias, seguido en frecuencia por el

polimorfismo A73G que se presentó en 83% de las secuencias. Otro polimorfismo frecuente en las muestras estudiadas se ubicó en la posición T16519C, que aparece en un 71% de las secuencias. Estos polimorfismos son adicionales a los sitios polimórficos A263G y 315.1C que aparecen en todas las secuencias (100%).

En 5 secuencias se presentó un punto de heteroplasmía de longitud localizado en las posiciones 16184-16188, tracto homopolimérico poliC que genera dificultades en la lectura de la secuencia (Parson et al., 2014), obligando a implementar estrategias de secuenciación alternativas mediante el uso de primers internos forward y reverse (F16475, R186).

La asignación de los haplotipos obtenidos a los respectivos haplogrupos se realizó con ayuda del programa Haplogrep basado en la actualización de los nuevos puntos mutacionales publicaciones en Phylotree, <http://www.phylotree.org>, van Oven & Kaiser (2009)¹⁴. El número y la distribución porcentual de los haplogrupos se detallan en la Tabla IV.8. El detalle de dicho análisis considerando las estimaciones de los haplogrupos y el nivel de confianza de asignación, que en 24/25 de los casos fue superior al 77% se amplía en el anexo I (haplotipos mitocondriales).

El 88% de los linajes obtenidos representan polimorfismos que se corresponden con haplogrupos pertenecientes al macrohaplogrupo africano L, entre ellos L0, L1, L2 y L3, mientras que un 12% de los linajes pertenecen a otros haplogrupos. De estos, el 8% presentan polimorfismos compatibles con los haplogrupos característicos de las poblaciones nativas sudamericanas B, C o D. Dos haplotipos, fueron asignados a los haplogrupos T2f5 y M11b1a, que se corresponden con variantes halladas en el Este Asiático (4%). No se observan haplotipos de origen europeo.

¹⁴ El análisis de los datos fue realizado con la actualización de 19 de enero de 2015

Tabla IV.8: Distribución de los haplogrupos mitocondriales en la muestra analizada de Nor Yungas de Bolivia.

Haplogrupos mitocondriales	n haplotipos	%
L0a1b1	11	18,3
L0a2a2	2	3,3
L1b1a +@16293	3	5
L1c1	1	1,7
L1c3b	10	16,7
L1c3c	5	8,3
L2a1 +143+@16309	5	8,3
L2a1c +16129	1	1,6
L3d1a1a	2	3,3
L3e2b +152	4	6,7
L3d1b3	1	1,7
L3e1a1	3	5
L3e3	2	3,3
L3f1b4a	2	3,3
L3f1b1a	1	1,7
B2	3	5
C1b	1	1,7
D1	1	1,7
T2f5	1	1,7
M11b1a	1	1,7
Total	60	100

Se construyó un árbol filogenético considerando únicamente los haplotipos mitocondriales asignados al macrohaplogrupo africano L. Para su desarrollo se utilizó la distancia genética de Kimura 2 parámetros usando 1000 réplicas (Fig. IV.6). El árbol filogenético muestra tres grupos bien diferenciados, uno donde se reúnen los linajes pertenecientes a los haplogrupos L2 y L3, otro para los subhaplogrupos de L1 y el tercero que agrupa los linajes de L0. El test de bootstrap respalda la representación obtenida con valores de asignación de las relaciones genéticas >70%, para la mayoría de los nodos del árbol.

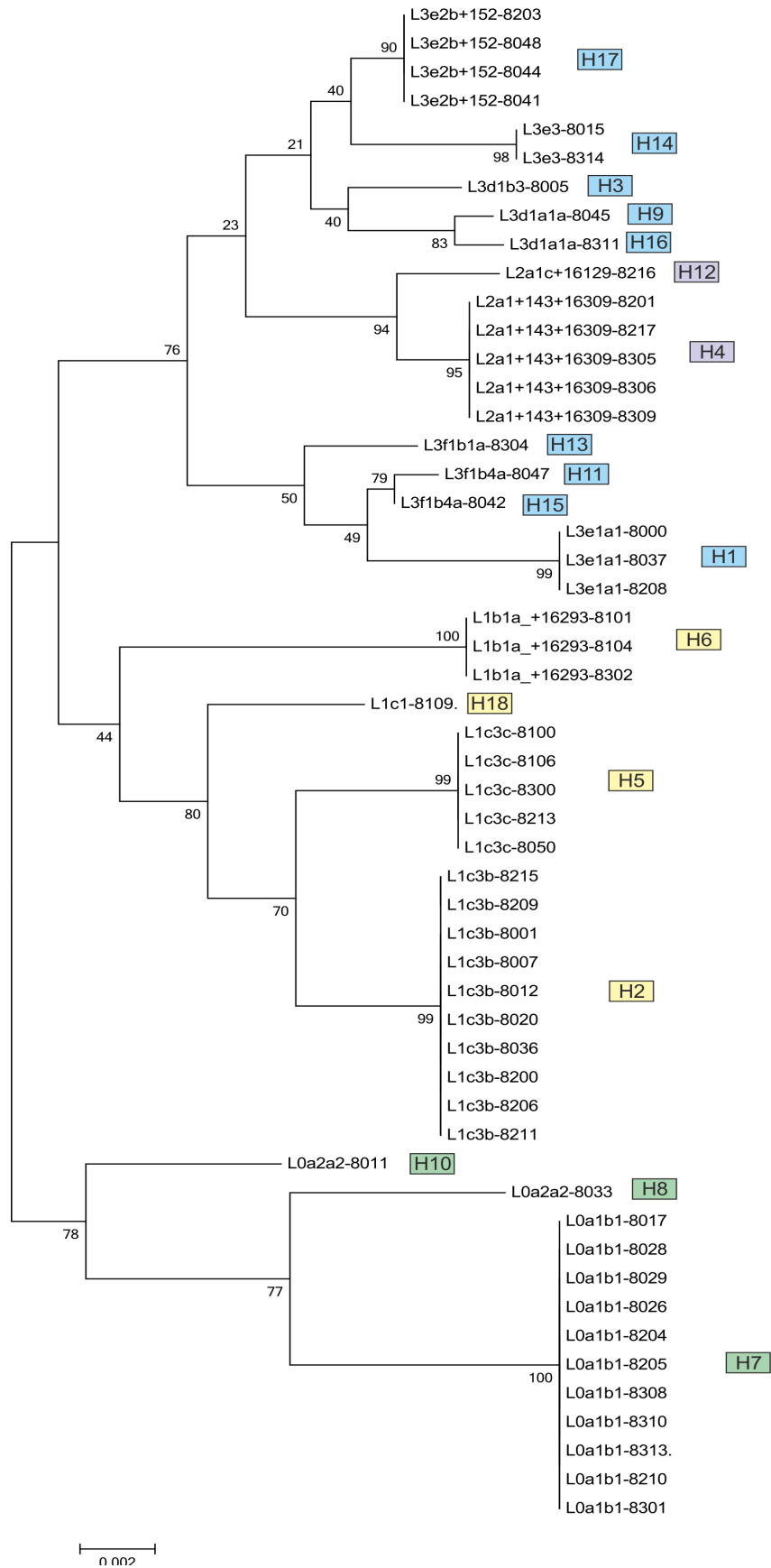


Fig. IV.6. Árbol filogenético (Kimura 2 parámetros) de las muestras que presentan haplogrupos de origen africano. Haplogrupos: celeste: subtipo L3; lila: subtipo L2; amarillo: subtipo L1 y verde: subtipo L0.

En la Fig. IV.7 se muestra la red de haplotipos de los individuos de las poblaciones de Nor Yungas. El haplogrupo más frecuente (H7= L0a1b1) está presente en las cuatro poblaciones (Tocaña, San Joaquín, Chijchipa y Mururata), al igual que H5= L1c3c mientras que hay haplotipos que sólo se presentan en algunas poblaciones (H3= L3d1b3, H8= L0a2a2, H9= L3d1b3, H10= L0a2a2, H11= L3f1b1a, H15= L3f1b4a en Tocaña; H12= L2a1c en Chijchipa; H13= L3f1b1a y H16= L3d1a1a en Mururata; H18= L1c1 en San Joaquín).

Por otra parte, se construyó una red de haplotipos para los individuos de origen materno nativo obtenidos en Nor Yungas, junto a aquellos caracterizados como pertenecientes al haplogrupo B obtenidos a partir de una muestra nativa de Bolivia, de individuos Aymara-hablantes de la región del lago Titicaca y Quechua-hablantes del norte del departamento de Potosí, reportados por Gayà-Vidal et al. (2011) (Fig. IV.8). Se observa en el mismo la estrecha vinculación entre las muestras reportadas en este trabajo y las clasificadas como B por los autores citados.

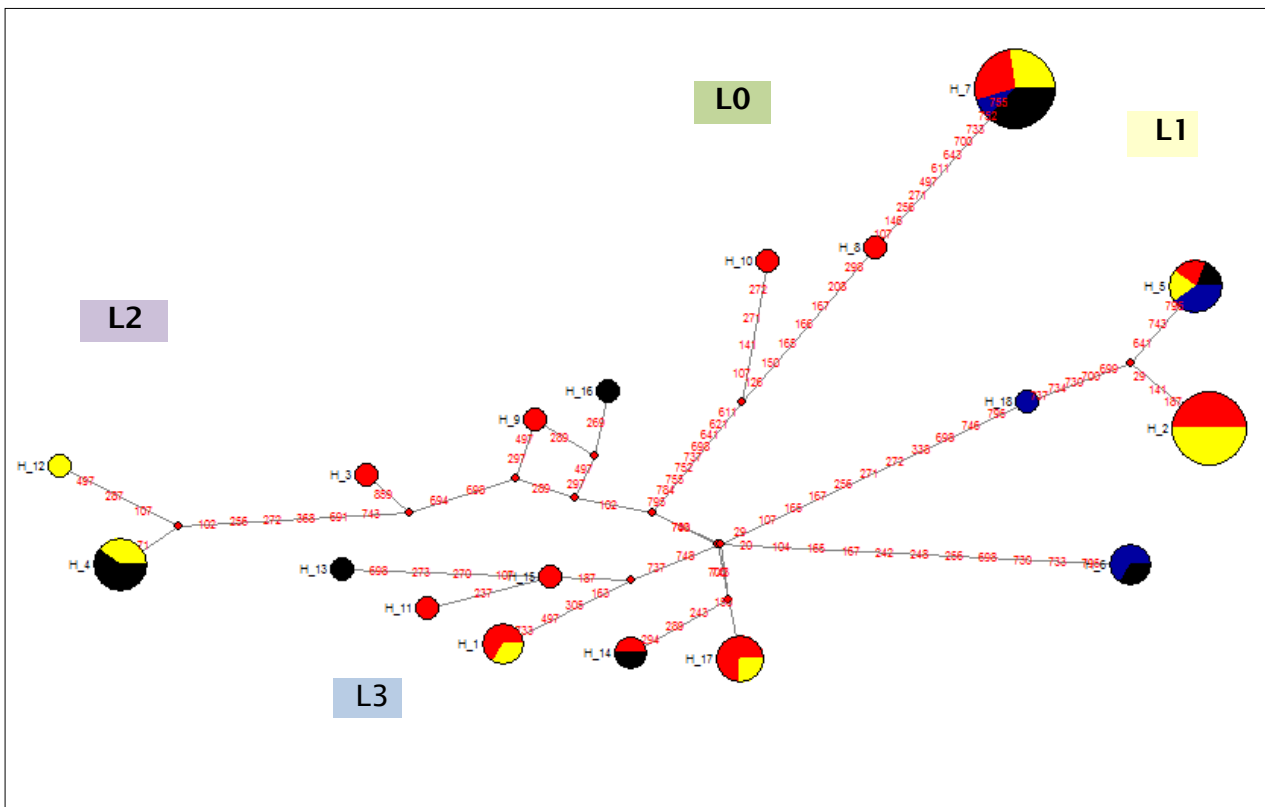


Fig. IV.7: Red de haplotipos de origen africano. Tocaña: rojo, San Joaquín: azul, Chijchipa: amarillo, Mururata: negro.

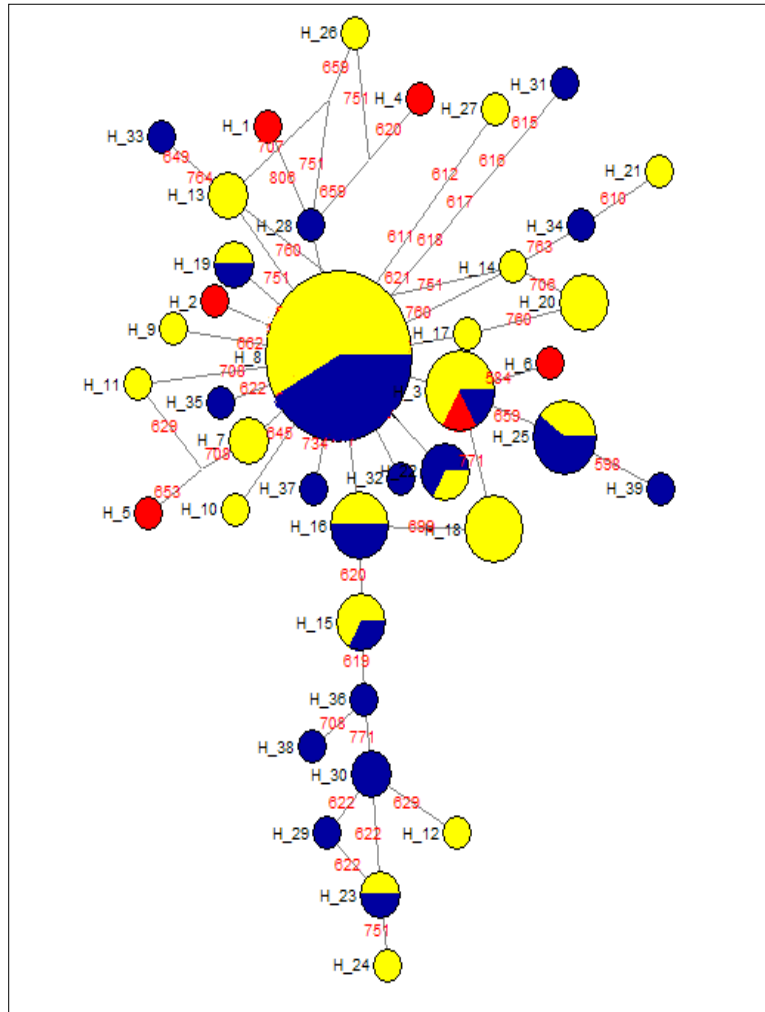
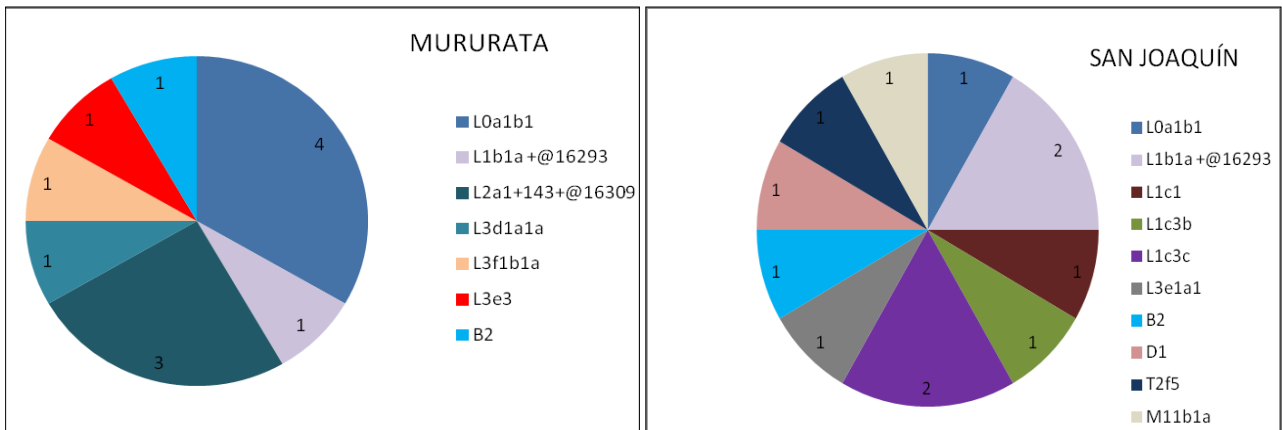
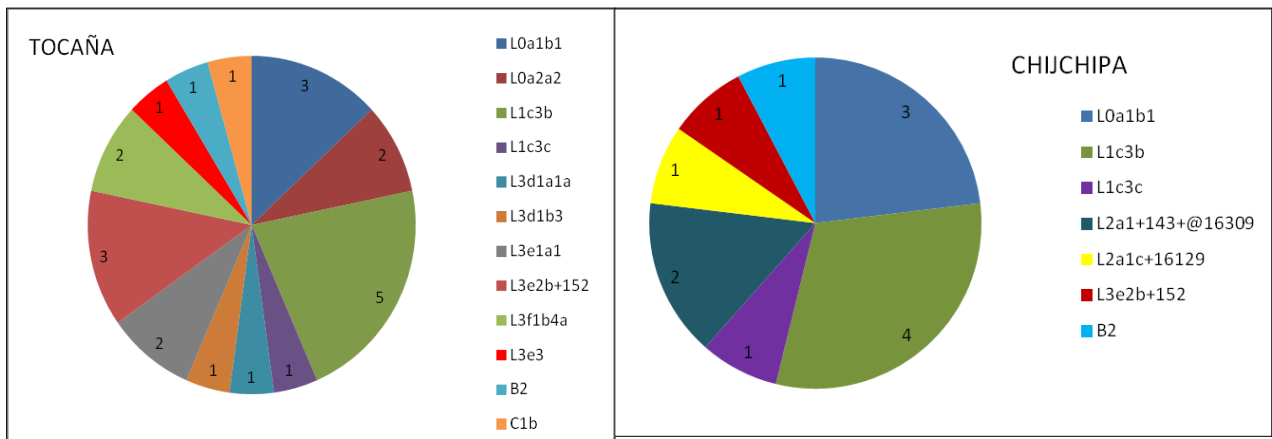


Fig. IV.8: Network comparativo para los haplotipos identificados con haplogrupos de origen nativo de la población de Nor Yungas en relación con los aymara-hablantes y quechua-hablantes de Bolivia reportados por Gayà-Vidal et al. (2011). Nor Yungas: rojo; Aymara-hablantes: amarillo; Quechua-hablantes: azul.

La asignación a haplogrupos mitocondriales en cada localidad se observa en la figura IV.9. La mayor diversidad, considerando tipo y número de haplogrupos hallados se registra en la localidad de San Joaquín. En esta localidad se observan haplogrupos exclusivos, que no se presentan en otros poblados (L1c1, D1, T2f5, M11b1a).



TOCAÑA			MURURATA		
Haplogrupo	n individuos	%	Haplogrupo	n individuos	%
L0a1b1	3	13	L0a1b1	4	33
L0a2a2	2	9	L1b1a +@16293	1	8
L1c3b	5	22	L2a1+143+@16309	3	25
L1c3c	1	4	L3d1a1a	1	8
L3d1a1a	1	4	L3f1b1a	1	8
L3d1b3	1	4	L3e3	1	8
L3e1a1	2	9	B2	1	8
L3e2b+152	3	13	SAN JOAQUÍN		
L3f1b4a	2	9	Haplogrupo	n individuos	%
L3e3	1	4	L0a1b1	1	8
B2	1	4	L1b1a +@16293	2	17
C1b	1	4	L1c1	1	8
CHIJCHIPA			L1c3b	1	8
Haplogrupo	n individuos	%	L1c3c	2	17
L0a1b1	3	23	L3e1a1	1	8
L1c3b	4	31	B2	1	8
L1c3c	1	8	D1	1	8
L2a1+143+@16309	2	16	T2f5	1	8
L2a1c+16129	1	8	M11b1a	1	8
L3e2b+152	1	8			
B2	1	8			

Fig. IV.9: Haplogrupos mitocondriales por localidad, tabla porcentual y gráfico de torta.

Realizando un análisis interpoblacional, se compararon las secuencias de la región control mitocondrial obtenidas en la población estudiada con 21 poblaciones, agrupadas en 3 conjuntos en base a su origen continental. Fueron incluidas poblaciones 7 americanas, 13 africanas y dos europeas.

Mediante el análisis molecular de la varianza se observó que solo el 7.14% de la variación genética total se debe a diferencias entre los grupos poblacionales, registrando un índice FCT= 0.022, mientras que el 92.86% restante se debe a diferencias entre individuos dentro de las poblaciones.

Cuando se realiza un análisis de las diferencias genéticas entre pares de poblaciones se observan las menores distancias entre la población de Nor Yungas y la etnia Sanga de la República Centroafricana (0.0268) y las mayores distancias con la población Waorani de Ecuador (0.5410). No se registraron diferencias significativas, además del caso de los Sanga ($p\text{-Fst value} = 0.04505$; >0.05), con la muestra poblacional de los Sotho sudafricanos ($p\text{-Fst value} = 0.09910$; >0.05). (Tabla IV.9)

La misma tabla IV.9 muestra resaltadas en naranja aquellas poblaciones en donde se hallaron haplotipos coincidentes con los haplotipos yungueños: dos en la población Congo Bateke, seis en la población Camerún Ngoumba, cuatro en Brasil, tres en Guinea Bissau, dos localizados en la población Sudafricana mestiza, un haplotipo en la población Herero de Namibia, una coincidencia en la población Sudafricana Sotho, dos en la Sudafricana Zulu, cinco en la población de Kenia, y una coincidencia entre la población yungueña y la Quechua de Bolivia.

Tabla IV.9: Matriz de distancias genéticas para región control mitocondrial entre pares de poblaciones.

	NY BOL	CON BT	CON BA	CAM BA	CAM BKO	CAM NG	CAF SAN	GUI BIS	SUD COL	NAM HER	NAM NAM	SUD SOT	SUD ZUL	KEN	BRA	AY BOL	ECU KIC	ECU MES	ECU WAO	QUE BOL	ESP	ITL	
NY BOL	0.0000																						
CON BT	0.1203	0.0000																					
CON BA	0.2681	0.3658	0.0000																				
CAM BA	0.3238	0.4072	0.3987	0.0000																			
CAM BKO	0.4406	0.5667	0.5504	0.0830	0.0000																		
CAM NG	0.0630	0.0164	0.3121	0.3306	0.4861	0.0000																	
CAF SAN	0.0268	0.0778	0.2398	0.2966	0.4671	0.0338	0.0000																
GUI BIS	0.1320	0.0384	0.3595	0.4069	0.5023	0.0206	0.1048	0.0000															
SUD COL	0.0903	0.1458	0.3792	0.4078	0.5926	0.0729	0.0883	0.1497	0.0000														
NAM HER	0.2112	0.1979	0.5027	0.5125	0.6955	0.1521	0.1932	0.1824	0.2641	0.0000													
NAM NAM	0.1825	0.2732	0.4119	0.4269	0.5998	0.1882	0.1841	0.2688	0.0389	0.3031	0.0000												
SUD SOT	0.0388	0.0840	0.3428	0.3805	0.5676	0.0249	0.0244	0.0842	0.0000	0.1754	0.0911	0.0000											
SUD ZUL	0.0547	0.1219	0.3195	0.3645	0.5509	0.0560	0.0385	0.1391	0.0000	0.1745	0.0426	0.0000	0.0000										
KEN	0.0828	0.0679	0.3370	0.3786	0.4914	0.0312	0.0712	0.0550	0.0726	0.1467	0.1805	0.0196	0.0646	0.0000									
BRA	0.1767	0.0684	0.3981	0.4147	0.5216	0.0631	0.1598	0.0589	0.1483	0.2198	0.2781	0.1197	0.1764	0.0697	0.0000								
AY BOL	0.4014	0.3329	0.6157	0.5939	0.7109	0.3206	0.4037	0.2869	0.4006	0.4085	0.4824	0.3599	0.4086	0.2746	0.1951	0.0000							
ECU KIC	0.4195	0.3605	0.6472	0.6486	0.7486	0.3286	0.4396	0.2612	0.4384	0.4939	0.5419	0.3949	0.4560	0.2657	0.1993	0.4291	0.0000						
ECU MES	0.3085	0.2215	0.5457	0.5442	0.6712	0.2014	0.3013	0.1804	0.2874	0.3179	0.4021	0.2358	0.2999	0.1708	0.0877	0.1685	0.1002	0.0000					
ECU WAO	0.5410	0.5700	0.7834	0.7545	0.8568	0.5137	0.6063	0.4278	0.6608	0.7471	0.7160	0.6258	0.6558	0.4251	0.3940	0.6373	0.3294	0.4009	0.0000				
QUE BOL	0.3420	0.2526	0.5622	0.5526	0.6691	0.2473	0.3360	0.2266	0.3233	0.3328	0.4211	0.2794	0.3362	0.2106	0.1226	0.0177	0.3086	0.0733	0.5313	0.0000			
ESP	0.3786	0.2531	0.6185	0.5955	0.7068	0.2400	0.3847	0.1755	0.3702	0.4589	0.5017	0.3673	0.4219	0.2175	0.0658	0.3016	0.3882	0.2239	0.6206	0.2217	0.0000		
ITL	0.3995	0.2575	0.6075	0.5945	0.6836	0.2512	0.3952	0.1884	0.3660	0.4376	0.4953	0.3666	0.4215	0.2381	0.0724	0.2979	0.3788	0.2274	0.5808	0.2263	0.0008	0.0000	

NY Nor Yungas Bolivia (este estudio); CON BT: Congo Bateke; CON BA: Congo Babinga; CAM BKA: Camerún Baka, CAM BKO: Camerún Bakola, CAM NG: Camerún Ngoumba; CAF SAN: República Centroafricana Sanga; GUI BIS: Guinea Bissau; SUD COL: Sudáfrica De Color o Coloreados; NAM HER: Namibia Herero; NAM NAM: Namibia Nama; SUD SOT: Sudáfrica Sotho; SUD ZUL: Sudáfrica Zulu; KEN: Kenia; BOL: BRA: Brasil; AY BOL: Aymara Bolivia; ECU KIC: Ecuador Kichwa; ECU MES: Ecuador Mestizo; ECU WAO: Ecuador Waorani; QUE BOL: Quechua Bolivia; ESP: España; ITL: Italia. Destacado en naranja poblaciones en donde se hallaron haplotipos coincidentes con los haplotipos yungueños

A partir de la matriz de distancias genéticas se construyó el gráfico MDS (Fig. IV.10), en el que puede observarse una clara agrupación de la población de Nor Yungas con algunas poblaciones del continente africano, mientras que se distancia de otras poblaciones americanas o europeas. Similar agrupación se observa en el dendrograma de la Fig. IV.11, que muestra antecesores comunes para las poblaciones yungueña, africanas y brasileña, y una menor relación con otras poblaciones americanas y las europeas.

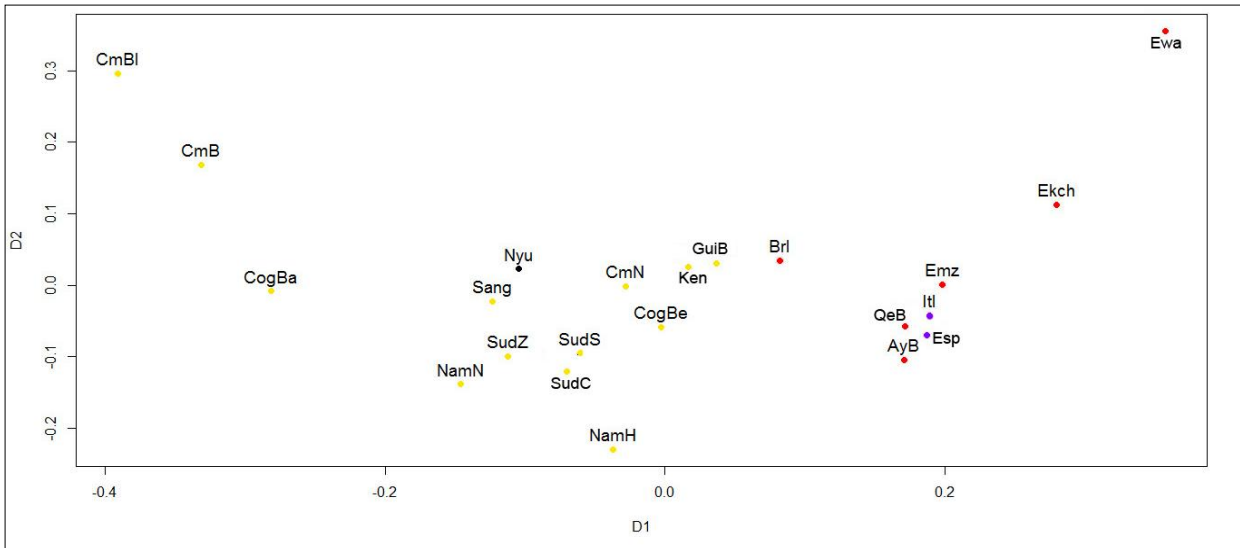


Fig. IV.10: Gráfico MDS basado en la matriz de distancias F_{st} , para Nor Yungas y 21 poblaciones mundiales. Stress: 0.0489.

CogBe: Congo Bateke; CogBa: Congo Babinga; CmB: Camerún Baka, CmBl: Camerún Bakola, CmN: Camerún Ngoumba; Sang: República Centroafricana Sanga; GuiB: Guinea Bissau; SudC: Sudáfrica Coloured; NamH: Namibia Herero; NamN: Namibia Nama; SudS: Sudáfrica Sotho; SudZ: Sudáfrica Zulu; Ken: Kenia; NYu: Nor Yungas Bolivia (este estudio); Brl: Brasil; AyB: Aymara Bolivia; Ekch: Ecuador Kichwa; Emz: Ecuador Mestizo; Ewa: Ecuador Waorani; QeB: Quechua Bolivia; ESP: España; ITL: Italia.

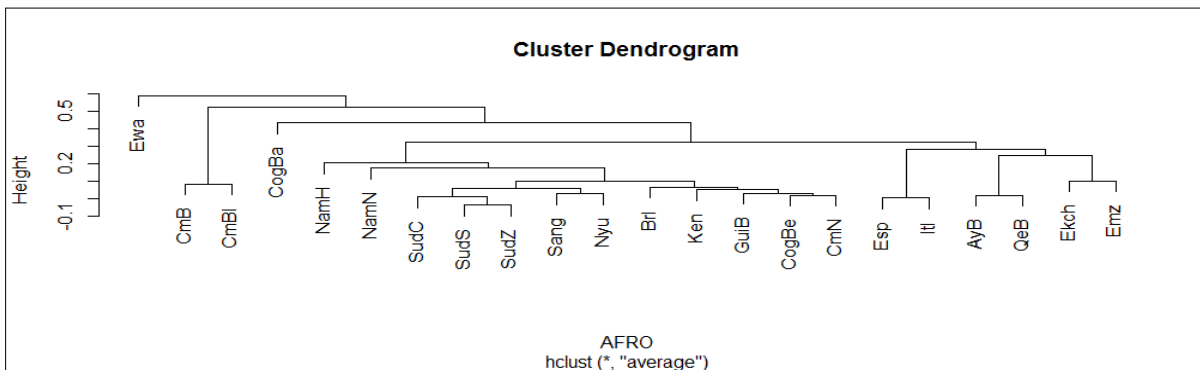


Fig. IV.11: Dendrograma basado en la matriz de distancias F_{st} , para Nor Yungas y 21 poblaciones mundiales.

CogBe: Congo Bateke; CogBa: Congo Babinga; CmB: Camerún Baka, CmBl: Camerún Bakola, CmN: Camerún Ngoumba; Sang: República Centroafricana Sanga; GuiB: Guinea Bissau; SudC: Sudáfrica Coloured; NamH: Namibia Herero; NamN: Namibia Nama; SudS: Sudáfrica Sotho; SudZ: Sudáfrica Zulu; Ken: Kenia; NYu: Nor Yungas Bolivia (este estudio); Brl: Brasil; AyB: Aymara Bolivia; Ekch: Ecuador Kichwa; Emz: Ecuador Mestizo; Ewa: Ecuador Waorani; QeB: Quechua Bolivia; ESP: España; ITL: Italia.

IV-2.3 Cromosoma Y

La tipificación de las muestras estudiadas para los marcadores STRs del cromosoma Y se describe en el anexo I (cromosoma Y) de la presente tesis. Al analizar los 17 marcadores STRs del haplotipo del cromosoma Y, se hallaron 29 haplotipos diferentes. 21 de ellos únicos, en un total de 39 individuos no emparentados por línea paterna.

Las frecuencias alélicas que presentan los marcadores analizados en esta población de Nor Yungas se observan en la Tabla IV.10.

Tabla IV.10: Frecuencias alélicas para los 17 loci microsatélites del cromosoma Y.

Locus	Alelos	Frecuencia	Locus	Alelos	Frecuencia	Locus	Alelos	Frecuencia	Locus	Alelos	Frecuencia
DYS456	13	0,026	DYS458	14	0,051	DYS385B	11	0,051	DYS392	11	0,590
	14	0,077		15	0,051		12	0,026		13	0,256
	15	0,513		16	0,385		14	0,154		14	0,103
	16	0,308		17	0,359		15	0,128		15	0,026
	17	0,077		18	0,077		16	0,128		16	0,026
				19	0,077		17	0,256			
DYS389I	13	0,641					18	0,154	DYS437	13	0,026
	14	0,333	DYS19	13	0,205		19	0,077		14	0,744
	16	0,026		14	0,308		20	0,026		15	0,205
				15	0,282					16	0,026
DYS390	20	0,051		16	0,077	DYS393	11	0,026			
	21	0,410		17	0,128		12	0,026	DYS438	9	0,026
	22	0,026					13	0,538		10	0,154
	23	0,128	DYS385A	11	0,231		14	0,256		11	0,641
	24	0,333		13	0,077		15	0,154		12	0,179
	25	0,051		14	0,256						
				15	0,103	DYS391	9	0,051	DYS448	18	0,051
DYS389II	29	0,154		16	0,179		10	0,538		19	0,231
	30	0,256		17	0,103		11	0,410		20	0,385
	31	0,436		18	0,051					21	0,308
	32	0,154				DYS439	10	0,026		22	0,026
			DYS635	20	0,026		11	0,231			
GATA H4	10	0,077		21	0,538		12	0,462			
	11	0,410		22	0,154		13	0,282			
	12	0,513		23	0,256						
				24	0,026						

La diversidad (h) varió entre 0.389 para el locus menos polimórfico DYS437 y 0.759 para el que presentó mayor variabilidad DYS385a.

Los haplogrupos para el cromosoma Y, inferidos a partir del haplotipo completo por medio del método bayesiano ejecutado por el programa Haplogroup Predictor, se detallan en la Tabla IV.11. 93% (27/29) de los haplotipos pudieron ser asignados a un haplogrupo único con una probabilidad a posteriori mayor al 95%. El detalle de la asignación a haplogrupos según Haplogroup Predictor y World Haplogroup, al igual que las ubicaciones geográficas de los haplotipos que se hallaron coincidentes en la base de datos YHRD se puede consultar en el anexo I (haplotipos y haplogrupos cromosoma Y).

Resumiendo la información, observamos en la Tabla IV.10 que el haplotipo más frecuente es E1b1a, que junto a E1b1b alcanzan el 42% de los haplotipos hallados.

Tabla IV.11: Resumen de los haplotipos hallados.

HAPLOGRUPO	n	%
E1b1a	10	32
E1b1b	3	10
R1b	5	17
I2a	2	7
J1	1	3
J2a1b	1	3
Q1a2a1a1	7	24
Total	29	100

El haplogrupo E1b1a, se observa como el más frecuente (32%). El haplogrupo E1b1b se presenta en una frecuencia del 10%. El haplogrupo europeo característico R1b presentó una prevalencia del 17%, y la contribución paterna asociada al Haplogrupo Q alcanza el 24%.

Al ingresar los haplotipos completos (17 marcadores Y-STR) en la base mundial YHRD, se observa que 6 haplotipos resultaron coincidentes con registros anteriores. Para los restantes haplotipos se realizaron comparaciones en base al haplotipo mínimo (9 marcadores) o evaluando 7 marcadores. En 19 casos se hallaron coincidencias con registros anteriores, mientras que 4 haplotipos no se hallaron descritos en otras poblaciones.

Hay una fuerte coincidencia en los haplotipos agrupados como E1b1a con los registrados en el continente Africano y poblaciones afroestizas en otras regiones geográficas. Para los perfiles agrupados como E1b1b, que tiene una amplia distribución en el este africano y Eurasia occidental, se observan coincidencias con muestras de ese origen. Los perfiles agrupados como R1b hallaron correspondencia con registros ubicados en Europa occidental. De los siete haplotipos que se agrupan en el subtipo Q, se hallaron coincidencias con muestras de Eurasia, de población nativa americana y de poblaciones sudamericanas con origen mestizo. Dos haplotipos Q resultaron ser coincidentes con registros tomados en Bolivia. Estos datos se resumen en la Tabla IV-12.

Tabla IV-12: Haplogrupos asignados y localizaciones geográficas de los haplotipos hallados.

HAPLOTIPO	MUESTRAS	HAPLOGRUPO	Y-STR database
1	8003	E1b1a	África (Benín) y afroestizas
2	8008	Q	Eurasia (Finlandia, Bosnia)
3	8010-8018-8021-8023-8044-8046-8026	E1b1a	África (Angola, Sudáfrica, Benín, Mozambique) y afroestizas
4	8011-8216	Q	N/E
5	8012	E1b1a	África (Guinea Bissau, Sudáfrica, Costa de Marfil, Uganda, Camerún, Guinea Ecuatorial) y afroestizas
6	8014-8029-8016	Q	Bolivia (La Paz)
7	8042-8047-8036	R1b	Europa (Alemania, España, Portugal, Suiza, Serbia, Eslovaquia)
8	8022	E1b1b	N/E
9	8027-8307-8115	E1b1a	África (Angola)
10	8037	I 2a	África (Sudáfrica, Namibia, Angola) y afroestizas
11	8050	E1b1a	África (Angola, Mozambique, Ghana)
12	8025-8202	E1b1a	África (Guinea Ecuatorial) y afroestizas
13	8201-8217	R1b	Alaska/Europa (España, Bélgica)
14	8211	Q	Perú
15	8212	I2a	N/E
16	8213-8209	E1b1a	África (Angola, Sudáfrica) y afroestizas
17	8214	Q	Bolivia (La Paz)
18	8215	R1b	Europa (España)
19	8305-8311	E1b1a	África (Guinea Bissau, Angola, Sudáfrica, Guinea Ecuatorial, Costa de Marfil, Mozambique, Somalia)
20	8310	R1b	N/E
21	8314	J2a1b	Bolivia (La Paz)
22	8100-8208	E1b1b	Euroasiático/Afroasiático
23	8101	E1b1b	África (Angola, Sudáfrica, Costa de Marfil, Namibia, Mozambique) y afroestizas
24	8102	Q	Groenlandia
25	8106	E1b1a	África (Benín) y afroestizas
26	8107	R1b	Europa (España)
27	8108	E1b1a	África (Sudáfrica) y afroestizas
28	8111	J1	Afroasiático
29	8113	Q	México

La discriminación de muestras por localidad fue de 14 para Tocaña, 10 para Chijchipa, 5 para Mururata y 10 para San Joaquín. Al analizar la muestra

considerando la población estudiada, se observa en la Figura IV.12 una distribución homogénea de los haplotipos.

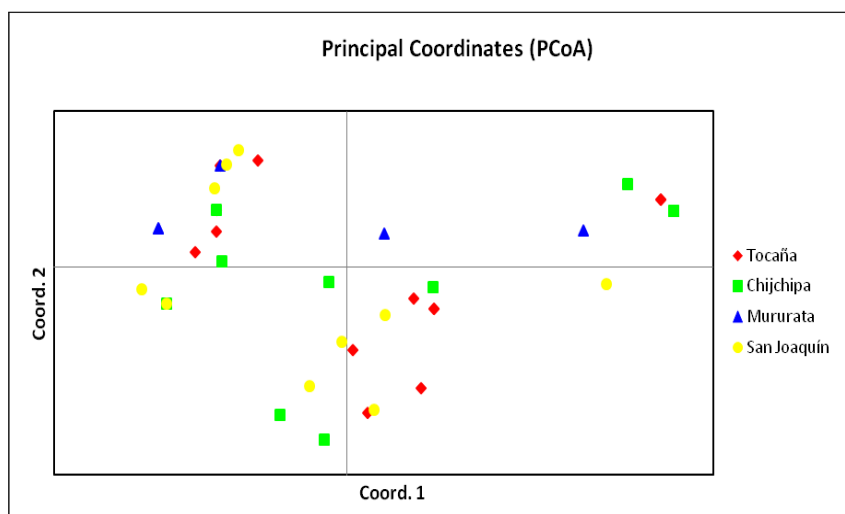


Fig. IV.12: Análisis de coordenadas principales para los haplotipos del cromosoma Y discriminados por población.

En la tabla IV-13 se describe la distribución de los haplogrupos por localidad, y en la Figura IV.13, se muestra la misma en los gráficos de torta. La localidad de Mururata se presenta más disímil al resto, con ausencia de haplogrupo Q.

Tabla IV-13: Distribución de haplogrupos por localidad.

LOCALIDAD	Haplogrupo	n	%
TOCAÑA	E1b1a	6	43
	E1b1b	1	7
	R1b	2	14
	I 2a	1	7
	Q1a2a1a1	4	29
CHIJCHIPA	E1b1a	3	30
	R1b	3	30
	I2a	1	10
	Q1a2a1a1	3	30
MURURATA	E1b1a	3	60
	R1b	1	20
	J2a1b	1	20
SAN JOAQUIN	E1b1a	4	40
	E1b1b	2	20
	R1b	1	10
	J1	1	10
	Q1a2a1a1	2	20

Destacado en celeste para los linajes africanos, lila para los eurasiáticos y beige para los nativos americanos

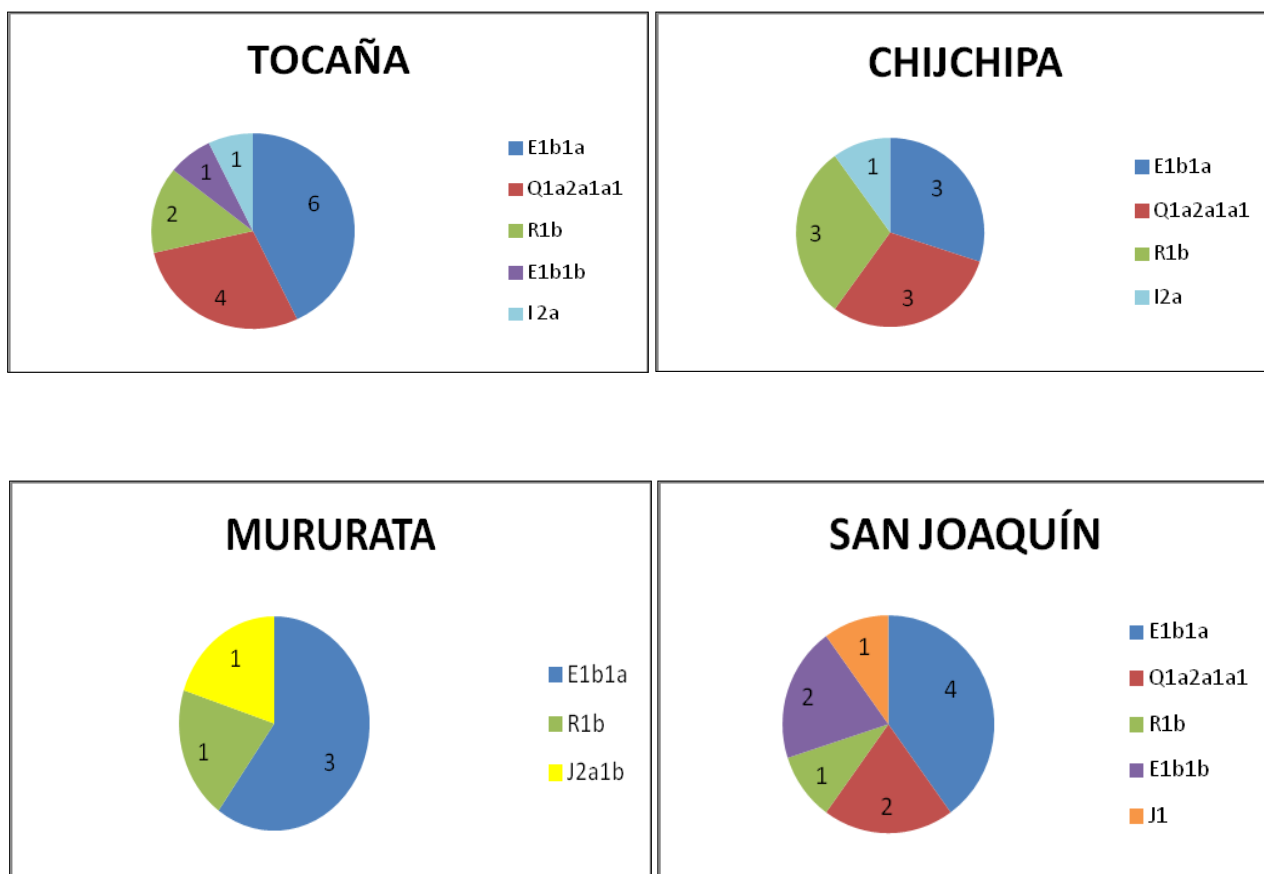


Fig. IV.13: Distribución de los haplogrupos hallados en las localidades de Tocaña, Chijchipa, Mururata y San Joaquín.

Mediante el análisis de distancia genética entre pares de poblaciones se observa en la Tabla IV.14 que la distancia genética de Nei arroja los mayores valores entre Chijchipa y Mururata.

Tabla IV.14: Distancia genética de Nei entre pares de poblaciones.

	TOCAÑA	CHIJCIPA	MURURATA	SAN JOAQUÍN
TOCAÑA	0.000			
CHIJCIPA	0.111	0.000		
MURURATA	0.274	0.349	0.000	
SAN JOAQUÍN	0.170	0.211	0.215	0.000

De acuerdo al origen continental de los linajes obtenidos se realizaron las correspondientes redes de asociación de los haplogrupos E (África y sur de Europa), R-I-J (Eurasia) y Q (América) (Fig. IV.14, IV.15, IV.16).

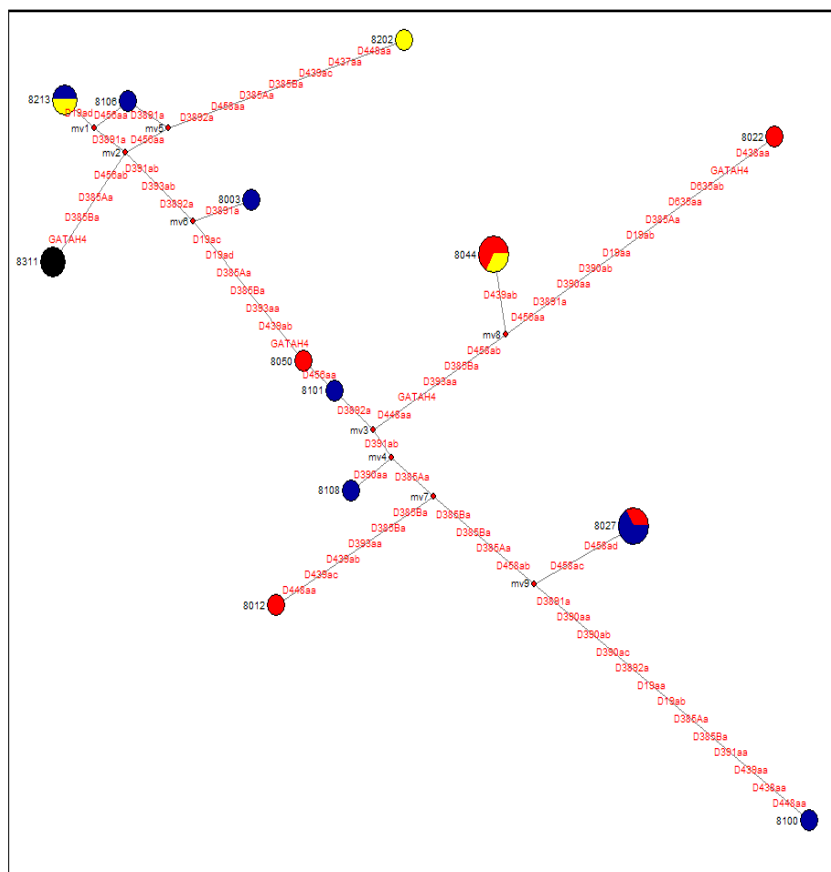


Fig. IV.14. Network para los haplotipos E1b1a y E1b1b, observando su distribución poblacional. Tocaña: rojo, San Joaquín: azul, Chijchipa: amarillo, Mururata: negro.

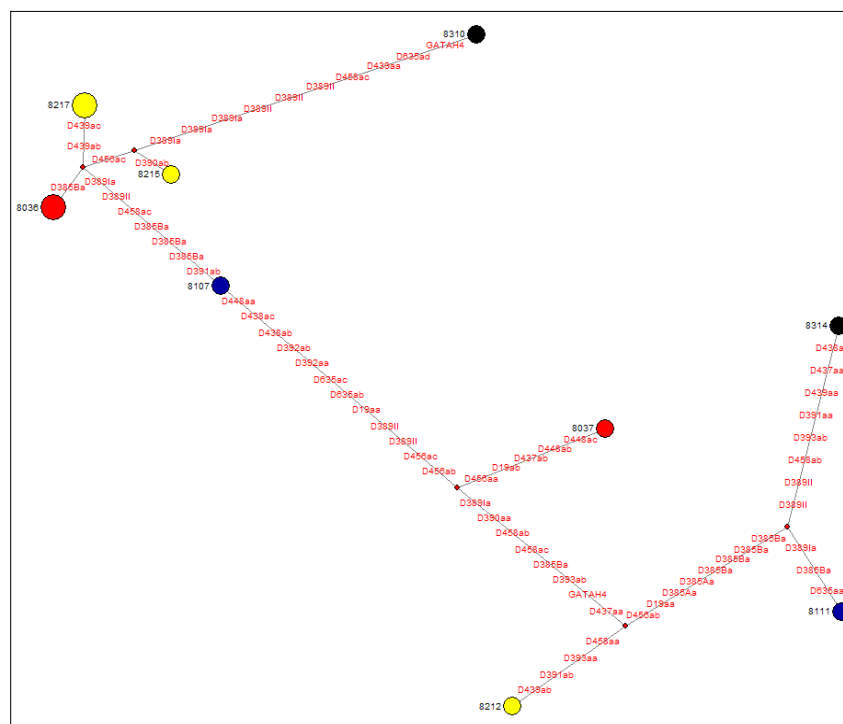


Fig. IV.15. Network para los haplotipos R, I y J, en las distintas poblaciones estudiadas. Tocaña: rojo, San Joaquín: azul, Chijchipa: amarillo, Mururata: negro.

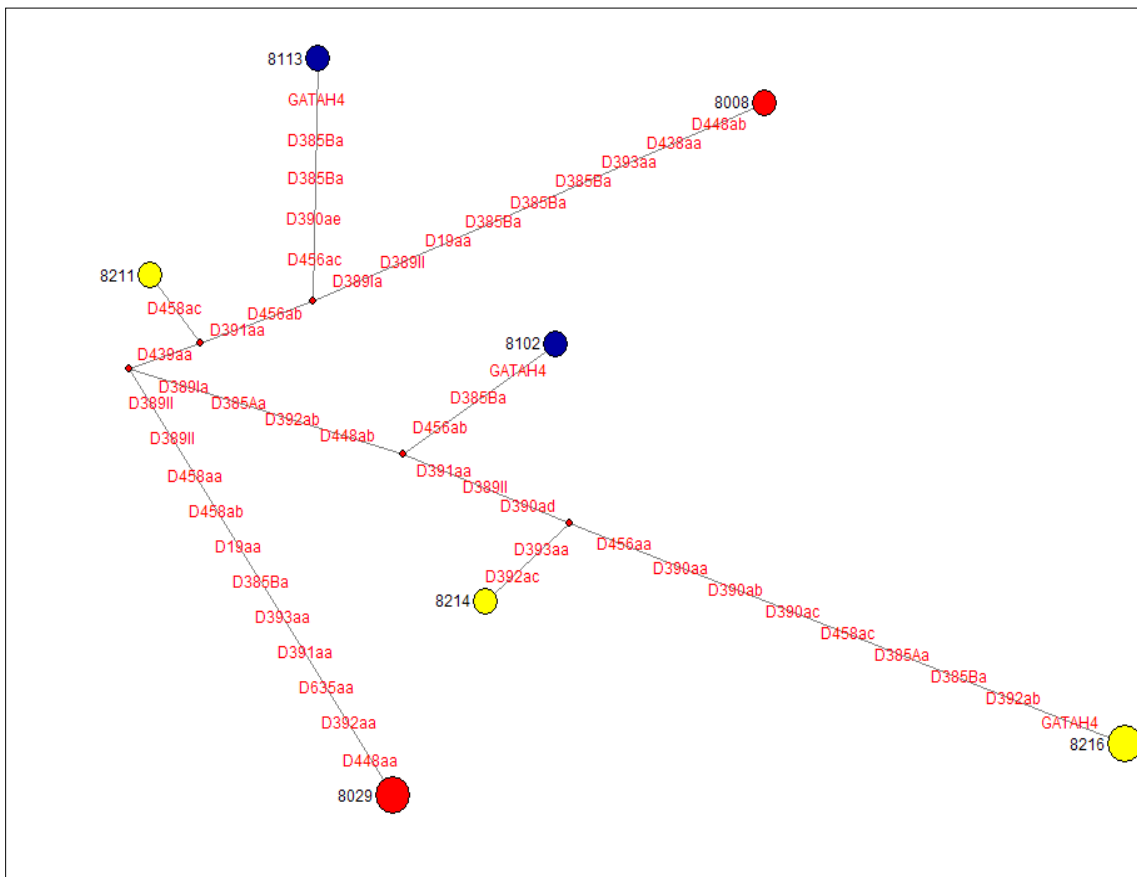


Fig. IV.16. Network para los haplotipos categorizados como Q, en las distintas poblaciones estudiadas. Tocaña: rojo, San Joaquín: azul, Chijchipa: amarillo.

Analizando comparativamente los resultados obtenidos para la población de Nor Yungas con otras poblaciones africanas, sudamericanas y europeas, se obtuvieron los siguientes valores de R_{ST} entre pares de poblaciones. Se observa que Nor Yungas presenta una baja o nula divergencia genética con Angola, Benín y Bolivia, Departamento El Beni (Tabla IV.15) y valores altos de divergencia (mayores a 0.35) con las demás poblaciones analizadas.

Asimismo, estos datos graficados en MDS (Fig. IV.17), muestran claramente la cercanía de la población afroboliviana de Nor Yungas con las de Angola, Benín y Bolivia.

Tabla IV.15: Distancia genética entre pares de poblaciones

	NY	ANG	BEN	BOL	COL	CDM	GHA	MOZ	NAM	SOM	SAF	ESP	UG
NY													
ANG	0.0056												
BEN	0.0077	0.0021											
BOL	0.0078	0.0031	0.0065										
COL	0.3562	0.3435	0.3380	0.3064									
CDM	0.6307	0.5321	0.4587	0.3806	0.0833								
GHA	0.5354	0.4555	0.4046	0.3577	0.0772	0.0353							
MOZ	0.5659	0.4815	0.4219	0.3585	0.0654	0.0387	0.0210						
NAM	0.5241	0.4470	0.3972	0.3497	0.0662	0.0235	0.0028	0.0013					
SOM	0.7370	0.6340	0.5427	0.4188	0.0893	0.5481	0.5148	0.1906	0.2556				
SAF	0.6709	0.5717	0.4906	0.3929	0.0788	0.0506	0.0284	0.0315	0.0180	0.2441			
ESP	0.8413	0.8311	0.8201	0.7683	0.1514	0.0921	0.0893	0.0597	0.0669	0.0904	0.0687		
UG	0.6725	0.5703	0.4911	0.3941	0.0798	0.4189	0.4127	0.1067	0.1823	0.5157	0.2307	0.0381	
VEN	0.4821	0.4174	0.3815	0.3448	0.0654	0.5077	0.5374	0.0814	0.1218	0.3707	0.1255	0.0357	0.3780

NY: Nor Yungas, ANG: Angola, BEN: Benín, BOL: Bolivia, COL: Colombia, CDM: Costa de Marfil, GHA: Ghana, MOZ: Mozambique, NAM: Namibia, SOM: Somalia, SAF: Sudáfrica, ESP: España, UG: Uganda. En negrita los valores de divergencia genética más bajos.

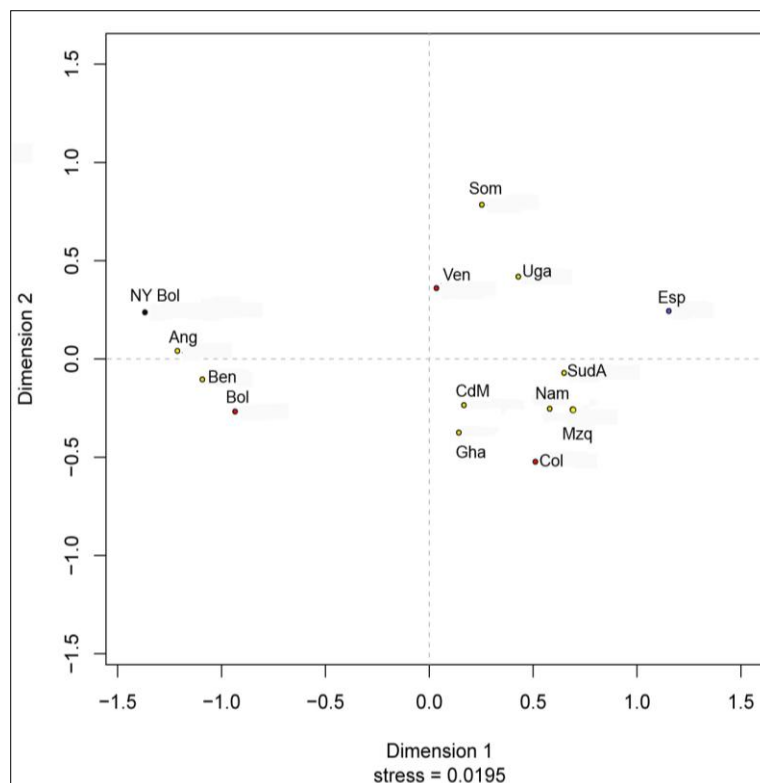


Fig. IV.17: Gráfico bidimensional MDS de divergencia genética (R_{ST}) entre pares de poblaciones. NY Bol: Nor Yungas Bolivia (este estudio); Ang: Angola; Ben: Benín; Bol: Bolivia; Ven: Venezuela; Uga: Uganda; Esp: España; CdM: Costa de Marfil; Gha: Ghana; Nam; Namibia; Col: Colombia; Mzq: Mozambique; SudA: Sudáfrica.

La Fig. IV-18 grafica la estimación del aporte de diferentes orígenes continentales en base a los marcadores del cromosoma Y para la población estudiada, en comparación con poblaciones parentales nativas, africanas y europeas, obtenida mediante la aplicación del software ADMIX95. Se observa que la población yungueña está formada por el aporte de un 21% (5% de desvío estándar) de linajes nativos, un 60% (7% d. s) de patrilíneas de origen africano y un 19% (4% d.s.) de aporte masculino europeo.

Todos los individuos que se autoadscribieron como afrodescendientes, presentaron al menos uno de los linajes materno o paterno, de origen africano, y hay 20 varones que presentan ambos linajes de este origen.

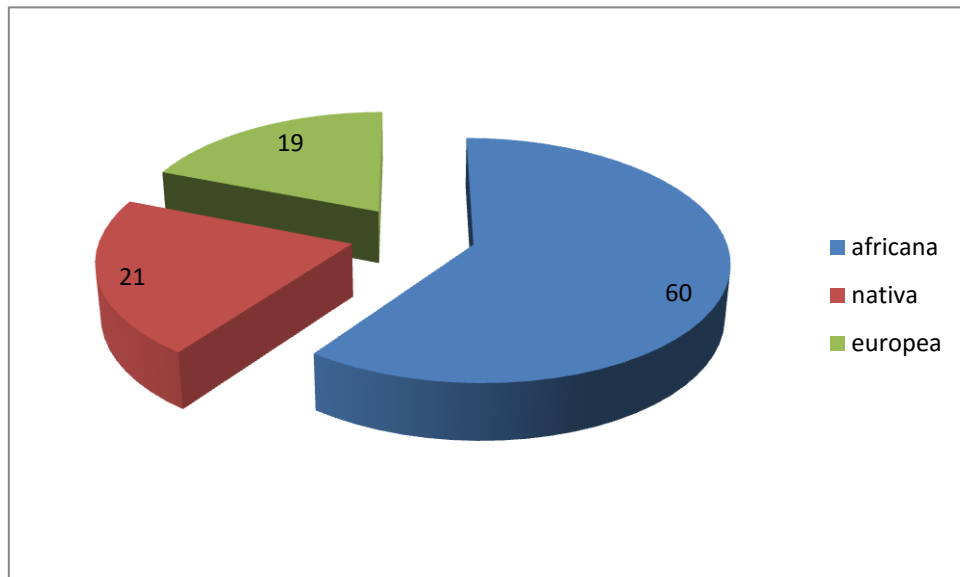


Fig. IV-18: Estimación del aporte de diferentes orígenes continentales por línea paterna en la población yungueña, en comparación con parentales nativas, africanas y europeas.

CAPITULO V: DISCUSIÓN

V-1 De la información genealógica

Las comunidades afrobolivianas presentan varias particularidades. El análisis de los aspectos demográficos de la población permite apreciar algunas características relevantes para su discusión. Con respecto a los movimientos migratorios, la información obtenida permite observar que los actuales habitantes proceden de antecesores locales o que nacieron en la cercanía. Los datos genealógicos obtenidos nos permitieron determinar que el 85% de los antepasados hasta dos generaciones previas eran originarios de la región de Nor Yungas y Suryungas, es decir que se trata de una población con un importante componente local, siendo muy bajo el componente inmigratorio. La localidad de Mururata es una de las más antiguas, siendo los otros poblados de origen más reciente. Esto podría explicar el bajo porcentaje de antecesores nacidos en la localidad donde residen los actuales pobladores para Tocaña, Chijchipa y San Joaquín, y la gran incidencia de antecesores nacidos en otros centros poblados cercanos, dentro de los cuales se encuentra Mururata.

Existen dos factores principales que pueden haber influido en este hecho, como el relativo grado de aislamiento que estas comunidades tienen y han tenido en el pasado reciente, y la actividad económica regional mayoritariamente dedicada al cultivo de la coca, que se ha mantenido sin mayores cambios desde los registros que refieren la llegada a la zona de los hacendados con sus esclavos.

Por el contrario, se observa un gran proceso de emigración, afectando al 94% de las unidades familiares. La actual migración de los hijos, hacia localidades extra-regionales, extra-departamentales o extra-nacionales parece ser fruto de la búsqueda de nuevos horizontes laborales y formativos propiciada por una movilidad ascendente de las familias (Pérez Inofuentes, 2010), una mayor integración de la zona al resto del país a partir de la mejora de los medios de transporte y los caminos, y la ampliación de oportunidades generada a partir de los cambios político-económicos acontecidos en los últimos años de la vida social del Estado Plurinacional de Bolivia. Según informes de Banco Mundial, durante la década 2004-2014, la economía boliviana creció a una tasa anual promedio del

4,9% debido a los altos precios de las materias primas y una política macroeconómica prudente. Como consecuencia, la pobreza moderada se redujo del 59% al 39%, entre 2005 y 2014, y el coeficiente de Gini de desigualdad bajó de 0,60 a 0,47.¹⁵

El alto índice de natalidad (4,4 hijos por mujer, y 5,4 hijos si tomamos las mujeres que han terminado su etapa reproductiva) es contrarrestado en parte por la gran tasa de emigración (42% de los hijos dejan sus comunidades), pero aún con esos números sigue existiendo un alto potencial de crecimiento demográfico por generación, superior al 50%.

Resultan llamativos ciertos datos reproductivos de las comunidades, al menos para poblaciones rurales, como la relativamente alta edad promedio al primer embarazo (23,3 años), que supera el promedio de edad al primer nacimiento de Bolivia, el cual es de 21,2 años según una estimación del 2008 (www.cia.gov/library/publications/the-world-factbook/fields/2256.html), y lo registrado en muchas comunidades “tradicionales”, que según Crognier et al. (2002) citando a Mc Donald (1984) es de 20,9 años. Por el contrario aquel valor es similar al registrado por un estudio realizado sobre más de 700 mujeres de la población aymara de Bolivia de comunidades rurales con una altura superior a los 3800 metros (Crognier et al., 2002). Es difícil ponderar la importancia de los múltiples factores implicados, lo que además excede los límites del presente trabajo, pero estos autores señalan que las explicaciones tradicionales acerca de la baja de la fecundidad causada por la hipoxia de la altura tendrían menor importancia, lo que demuestran al comparar poblaciones urbanas y rurales del altiplano, donde la hipoxia es similar pero varían las condiciones sanitarias, económicas y socioculturales. Determinadas pautas culturales, como la relativamente alta edad de la mujer para convivir en pareja, podrían influir en una tardía edad para el primer hijo, pero luego la fecundidad es alta (6.2 hijo por mujer). En Nor Yungas la altitud no es un factor condicionante, pero también se da una relativamente tardía edad de la mujer al nacimiento del primer hijo. No obstante esto, se observa una alta tasa de natalidad, aunque no es tan claro que lo sea en la edad promedio al nacimiento del último hijo.

¹⁵ Fuente: <http://www.bancomundial.org/es/country/bolivia>

La información censal por departamentos o municipios a partir del censo nacional realizado en 2012 aun no ha sido oficialmente publicada, lo cual dificulta analizar la situación actual de estas comunidades. Los datos más recientes corresponden a la información obtenida casa por casa únicamente en la localidad de Tocaña por la médica de las familias, Dra. Carvajal Quispe.

La observación en la conformación de las familias indica una tendencia general a la endogamia intraétnica. La población de autoasignación africana se comporta en forma cerrada a este respecto, observándose la preferencia por uniones dentro del propio grupo, registrándose solamente dos familias de constitución mixta africana-aymara y dos relaciones paterno-filiales de origen mixto.

Algunos vínculos biológicos que surgen del análisis de los datos genéticos no fueron declaradas por los entrevistados, entendiéndose de ello que revelan lazos de parentesco muy distantes, que superan las dos generaciones anteriores relevadas mediante la encuesta administrada, es decir originados en vínculos establecidos por generaciones anteriores de las que no consta registro mnémico en los entrevistados.

No es habitual que en estudios genéticos se realice un registro de datos genealógicos, por lo que ha sido difícil comparar los hallazgos con otras comunidades afrodescendientes similares de Latinoamérica.

V-2 De los marcadores biparentales

El análisis de los 15 marcadores autosómicos STR para la población estudiada muestra una fuerte y preservada presencia africana, en contraste con otras poblaciones mestizas latinoamericanas en general y bolivianas en particular. La población afroboliviana de Nor Yungas presenta similitud con poblaciones africanas como la de Mozambique, Angola y Uganda, y difiere de todas las poblaciones latinoamericanas con las que fueron comparadas. Esto marca un fuerte contraste con los estudios en los trabajos de Cifuentes et al., (2008) y Rocabado et al., (2009) que estudiaron poblaciones mestizas de La Paz y Santa Cruz en base a los mismos loci STR (en número de 12 y 15), en donde se destacan sus similitudes con poblaciones de las comunidades Quechuas y Aymaras y otras peruanas, diferenciándose de la población boliviana del Departamento de El

Beni y de otros países sudamericanos como Chile, Costa Rica, El Salvador, Venezuela, Honduras, Argentina, Brasil y México.

Cuando la población afroyungueña es estudiada para estos marcadores, que son los de elección para estudios forenses, la muestra presenta particularidades, lo que permite observar la importancia de la generación de datos de frecuencia alélica y parámetros forenses para cada región geográfica de Bolivia que esté habitada por grupos étnicos y/o poblacionales diversos. De allí que los resultados obtenidos contribuirán a aumentar la base de datos para loci autosómicos STR, siendo una herramienta útil para estudios de identificación y filiación, cálculos forenses y estudios genético-poblacionales.

Analizando la composición de la población afroboliviana de acuerdo a su origen, se observa que comparte con otras sudamericanas su conformación trihíbrida, aunque nos muestra algunas particularidades. Su rasgo distintivo es la elevada magnitud del aporte africano en la conformación de la población.

Es interesante comparar los hallazgos de la población afroyungueña con otros estudios realizados en Brasil, país que se considera como uno de los más heterogéneos en el mundo y en el que los procesos de mestizaje han ocurrido de diversa manera en las diferentes regiones. En el estudio de Santos et al., (2010) en base a marcadores bialélicos INDELS indicadores de ancestría fueron caracterizadas varias ciudades cosmopolitas del Sur y Noreste, y comunidades afrodescendientes de la región amazónica. La población afrodescendiente mostró para la región Noroeste, una predominancia de ancestría africana, y para región Sur una mayoritaria ancestría europea. En la población de Belén, el aporte de los tres grupos continentales fue significativo, alcanzando el europeo un 60%, seguido por el nativo americano (28%), y una menor contribución africana (12%).

Los estudios de Callegari-Jacques et al. (2003) también realizados sobre las 5 macrorregiones del Brasil coinciden en observar que el porcentaje de contribución europea es mayor en el Sur (81-82%) y menor en el Norte (68-71%). El componente africano es más bajo en el Sur (11%) mientras los valores mayores se encuentran en el Centro, Oeste y Sudeste (18-20%) Los valores extremos para la fracción amerindia se encuentran en el Sur y Sudeste (7-8%) y en el Norte (17-18%). Para la población urbana de Salvador, en Bahía, de marcada influencia africana, Machado

(citado por Carvalho Gontijo, 2008) halló un 49% de contribución parental africana, un 36% de europea y un 15% de nativa americana.

Otras poblaciones nativas que en su historia han recibido aportes de ancestría europea y africana como las Centroamericanas de las áreas cercanas al Caribe, tal la población mestiza de Nicaragua, muestran ancestría trihíbrida. Los grupos afroindígenas nicaragüenses como los Miskitos, Sumus, Garifundas y Ramas alcanzan aproximadamente un 30% de la población general del país. Las proporciones de la población mestiza de Nicaragua en base a 15 marcadores autosómicos STR fue 69% de españoles, 20% de africanos de Guinea Ecuatorial y Angola y 11% de amerindios mexicanos (Nuñez et al., 2010) lo que muestra un aporte africano de menor cuantía que en la población afroboliviana estudiada.

Wang et al. (2008) estudiaron 13 poblaciones mestizas en 7 países latinoamericanos, desde México al Cono Sur, focalizando en las regiones donde durante la época colonial tuvo lugar la influencia de la trata de personas, hallando que en general, el porcentaje de ancestría africana no supera el 10%.

Por otra parte, los resultados generales en base a AIMS (ancestry informative markers- marcadores de ancestría) muestran una importante variabilidad en la contribución génica que compone a las distintas poblaciones mestizas sudamericanas, con aportes africanos, europeos y nativos diferentes. El componente africano puede ser considerado bajo (1 al 5%) en poblaciones argentinas o mexicanas, a alto o muy alto en poblaciones caribeñas como Tobago (94%). El aporte europeo varía entre el 3% en poblaciones afroamericanas de EE.UU (Gullah) y el 80% en la población general de diferentes ciudades de Argentina (Avena et al., 2012).

Galanter et al. (2012) estudiaron, mediante un panel de 443 AIMS, 18 poblaciones de Latinoamérica, dentro de las cuales se pueden destacar cuatro en Bolivia: Beni, Cochabamba, La Paz y la región subtropical de las Yungas. Respecto de la región de las Yungas, estos autores determinaron que la ancestría africana tiene una media del 78%, y que el proceso de miscegenación sucedió primariamente con grupos nativos de la región (media de 13%) y en menor cuantía con europeos (media de 4%). Además, estiman en aproximadamente 6.7 generaciones el comienzo del proceso. Considerando 29 años entre generaciones, este proceso

habría comenzado hace unos 200 años, en los comienzos del siglo XIX.

A estos resultados se unen los de Heinz et al., (2015) que hallan en base al estudio de AIMS sobre sólo 19 muestras de la localidad de Tocaña el 56% de ancestría africana, el 30% de nativo americano y el 14% de europeo, similares a los valores de mestizaje hallados en nuestro estudio utilizando marcadores biparentales.

En función de las consideraciones históricas respecto de la conformación de las comunidades afrobolivianas, es interesante hacer una comparación con las consideradas comunidades quilombolas o remanentes de quilombos, que en contraste con otras poblaciones sudamericanas han estado más aisladas, por lo que evidencian una alta contribución africana, y un grado variable de aporte nativo y europeo dependiendo de la historia demográfica de la comunidad (Luizon, 2007).

Carvalho Gontijo (2008) estudió dos comunidades quilombolas en las regiones (o estados) de Rondônia y Bahía analizando 13 marcadores AIMS. La comunidad ubicada en el estado de Rondônia muestra un 42% de contribución nativa, un 38% de aporte africano y una minoría de 20% componente europeo, mientras que la comunidad residente en el estado de Bahía, el componente africano ascendió al 57%, quedando el nativo en el 41% y sólo un 2,5% de aporte europeo. Ambas comunidades comparten un elevado componente nativo y se muestran como intermedias desde el punto de vista poblacional entre poblaciones nativas americanas y africanas.

Por su parte, Luizon (2007) estudió también mediante AIMS las comunidades quilombolas de Barra y São Gonçalo en Bahía y Valongo en Santa Catarina, encontrando que Barra está conformada en un 95% por el componente africano, y una minoría nativa, sin componente europeo, la de Valongo presenta una ancestría africana del 68% y un componente europeo alto de 32%, sin componente nativo, y la São Gonçalo se muestra una comunidad de ancestría trihíbrida nativa (10%), africana (68% y europea (22%).

Destaca entonces en la población yungueña estudiada su conformación trihíbrida, pero con un componente de ancestría africana marcado, mayor que en muchas

poblaciones afrodescendientes latinoamericanas.

V-3 De los linajes maternos

El estudio de los linajes maternos mitocondriales arroja una importante presencia de linajes africanos, típicamente designados como haplogrupos L0 a L6 (Kivisild et al., 2004; Behar et al., 2008, Harich et al., 2010), siendo los de mayor frecuencia los pertenecientes a los grupos L0a y L1c. La distribución de frecuencias del macrohaplogrupo L en su continente de origen se observa en la Fig. V-1. En el mismo puede observarse un gradiente ascendente de Norte a Sur, con una amplia presencia en el África subsahariana.

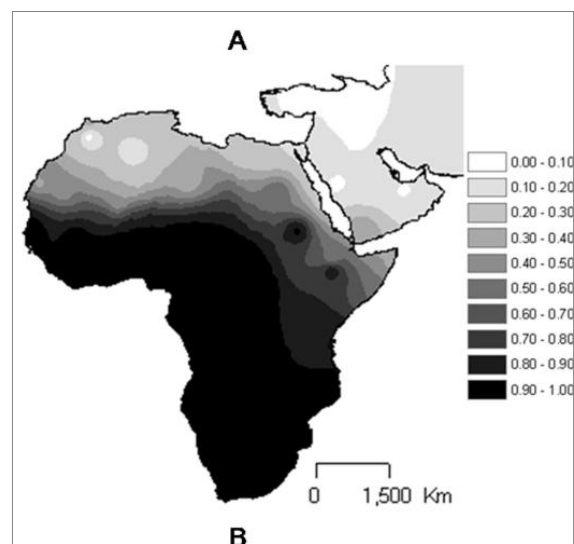


Fig. V-1: Distribución de frecuencias del macrohaplogrupo L en el continente Africano y el Sudoeste asiático (tomado de Harich et al., 2010).

Los primeros subtipos de nuestra variación materna que emergieron hace 150 a 180 mil años y persisten en la actualidad son el haplogrupo L0 y sus ramas. L0 resulta ser el que aparece más tempranamente (140-160 mil años atrás), e incluye los subhaplogrupos L0a, L0d, L0f y L0k. Los linajes L2 surgieron en África tiempo después, alrededor de 90.000 a 105.000 años atrás, mientras que el haplogrupo L3 surgió en el Este africano, cerca de 65 a 80 mil años atrás, sufriendo una divergencia subsiguiente en múltiples subtipos. Dos linajes derivados de L3, M y N, 60 a 65 mil años atrás, dejaron el África hacia Eurasia (Rosa & Brehm, 2011).

Como hemos señalado, uno de los haplogrupos con mayor presencia en la muestra afroboliviana estudiada es el haplogrupo L0 y su subtipo L0a, que

alcanza un 22%. Analizando el patrón de distribución de estos tipos mitocondriales que son parcialmente coincidentes, se observa una mayor proporción en el Este africano y la península arábiga (Fig. V-2, Harich et al., 2010). La diferencia entre ambos patrones la establecen los subtipos L0d y L0f que se restringen al Sur africano.

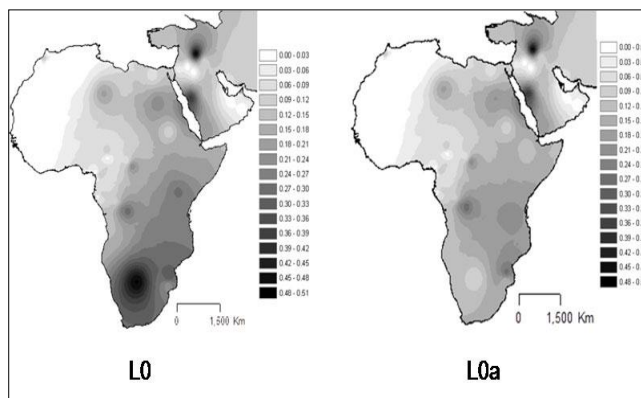


Fig. V-2: Distribución de frecuencias de los haplogrupo L0 y su subtipo L0a en el continente Africano y el Sudoeste asiático (tomado de Harich et al., 2010).

Los linajes L0a se originaron probablemente en el Paleolítico en el Este de África hace aproximadamente 40-55 mil años, y hoy están distribuidos ampliamente por el África del Este, Central y Sudáfrica en un porcentaje cercano al cuarto de los linajes maternos allí ubicados. Los haplogrupos L0a1 y L0a2, que son los hallados en la muestra afroboliviana de la región yungueña están presentes en proporciones significativas en el África del Este y Sudeste (Salas et al., 2004). El subtipo L0a1, que se presenta en elevado porcentaje (18%) en la región yungueña, tiene distribución en el Este y Sudeste africano, incluyendo Nubia, Sudán y Etiopía (Rosa & Brehm, 2011). Con frecuencias algo más bajas, L0a1 también se encuentra en el Oeste africano.

El linaje L0a2, también presente en la muestra yungueña, se distribuye con la dispersión de los hablantes Bantú a través de Sudáfrica hace 3 mil años (ver Rosa & Brehm, 2011 para una revisión).

El linaje L1, que se halló en la muestra estudiada en un 32%, se ubica preponderantemente en el África occidental y Centro-occidental, concentrándose su subtipo L1c, en la región costera Centro-occidental (Fig. V-3).

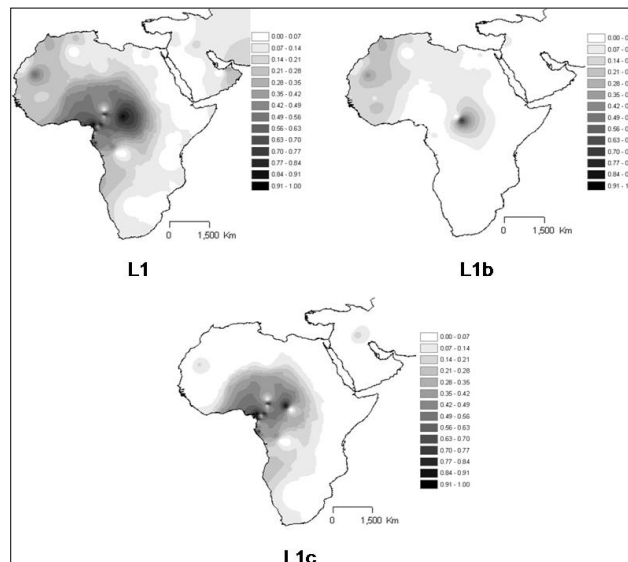


Fig. V-3: Distribución de frecuencias de los haplogrupo L1 y sus subtipos L1b y L1c en el continente Africano y el Sudoeste asiático (tomado de Harich et al., 2010).

Los linajes mitocondriales L1 surgieron hace 140-150 mil años. L1b y L1c, que son los subtipos hallados en la muestra yungueña, fueron propuestos como linajes autóctonos del África central, hace 85-100 mil años, a partir de donde se expandieron. L1b se concentra en el África Centro-oeste, particularmente en las regiones costeras (Rosa & Brehm, 2011) y en el Oeste (Salas et al., 2004). Para el subtipo L1b1, variante hallada en la muestra afroyungueña estudiada, Hünemeier et al. (2007) indica una frecuencia en el África Oeste (12,3%) siete veces mayor que la hallada en África Sudeste o Centro-oeste (1.7%).

El subtipo L1c que alcanza un 27% de los haplotipos mitocondriales en la muestra yungueña estudiada, aparece frecuentemente en el África central (2-96%), siendo menos común en el Norte (4-7%), Oeste (2-10%) y África oriental (1-5%). Es el haplotipo más observado en Angola y Cabinda (Salas et al., 2004), y representa el 70% de los haplotipos maternos de grupos Pigmeos (Batini, 2007; Beleza et al., 2005). L1c ha sido encontrado en poblaciones afroamericanas, con diferentes frecuencias en América del Norte (11%), Central (2-8%) y Sudamérica (19%). Alves-Silva et al. (2006), estudiando una población afrobrasileña, habían postulado a Angola como el reservorio de L1c, dado que ese sitio ha sido considerado como la principal plaza de origen de los esclavos africanos en Brasil, aunque se aprecia en Fig. V-3 que la mayor frecuencia se encuentra en las actuales Nigeria, Camerún, República Centroafricana y sur de Chad.

L3 se halló en un cuarto (15/60) de los linajes maternos afroyungueños. Este superhaplogrupo africano es considerado de origen oriental, surgido hace 60-75 mil años, y actualmente se distribuye en forma amplia en el continente africano, aunque alcanza sus mayores proporciones en el Norte y Este de África. Ha sido subdividido en varios tipos y se considera que dio origen a los superhaplogrupos M y N encontrados fuera de África (Rosa & Brehm, 2011).

En nuestro estudio, se hallaron los subtipos L3d, L3e y L3f. Como se observa en la figura V-4, el subtipo L3d se ubica en el Oeste africano (Salas et al., 2004, Harich et al., 2010), mientras que L3e muestra una dispersión hacia el Norte, siendo también frecuente en Sudáfrica. L3f tiene una localización Este cruzando el Sahara, con algunos focos en África central al sur del desierto (Harich et al., 2010).

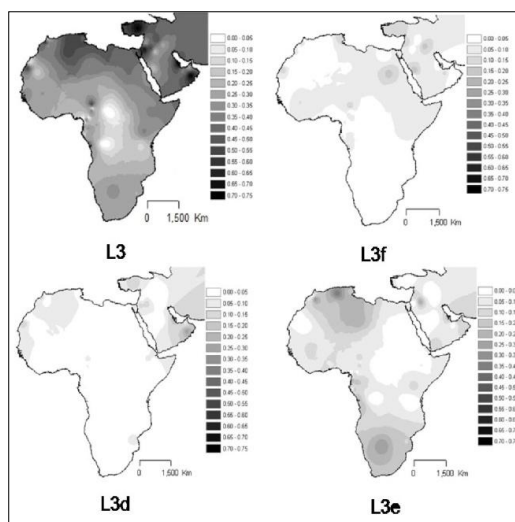


Fig. V-4: Distribución de frecuencias de los haplogrupo L3 y sus subtipos L3b, L3d, L3e y L3f en el continente Africano y el Sudoeste asiático (modificado de Harich et al., 2010).

Salas et al., (2008a) postula para el haplotipo mitocondrial L3d hallado en América un origen Afro-occidental, al igual que para el haplotipo L3b. Rosa & Brehm (2011) refieren que L3d está presente en un importante porcentaje del pool materno del Sur africano, con más expresión en Angola y Tanzania.

El subtipo L3e ha sido subdividido en L3e1, L3e2, L3e3 y L3e4. Las ramas más antiguas de L3e han surgido en África Central, hoy Sudán hace 40-50 mil años. A partir de allí, se dispersaron a través del África subsahariana, donde representa alrededor de un tercio de los tipos L3 (Rosa & Brehm, 2011; Bandelt et al., 2001)

(Fig. V-5).

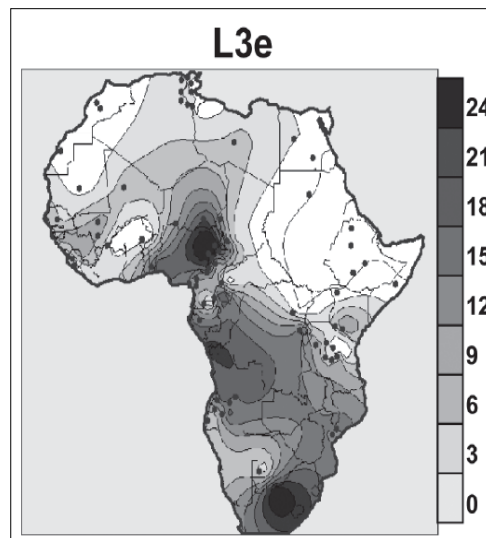


Fig. V-5: Distribución de frecuencias de los haplogrupo L3e en el continente africano (tomado de Harich et al., 2010).

En nuestra muestra, L3e alcanza el 15%, siendo el subtipo L3e2b el más representado dentro de L3 (4/9). En África, el subtipo L3e2b constituye el de más alta frecuencia dentro del haplogrupo L3e, encontrándose principalmente en África Occidental y Central. Este subtipo L3e2b se toma hoy como haplogrupo mitocondrial característico de los Bantú (Batini, 2007).

L3e1 probablemente surgió hace 16.000 años en áreas centrales del continente, siendo frecuentes en los hablantes Bantú del Sudeste, especialmente en Mozambique, por lo que puede estar unido a una ruta Bantú hacia esta región (Rosa & Brehm, 2011). Este subtipo se encontró en nuestro estudio en un 5% de la muestra.

L3e3, del que se hallaron 2 haplotipos del total muestral, se encontró inicialmente en comunidades de África Occidental, con un tiempo a la coalescencia de 14.000 años atrás (Rosa & Brehm, 2011).

Para Salas et al., (2004, 2008a) la proporción de L3e en el África Centro-occidental es alta, ascendiendo en Angola al 14%, con 5/6 del subtipo L3e1, aunque este subclado también es particularmente frecuente en Mozambique, con una frecuencia similar. Estos autores adjudican la amplia distribución de L3e1 y L3e3 en el continente africano a la dispersión Bantú, aunque citan registros históricos

del Siglo XVIII sobre el traslado de esclavos desde Mozambique y Angola a Santo Tomé y probablemente también hacia Bioko. Luego estos esclavos habrían sido redireccionados a América, lo que podría explicar el hallazgo de este linaje en el continente Americano. Para Salas et al., (2004) también los haplogrupos L3e1 y L3e3 están ampliamente distribuidos en África como resultado de las migraciones Bantú. Según Hünemeier et al. (2007), L3e1a está presente sólo en África Centro-oeste o Sudeste. Bandelt et al. (2001) asegura que en su migración forzada, los africanos transportaron la mitocondria L3e a América, especialmente a Brasil y el Caribe.

En la muestra afroyungueña se hallaron 3 haplotipos (5%) del subtipo L3f1b. La dispersión del haplogrupo L3f abarca desde Etiopía en el Este hasta Angola y Mozambique en el Sur, la cuenca del Chad en África Central, Guinea Bissau en el Este y Túnez en el Norte (Fig. V-6).

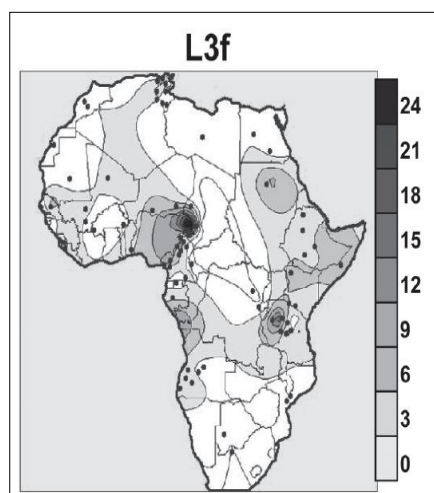


Fig. V-6. Distribución de frecuencias de los haplogrupo L3f en el continente africano (tomado de Harich et al., 2010).

Los linajes fundadores L3f1 ubicados en África Central y Occidental, coalescen entre 30 y 50 mil años atrás, mientras que en el África oriental, L3f1 comienza su expansión hace 10.000 años (Rosa & Brehm, 2011). Para Salas et al., (2002, 2004) el subtipo L3f1 del Oeste africano es derivado del África oriental. Salas et al., (2008a) indican que los tipos afro-orientales L3f pueden tener su origen en poblaciones del África Centro-occidental bantú hablantes. En igual sentido, Soares et al., (2012) asumen que los subgrupos L3d1a1, L3e1a, L3e1b, L3e1d, L3e3a, L3e4a, L3f1b1, y L3f1b4 que están presentes en Sudáfrica y África Central

arribaron a estas regiones debido a las migraciones Bantú.

En la muestra afroyungueña estudiada, el subtipo L2a alcanzó un 10% del total de linajes maternos hallados, siendo el único subtipo de este grupo representado. Según Salas et al., (2008a), el haplogrupo L2a se presenta en aproximadamente un 19% en poblaciones americanas con ancestría africana. Aunque su amplia distribución en África hace dificultoso identificar el origen geográfico de estos linajes, los autores citados mencionan que los tipos L2a encontrados en América derivan de haplotipos afro-occidentales. L2 es uno de los dos haplogrupos dominantes en diversas regiones del continente africano, especialmente en las regiones Centro-oeste y Sudeste, probablemente a causa de la expansión Bantú, y hacia el noroeste, potencialmente debido a la trata de esclavos trans-sahariana. El subhaplogrupo L2a, el más frecuente, es el responsable de esta distribución (Fig. V-7), mientras L2b, L2c y L2d se centralizan en la costa Oeste entre Senegal y Mauritania (Harich et al., 2010). Junto con L3, el haplogrupo L2 y sus subtipos L2a, L2b, L2c, L2d y L2e, agrupa el 70% de la variación mitocondrial subsahariana.

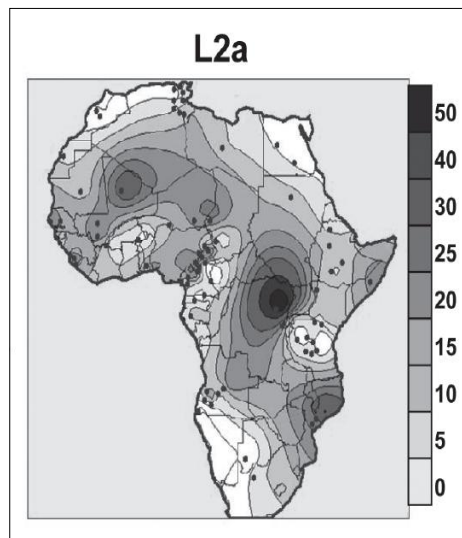


Fig. V-7: Distribución de frecuencias del haplogrupo L2 y su subtipo L2a en el continente africano (tomado de Rosa & Brehm, 2011).

L2a representa el haplogrupo de mayor frecuencia y distribución en África (Salas et al., 2008a; Rosa & Brehm, 2011), alcanzando el 40% en los Tuareg de Niger/Nigeria y Mali, los Fali de Norcamerún, Pigmeos del Oeste de Gabón y Bantú de Mozambique, lo cual dificulta identificar su origen geográfico. L2a1a, junto con L2a2 muestran una distribución hacia poblaciones del Sur que pueden estar asociadas a la expansión Bantú (Rosa & Brehm, 2011).

En un resumen de la información relativa a la distribución geográfica de los haplogrupos africanos, Harich et al., (2010) mencionan que el Oeste del continente es dominado por L1b, L2b, L2c, L2d, L3b y L3d, la región Central se observan L3e y algunos L3f y L3w, mientras que el Este muestra L0a, L3h, L3i, L3x y, en común con el Centro, L3f y L3w. L2a está distribuido en casi todo el continente.

Considerando este compendio de información acerca de la distribución geográfica de las variantes del macrohaplogrupo L (Harich et al., 2010, Rosa & Brehm, 2011), las muestras afrobolivianas de la región yungueña estudiadas con origen africano provendrían del África occidental, Central, Oriental y Sudoriental, aunque la mayoría de los haplotipos mitocondriales hallados correspondería a las regiones Centro-occidental y Sud-oriental. Coinciden con estas apreciaciones los resultados de Heinz et al., (2015) quienes encuentran entre las muestras tocañenses una significativa proporción de linajes mitocondriales con origen geográfico al Sudeste (>20%) y Este africano (8%), aunque son mayoritarios los originarios del Centro Oeste y Sudoeste (>60%).

Salas et al. (2004) estimaron por primera vez la contribución cuantitativa de las diferentes regiones africanas en la formación del pool genético de América, indicando que el 65% de los tipos de este origen hallados en este continente han tenido un origen en el África Centro-occidental y el resto de origen occidental (los actuales países de Angola, Namibia, Guinea ecuatorial, Camerún, Nigeria, Benín, Ghana, Costa de Marfil, Guinea Bissau, Senegal). Los autores indican diferencias en esta composición general, conforme se consideran distintas regiones americanas: Centroamérica tendría un aporte del 41% Centro-oeste y 59% Oeste, mientras que en Norteamérica las cifras se modifican en forma considerable, con un 28% de aporte Centro-oeste, y un 72% Oeste. Salas et al. (2005) ajustan posteriormente estos datos en base a un número mayor de muestras, estimando que >55% de los linajes mitocondriales en USA tiene una ancestría en el Oeste africano, mientras que <41% provendría de África Centro-oeste, también incluyen aquí la posibilidad que provengan del Sudoeste. Estudiando dos ciudades brasileñas, Hünemeier et al. (2007) indican que el 90% de las secuencias mitocondriales de afropobladores de Rio de Janeiro y el 79% de los afroresidentes en Porto Alegre son de origen africano, siendo las remanentes secuencias

europas (2% y 6% respectivamente), o amerindios (8 y 15%), mostrando las mayores similitudes con poblaciones africanas del África Oeste y Centro-oeste.

El haplotipo mitocondrial que se observa en mayor frecuencia en este estudio (25%), L1c3, se presenta en una muestra de individuos de origen africano de Rio de Janeiro en un porcentaje del 5%. El otro de los haplotipos mayoritarios en la muestra yungueña, L0a, que alcanza el 22%, se muestra en una frecuencia del 6% en Rio de Janeiro, y en Porto Alegre del 7% (Hünemeier et al., 2007). Todos los subtipos hallados en la muestra yungueña están representados en ambas ciudades brasileñas, aunque no todos los subtipos de estas ciudades se encontraron en la muestra afroyungueña.

En Bolivia se han realizado estudios en poblaciones generales (Afonso Costa et al., 2010), en poblaciones nativas (Gayà-Vidal et al., 2011), y recientemente fue publicado un estudio que focaliza geográficamente en los valles yungueños (Heinz et al., 2015).

Una muestra de 110 individuos de La Paz (Afonso Costa et al., 2010) exhibe una distribución de haplogrupos de un 57% para B4, 19% para C1, 10% para A2, 3% para D1, 2% para D4h3, menor a 2% para H y menor de 1% para los haplogrupos A4, B4c1a, CZ, D4J, M7 y M8/N9b. Agrupando, el 96% de los individuos pertenece a los haplogrupos A, B, C o D característicos de las poblaciones sudamericanas, y un 4% a linajes del Oeste Eurasiático y del Este Asiático, que los autores adjudican a eventos relacionados con la colonización y las modernas migraciones. Ninguno de los 97 haplotipos identificados en este estudio se corresponde con linajes de origen africano.

Los estudios en poblaciones bolivianas nativas indican que el haplogrupo de mayor frecuencia es el B en las tierras altas, mientras que en el llano lo es el haplogrupo C. Entre el grupo Aymara, el haplogrupo B es el más frecuente, en tanto en los Quechua, la preponderancia de este grupo disminuye en tanto los haplogrupos C y A se encuentran algo más representados (Bert et al., 2001; Afonso Costa et al., 2010). Estos resultados son ampliados en el trabajo de Gayà-Vidal et al., (2011) que muestra la preponderancia del haplogrupo mitocondrial B2 en los hablantes Aymaras de la región del lago Titicaca y en los hablantes Quechua del Norte del Departamento de Potosí, que era una región hablante

Aymara antes de la expansión Inca. En esta población quechua, la diversidad de haplogrupos se amplía, a favor de los de tipo A2 y C1, mientras que el haplogrupo D1 se presenta las frecuencias más bajas en ambos grupos lingüísticos.

El trabajo realizado en los valles yungueños por Heinz et al., (2015) tiene la particularidad de haber enfocado geográficamente en la región de los yungas bolivianos, en las provincias de Nor y Sud yungas. De los 105 individuos estudiados para la región control mitocondrial y para un set de 46 marcadores de ancestría (AIMs), 19 pertenecen a la localidad de Tocaña. Los autores observaron que del total de la muestra analizada, el 81% de los haplotipos mitocondriales hallados son de origen nativo, el 18% de origen subsahariano, y un único linaje europeo. Sin embargo, cuando sólo son considerados las 19 muestras de la localidad de Tocaña los linajes mitocondriales de origen africano ascienden al 84%, es decir que la mayoría de los linajes mitocondriales de este origen se ubican entre las muestras tocañenses. Los linajes observados pertenecen a los haplogrupos L0 (4.7%), L1 (4.7%) y L3 (8.6%), siendo el haplogrupo más común L1c3b1a que se observa en una proporción del 26.3% de los haplotipos L, en parcial concordancia con los resultados obtenidos en nuestro estudio.

Comparativamente con otros afrosudamericanos, las comunidades afrobolivianas han conservado en mayor medida sus líneas maternas subsaharianas.

Los estudios más tempranos realizados en Brasil mostraban que los linajes L1c y L3e alcanzaban en este país una frecuencia cercana a la mitad, con origen mayoritario en el África Centro-oeste y una menor contribución desde el Sudeste africano, (Alves-Silva et al., 2000).

Los datos recientes sobre el análisis de mestizaje sugieren que los africanos que llegaron a Brasil como esclavos tuvieron dos orígenes geográficos. El 69% del pool materno de los negros en Rio de Janeiro tiene origen en el África Centro-oeste y Sudeste, cerca de las dos antiguas colonias portuguesas en África: Angola y Mozambique. El 82% de los linajes mitocondriales en Porto Alegre son originarios en la porción Norte del Golfo de Guinea en el África occidental. (Hünemeier et al., 2007; Rosa & Brehm 2011).

El estudio del aporte africano a las poblaciones americanas realizada por Salas et al., (2004) muestra un componente mayoritario de África Centro-occidental y Central. El trabajo de Salas et al., 2004 muestra que la gran mayoría de los haplogrupos mitocondriales L0a, que encuentra concentrados en la población sudamericana de Brasil, pertenecen a los subtipos L0a1 y L0a2 que son típicamente del Sudeste africano, de Mozambique. Estos autores documentan una muy importante frecuencia del haplogrupo mitocondrial L3e (que ronda el 20%) en poblaciones afrosudamericanas, más alto que el hallado en la muestra afroyungueña.

Estudios posteriores comparativos entre poblaciones americanas con componente africano elevado y poblaciones africanas (Salas et al., 2008a) mostraron la gran contribución de África occidental y Centro-occidental a las poblaciones americanas, y un aporte menor desde el Sudeste africano. En particular para las poblaciones sudamericanas, la contribución Centro-occidental parece ser mayoritaria, con una Centro-occidental también sustancial, al menos para las poblaciones brasileñas, y un componente del Sudeste africano, mostrado por los haplogrupos L3e1.

Estudios de Carvalho et al. (2008) en 5 poblaciones afrodescendientes de tres estados de la región amazónica del Brasil, mostraron que el 50% de los linajes maternos eran en realidad de origen amerindio, cifra mucho mayor que la registrada en este estudio (11%). Estos autores estudiaron el ADN mitocondrial de 159 muestras hallando gran diversidad genética y alta variabilidad. Se encontraron los cuatro haplogrupos amerindios principales (A-D) y los haplogrupos africanos L0, L1, L2 y L3 en diferentes frecuencias. El haplogrupo más frecuente fue L3 (41.2%), seguido del L2 (33.8%), L1 (22.5%), siendo L0 el de menor frecuencia (12.5%). El subclado L1b ha sido reportado como restringido al África occidental (Salas et al., 2002, 2004). L1c es indicado como marcador del África Centro-occidental (Salas et al., 2004, Beleza et al., 2005), siendo los haplotipos determinados observados por otros autores también en Angola, Cabinda y Mozambique.

En un estudio sobre el ADNmt mediante RFLP que abarca cuatro poblaciones noroccidentales de Venezuela, diferentes en su origen histórico-demográfico,

Castro de Guerra et al. (2009) hallaron un predominio de linajes femeninos nativos (A, B, C, D) independientemente del origen de la población, y la casi inexistencia de los europeos (H, I, J, K, T, U, V). Los haplogrupos africanos hallados (L, L3d y L3e), coinciden parcialmente con los determinados para la población afroboliviana en este estudio, registrando mayores frecuencias en las dos poblaciones que están ubicadas en la zona de población afrodescendiente, alcanzando el 21% y el 24% de aporte sub-sahariano.

Salas et al. (2008a) estudiaron el ADNmt de una muestra de la población colombiana de la región Sur del valle del Cauca, observando que las poblaciones autoasignadas como afrocolombianas y mulatas presentan predominancia de linajes africanos (73% y 81%), el mayor porcentaje entre estos últimos podría explicarse por su menor tamaño muestral. Los subtipos de estas poblaciones son similares a los hallados para los afrobolivianos en este estudio. Cuando estos autores realizan el análisis filogeográfico, encuentran subtipos hallados en alta frecuencia en el Oeste (L1b), en islas del Atlántico que fueron puertos vinculados a la trata de esclavos (L1b1), con distribución amplia en África y otras poblaciones afrosudamericanas (L2a), en África Central (L1c), en Guinea Ecuatorial (L1c2), y en Mozambique, Cabinda y Angola (L3e1a). A este respecto, los autores concluyen que la variabilidad genética de los linajes mitocondriales africanos en Colombia es alta, lo que refleja el gran tamaño efectivo de población de esclavos que fueron ingresados forzosamente, siendo la procedencia de la mayor parte de la costa Oeste y Centro-oeste de África, Sur-oeste (Angola, Cabinda) y Sureste de África (Mozambique).

El trabajo de Brucato et al. (2010) que analiza las comunidades que reúnen descendientes directos de esclavos africanos en la Guyana Francesa muestra que el 99.3% de los haplotipos mitocondriales hallados corresponden a haplogrupos africanos, siendo los más frecuentes L2a1 (14.1%), L1c1 (12.7%), L1b (14.1%), L3e2 (7.0%), L3d (3.5%) y L3f1 (3.5%), con origen en el Oeste africano, registrándose sólo un 0.7% de aporte materno europeo. Los subtipos mitocondriales de origen africano hallados coinciden con lo observado en las muestras afroyungueñas.

V-4 De los linajes paternos

Respecto de los linajes paternos, los resultados hallados en las muestras yungueñas muestran que los haplogrupos de mayor frecuencia (32%) son E1b1a y E1b1b (10%). El primero, E1b1a es casi exclusivo y muy frecuente en el África subsahariana, con alta frecuencia en Camerún y Senegal (Semino et al., 2002), y el segundo, E1b1b predomina en el noroeste, Sur y Este del África (Underhill et al., 2001), aunque se encuentra también en el Sur de Europa, en menor frecuencia (Underhill et al., 2001, Semino et al., 2002, Cruciani et al., 2004, Luis et al., 2004). Según Hünemeier et al., (2007) los subtipos E1 alcanzan un 53% de los linajes paternos en una población africana de la región de Camerún.

El haplogrupo R1b, que presentó una prevalencia del 17% en Nor Yungas también es el linaje más frecuente en Europa, especialmente en las regiones del Oeste y Mediterráneo (Presciuttini et al., 2001, Roewer et al., 2001, Brion et al., 2004).

En menor proporción (13%) se observan en la muestra yungueña los linajes I2, J1 y J2, los cuales muestran una amplia distribución en poblaciones europeas y del cercano oriente y usualmente ausentes en la mayoría de las poblaciones subsaharianas (Underhill et al., 2001; Jobling & Tyler-Smith, 2003; Brion et al., 2004; Cruciani et al., 2007).

La presencia amerindia está evidenciada en un 24% por el haplogrupo Q1a2a1a1(M3), que es el más frecuente en sudamerindios, alcanzando frecuencias del 77 al 90% (Bianchi et al, 1997; Zegura et al., 2004), y exhibiendo el linaje Q1a3* sus mayores frecuencias en la región costera del noroeste de Sudamérica (Bailliet et al., 2009).

Estos resultados muestran ciertas coincidencias pero también algunas divergencias con lo que se observa en otras poblaciones afrosudamericanas. En las comunidades afrodescendientes de la Guyana Francesa, los linajes paternos observados pertenecen en un 97.6% a linajes de origen africano, presentándose un 90.5% del macrohaplogrupo africano E1b1* con una contribución notable del 88% de la subdivisión E1b1a*, más frecuente en África occidental. Se observa también una presencia minoritaria de linajes de tipo A y B provenientes del Sur y Sudeste africano y un 2.4% de contribución europea, representado por un linaje

identificado como R1b. Esta comunidad es una de las pocas que escapa a la diferenciación de la ancestría por sexo que se observa mayoritariamente en las poblaciones mestizas americanas (Brucato et al., 2010).

Estudios en la población afrodescendiente residente en Rio de Janeiro sobre el cromosoma Y permiten estimar una proporción de al menos el 55.7% de linajes masculinos europeos, no más del 43.5% de linajes subsaharianos y el 0.8% de nativos americanos (Hünemeier et al., 2007, Oliveira et al., 2009). En una población de Porto Alegre caracterizada como negra, el aporte africano asciende al 36%, mientras que se observa un 5% de origen amerindio y el 59% proviene de Europa. Estos haplotipos de origen africano muestran cercanía con los que se observan en poblaciones Niger-Congo hablantes del Oeste africano.

Estos autores nos permiten observar comparativamente los haplotipos del cromosoma Y de más alta frecuencia en la población afroyungueña con muestras provenientes de afrobrasileños de Rio de Janeiro y Porto Alegre. En estas poblaciones, el subgrupo E1 se encuentra representado en tan solo un 2%, siendo mayoritario el subgrupo E3, representado por el subtipo E3a, el cual no está presente en la población afroyungueña.

Domingues et al., (2007), estudiando 12 Y-STRs en una población de afrodescendientes en Rio de Janeiro observaron que esta población difiere significativamente de la población general de la ciudad, tanto como con muestras de origen europeo y africano de Portugal, de Mozambique, Angola y Guinea Ecuatorial. Este trabajo fue complementado por Oliveira et al. (2009) con un análisis de SNPs del cromosoma Y, sobre la misma población carioca, donde se identificó la inserción YAP, que es 10 veces más frecuente en el África Subsahariana que en Europa u Oceanía. Un estudio similar fue realizado en Alagoas, en el Noreste del Brasil, por de Azevedo et al. (2009), utilizando 24 SNPs sobre el cromosoma Y describió un total de 16 haplogrupos, con una contribución europea del 94.7%, un 4.45% de africanos, y un 0.81% de amerindios, sin mayores diferencias con lo que ocurre en Portugal y en Rio de Janeiro o Brasilia. El haplogrupo más frecuente fue R1b1b2-M269, con un 55.47%. Mediante 5 Y-STRs también fueron estudiados 50 varones mulatos de la población de Ribeirão Preto, estado de São Paulo, en el Sudeste de Brasil, hallándose un 93% de linajes

paternos europeos y un 7% de origen africano (Brandão Ferreira et al., 2006).

Baeta Bafalluy (2012), estudiando una población de afroecuatorianos mestizos, halló E1b1b1 en una frecuencia del 7%, mientras que el 4% restante resultó E1b1a. Los linajes nativos americanos reúnen un 40%, mientras los restantes son de origen europeo, siendo el más representado R1b en un 25%.

En las poblaciones andinas Quechua y Aymara estudiadas por Gayà-Vidal et al. (2011) se observa la presencia de haplogrupos nativos americanos, en el 96.6% y 78.2% respectivamente (Linajes Q1a2a1b y Q1a2a1a1)). Considerando las variantes autóctonas, los Quechuas presentan Q1a2a1a1 en el 100% de los casos, y los aymaras muestran un 89% de Q1a2a1a1 y 11% de Q1a2a1b. Los restantes individuos pertenecen al haplogrupo R1b, el más frecuente en Europa occidental (Jobling & Tyler-Smith, 2003).

V-5 Cruzamiento diferencial sexo-especifico

La ausencia de linajes maternos europeos, confrontada a una relativamente alta frecuencia de haplotipos paternos de este origen en la población yungueña nos indica que en el proceso de mestizaje ha habido asimetría por sexo. Nuestros resultados resultan coincidentes con los datos obtenidos en poblaciones mestizas y nativas en Brasil (Bortolini et al., 1999; Callegari-Jacques et al., 2003, Brandão Ferreira et al., 2006, de Azevedo et al., 2009), Argentina (Avena et al., 2010; Parolin et al., 2012), Uruguay (Sans et al., 2002), Chile (Rocco et al., 2002), Colombia (Bedoya et al., 2006) y Centroamérica (Wang et al., 2008), en la postulación de un modelo de cruzamiento asimétrico por género, evidenciado por las uniones biológicas con contribución paterna europea y contribución nativa o africana de origen materno.

En este sentido, también los estudios genéticos de Sans et al. (2011) sobre la población uruguaya, demuestran el origen trihíbrido de esta población. En Tacuarembó (nordeste del Uruguay), se estimó que el aporte indígena es del 20% y el africano de 15%, corroborándose uniones diferenciales por sexo (mujer indígena-varón europeo, mujer negra-varón europeo). Estudios realizados en la ciudad de Melo (Sans et al., 2002) ubicada en el noreste uruguayo, determinan que existió una contribución diferencial de los tres grupos poblacionales. El

aporte significativo de africanos (muchas veces de esclavos fugados provenientes del Brasil) evidenciados tanto por datos obtenidos para el ADN mitocondrial como por los del cromosoma Y, se eleva al 21%, observándose un 49% de aporte europeo y un 30% de componente indígena, principalmente de guaraníes misioneros (Sans et al., 2002; 2006).

La población mestiza afroecuatoriana también muestra una composición trihíbrida con cruzamiento diferencial por sexo, ya que se hallaron haplotipos mitocondriales de origen nativo en exclusividad (A:33%, B;33%, C:10%; D: 24%), sin presencia africana o europea, mientras que en base a los haplotipos del cromosoma Y estudiados mediante Y-STRs y Y-SNPs, se encontró un 50% de origen euroasiático, un 36% nativo americano y un 11% de origen africano (Baeta Bafalluy, 2012). Gonzalez Andrade et al., (2007), sobre el mismo grupo mestizo afroecuatoriano, calculó 70% de europeos, 28% de nativos y 2% de africanos, en base a Y-STRs.

De similar modo Terreros Ibañez (2010) señala la composición trihíbrida de los linajes mitocondriales de la región del Caribe colombiano, muy expuesta al mestizaje con esclavos africanos por haber sido Cartagena uno de los grandes puertos de arribo y comercialización. En la región se detectaron mayoritariamente los haplogrupos amerindios A (28%) y B (25%), un 18% de africanos, los amerindios C (13%), D (6%), X (4%) y en menor proporción, haplogrupos europeos (3%) y asiáticos (1%).

En el trabajo ya citado de Wang et al., (2008) se estudiaron 13 poblaciones mestizas en 7 países latinoamericanos, desde México al cono Sur, para marcadores ubicados en el cromosoma X. Cuando se observan los marcadores genéticos asociados al cromosoma X, aumenta la ancestría nativa en detrimento de la europea, consistente con cruzamientos diferenciales por sexo característicos de toda Latinoamérica. Este mismo patrón de incremento relativo se observa cuando se analizan los resultados para la ancestría africana. Estos resultados indican cruzamientos selectivos por sexo, entre varones europeos y mujeres nativas y africanas. Los datos de mestizaje diferencial asociado al sexo se vuelven más notorios en áreas con menor densidad de poblaciones nativas. Los autores justifican esta observación debido al colapso que sufrieron las poblaciones nativas

a posterior del establecimiento mestizo en esas regiones y a la constante inmigración de varones europeos durante muchas generaciones.

Por su parte los estudios de Gayá-Vidal et al. (2011) indican que en las poblaciones nativas bolivianas estudiadas, Aymaras y Quechuas, se comportan diferente respecto del género. Los linajes mitocondriales hallados en este estudio no presentan mezcla, en tanto los linajes paternos presentan cierta proporción de mezcla, especialmente en los Quechuas en donde hay un 22% de cromosomas no nativos americanos. Los Aymaras presentan menos del 2% de mezcla por línea paterna de linajes no americanos.

Si bien la muestra afroboliviana estudiada comparte con otras poblaciones mestizas de América su comportamiento en el cruzamiento diferencial por género, la particularidad que la distingue es la importante participación de los linajes africanos dentro del pool de linajes maternos, en detrimento de los linajes nativos.

V-6 Caracterización intrapoblacional

Al interior de la población estudiada, los resultados obtenidos en base a marcadores autosómicos y haplogrupos mitocondriales muestran escasa variación entre las localidades. Las distancias genéticas pequeñas que se observan, algo más importantes para la localidad de San Joaquín podrían explicarse en base a la ubicación geográfica de la misma. Es la comunidad que se encuentra más cercana a la ruta que comunica con La Paz, y más cercana al río que la bordea. Las otras tres comunidades están más limitadas en el acceso a los centros urbanos más importantes del departamento y del país. Podría esperarse que esta mayor comunicación haya permitido un número mayor de migraciones y contactos que para las comunidades más aisladas, siendo ésta una de las posibles causas de las mayores diferencias genéticas. Para los linajes paternos, las distancias genéticas mayores se observan entre Chijchipa y Mururata, localidad que no presenta haplotipos del haplogrupo Q.

V-7 Devolución de resultados y recepción por la comunidad

A nivel comunitario, la posibilidad de anclar su origen en distintas regiones de

África, documentado esta vez a través de un estudio científico, ha sido de real valía para los afroyungueños. Se observa en ocasión de la devolución de los resultados, tanto a nivel individual como comunitario, que revisten la información brindada de un sentimiento identitario. La importancia adjudicada a la devolución de los resultados, que fuera planteada desde el comienzo del estudio, se observa en el celo con el que guardan la documentación entregada, la emoción con que imaginan algún ancestro sobreviviendo a un viaje transoceánico en condiciones de esclavitud. No obstante, la posición comunicada por este grupo de trabajo acerca de que la identidad se determina por la autoadscripción de las personas, es un concepto bien comprendido y utilizado por la comunidad afroyungueña.

Consideramos importante destacar que la primera tarea dentro del rescate de su cultura que las organizaciones afrobolivianas han iniciado desde hace unas dos décadas ha sido su visibilización. Hoy en día se autodenominan Pueblo. La Asamblea Constituyente del año 2006 abrió la oportunidad para que el pueblo afrodescendiente boliviano haga escuchar sus demandas. La aprobación del texto constitucional el 25 de enero de 2009 trajo consigo la inclusión del pueblo afroboliviano, que se encuentra mencionado en los artículos 1, 3, 30.1, 32 y 395 de la carta magna del Estado Plurinacional de Bolivia. En el texto de la nueva Constitución se remarca como política de estado la construcción de una nueva identidad a partir del respeto a la diversidad. En la letra del artículo 3 capítulo 1 se establece que *“el pueblo boliviano está conformado por la totalidad de las bolivianas y los bolivianos pertenecientes a las áreas urbanas de diferentes clases sociales, a las naciones y pueblos indígena, originario, campesino y a las comunidades interculturales y afrobolivianas”*.

CAPITULO VI: CONCLUSIONES

Los resultados obtenidos muestran que las comunidades afrodescendientes estudiadas presentan una marcada ascendencia africana, observándose minoritariamente un proceso de mestizaje con pueblos nativos americanos y europeos.

Comparativamente con otras poblaciones afromestizas de Latinoamérica, la población afroyungueña conserva un mayor aporte africano tanto a nivel de marcadores biparentales como uniparentales.

En concordancia con otras poblaciones mestizas y afromestizas de América, se observa cruzamiento diferencial por sexo, dado que no se observan linajes maternos de origen europeo, aunque sí la presencia de linajes paternos de este origen.

A partir de los estudios de los linajes uniparentales, se observó una gran predominancia de los haplogrupos con origen geográfico en el África subsahariana, particularmente los de la línea materna. El componente africano disminuye para los linajes paternos, aunque en forma comparativa con otras poblaciones sudamericanas es alto. El origen de estos linajes, situado en África Occidental, Central, Oriental y Sudoriental, es similar al hallado para otras comunidades afrosudamericanas, con las que comparten la historia vinculada a la trata de personas acontecida en los primeros siglos de la conquista europea de nuestro territorio americano.

Asimismo, este trabajo aporta información genética para la consolidación de la base de datos en Bolivia para los loci STR autosómicos que son utilizados usualmente como herramienta para propósitos de identificación, cálculos forenses y estudios poblacionales. Las diferencias encontradas entre poblaciones cuando se realizó la comparación de la muestra estudiada con otras poblaciones en base a los marcadores autosómicos STR, mostraron la importancia de obtener datos de frecuencia y parámetros forenses para cada región geográfica de Bolivia donde habitan diversos grupos étnicos.

A través de este trabajo, la Universidad Pública Argentina, y en particular la autora después de 25 años de experiencia, tuvieron la posibilidad de poner su conocimiento y sus métodos para responder una pregunta surgida de la sociedad a la que pertenece, considerando su amplio límite latinoamericano. Confiamos en que este trabajo se constituya para la comunidad afroboliviana en un elemento de interés que pueda utilizar según su criterio en la búsqueda de su consolidación como pueblo, en el contexto nacional y latinoamericano en el que se enmarca.

CAPITULO VII: BIBLIOGRAFIA

Anderson S, Bankier AT, Barrell BG, De Bruijn MHL, Coulson AR, Drouin J, Eperon IC, Nierlich DP, Roe BA, Sanger F, Schreier PH, Smith AJH, Staden R and Young IG. (1981). Sequence and organization of the human mitochondrial genome. *Nature* 290:457–465.

Afonso Costa H, Carvalho M, Lopes V, Balsa F, Bento AM, Serra A, Andrade L, Anjos MJ, Vide MC, Pantoja S, Vieira DN and Corte-Real F. (2010). Mitochondrial DNA sequence analysis of a native Bolivian population. *Journal of Forensic and Legal Medicine* 17, 247-253.

Alfaro EL, Dipierri JE, Gutiérrez NI and Vullo CM. (2005). Genetic structure and admixture in urban populations of the Argentine North-West. *Annals of Human Biology* 32: 724-37.

Altuna ME, García A, Ramallo V, Bailliet G, Modesti NM and Demarchi DA. (2009). Origin of paternal lineages in an admixed population of Northern Argentina (La Esperanza, Jujuy). *Forensic Science International, Genetics Supplement Series* 2, 451–452.

Álvarez Iglesias V. (2008). Estudio multidisciplinar de la variabilidad del ADN mitocondrial en poblaciones humanas. Tesis doctoral, Universidade de Santiago de Compostela, España.

Alves-Silva J, da Silva Santos M, Guimaraes PE, Ferreira AC, Bandelt H-J, Pena SD and Prado VF. (2000). The ancestry of Brazilian mtDNA lineages. *American Journal of Human Genetics* 67, 444–461.

Andrews GR. (2007). *Afro-Latinoamérica, 1800-2000*. Madrid: Iberoramericana- Vervuert, pp. 375.

Andrews RM, Kubacki, Chinnery PF, Lightowlers RN, Turnbull DM and Howell N. (1999). Reanalysis and revisión of the Cambridge reference sequence for human mitochondrial DNA. *Nature Genetics* 23: 147.

Angola Maconde J. (2003). *Raíces de un pueblo. Cultura afroboliviana*. 2da. Edición, La Paz: CIMA producciones, pp. 150.

Angola Maconde J. (2010). Las raíces africanas en la historia de Bolivia. En: *Conocimiento desde adentro. Los afrosudamericanos hablan de sus pueblos y sus historias. Volumen I*. Sheila S. Walker comp. La Paz: Fundación Pedro Andavérez Peralta; Afrodiáspora inc.; Fundación Interamericana; Organización Católica Canadiense para el Desarrollo y la Paz; PIEB; pp. 355.

Angola Maconde J. (2012). La ruta histórica de los afrodescendientes bolivianos. En: *Las poblaciones afrodescendientes de América Latina y el Caribe*. 1ra. Edición, Córdoba: Universidad Nacional de Córdoba y coeditores, pp. 364.

Ankel-Simons and Cummins JM. (1996) Misconceptions about mitochondria and mammalian fertilization: implications for theories on human evolution. *Proceedings of the*

National Academic of Science USA 93(24):13859-13863.

Arnold D. (2008) ¿Indígenas u obreros? La construcción política de identidades en el Altiplano boliviano. Fundación UNIR Bolivia. Serie de investigaciones sobre identidad en las regiones de Bolivia. La Paz, pp. 449-450.

Arias S. (2009). La voz de los sin voz. Capítulo 4. Afrobolivianos. 1ra. Ed. Buenos Aires: Irco Video, pp. 56.

Arteaga T, Arteaga A, Prieto D, Peredo M, Moya J, Gutiérrez G y Rivera F. (2009). Diagnóstico sobre el ejercicio de Derechos Humanos del Pueblo Afro Boliviano. Defensoría del Pueblo, Informe final.

Athey TW. (2006). Haplogroup prediction from Y-STR values using a bayesian-allele-frequency approach. *Journal of Genetic Genealogy* 2: 34-39.

Avena SA, Goicoechea AS, Dugoujon JM, Slepoy MG, Slepoy AS y Carnese FR. (2001). Análisis antropogenético de los aportes indígena y africano en muestras hospitalarias de la Ciudad de Buenos Aires. *Revista Argentina de Antropología Biológica*. 3: 79-99.

Avena SA, Goicoechea AS, Dugoujon JM, Rey J, Dejean CB y Carnese FR. (2006). Mezcla génica en la Región Metropolitana de Buenos Aires. *Medicina* 66: 113-118.

Avena SA, Goicoechea AS, Bartomioli M, Fernández V, Cabrera A, Dugoujon JM, Dejean CB y Fabrykant G, Carnese FR. (2007). Mestizaje en el sur de la region pampeana (Argentina). Su estimación mediante el análisis de marcadores proteicos y moleculares uniparentales. *Revista Argentina de Antropología Biológica*. 9: 59-76.

Avena S, Parolin ML, Dejean CB, Fabrykant G, Rios Part M del C, Goicoechea AS, Dugoujon JM y Carnese FR. (2009a). Mezcla génica y linajes uniparentales en Comodoro Rivadavia (Provincia de Chubut, Argentina). *Revista Argentina de Antropología Biológica*. 11: 25-41.

Avena SA, Dejean CB, Parolin ML, Acreche N, Albeza MV, Montes N, Di Fabio F, Mansilla FC, Postillone MB, Kristoff MJ, Alvarez Trentini Y, Dugoujon JM y Carnese FR. (2009b). Mezcla génica y linajes uniparentales en la ciudad de Salta, Argentina. *Actas de las Novenas Jornadas Nacionales de Antropología Biológica, Pto Madryn*. Pág. 84.

Avena S, Parolin ML, Boquet M, Dejean C, Postillone MB, Alvarez Trentini Y, Di Fabio Rocca F, Mansilla F, Jones L, Dugoujon JM y Carnese FR. (2010a). Mezcla génica y linajes uniparentales en Esquel (Prov. de Chubut). Su comparación con otras muestras poblacionales Argentinas. *Journal of Basic and Applied Genetics* 21(1): 01-14.

Avena SA, Fejerman L, Via M, Dejean C, Beckman K, Pérez-Stable EJ, Gonzalez Burchard E, Ziv E, Parolin ML, Acreche N, Boquet M, Rios Part MC, Fernández V, Rey J y Carnese FR. (2010b). Ancestría, mezcla génica y estructuración poblacional en muestras cosmopolitas de Argentina. *Actas del XI Congreso de la Asociación Latinoamericana de Antropología Biológica, Bogotá*. Pág.18.

Avena S, Via M, Ziv E, Pérez-Stable EJ, Gignoux C, Dejean C, Huntsman S, Torres-Mejía G, Dutil J, Matta JL, Beckman K, González Burchard E, Parolin ML, Goicoechea A, Acreche N, Boquet M, Rios Part M, Fernández V, Rey R, Stern MC, Carnese FR, and Fejerman L. (2012). Heterogeneity in genetic admixture across different regions of Argentina. *Plos One* 7(4): e34695. doi:10.1371/journal.pone.0034695.

Ayub Q, Mohyuddin A, Qamar R, Mazhar K, Zerial T, Mehdi Q and Tyler-Smith C. (2000) Identification and characterisation of novel human Y-chromosomal microsatellites from sequence database information. *Nucleic Acids Research* 28(2): e8.

Baeta Bafalluy M. (2012). Estudio de la variabilidad del genoma mitocondrial y de marcadores sexuales en grupos étnicos de Ecuador. Tesis doctoral, Universidad de Zaragoza, España.

Bailliet G, Ramallo M, Muzzio M, García A, Alfaro E, Dipierri J, Salceda S, Bianchi N and Demarchi DA. (2009). Restricted geographic distribution for Y-Q* paragroup in South America. *American Journal of Physical Anthropology* 140, 578-582.

Bandelt HJ, Forster P, and Röhl A. (1999). Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Molecular Biology and Evolution* 16(1): 37-48.

Bandelt HJ, Alves-Silva J, Guimaran PEM, Santos MS, Brehm A, Pereira L, Coppa A, Larruga JM, Rengo C, Scozzari R, Torroni A, Prata MJ, Amorim A, Prado VF and Pena DJ. (2001). Phylogeography of the human mitochondrial haplogroup L3e: a snapshot of African prehistory and Atlantic slave trade. *Annals of Human Genetics* 65, 549-563.

Bandelt HJ, Hermstadt C, Yao YG, Kong QP, Kivisild T, Rengo C, Scozzari R, Richards M, Villems R, Macaulay V, Howell N, Torroni A and Zhang YP. (2003). Identification of Native American founder mtDNAs through the analysis of complete mtDNA sequences: some caveats. *Annals of Human Genetics* 67, 512-524.

Bandelt HJ, Kong QP, Richards M, villems R and Macaulay V. (2006). Estimation of mutation rates and coalescence times: some caveats. En: Bandelt HJ, Macaulay V and Richards M, editores. *Human mitochondrial DNA and the evolution of Homo sapiens*. Berlin (Alemania): Springer-Verlag. P. 149-179.

Bär W, Brinkmann B, Budowle B, Carracedo A, Gill P, Holland M, Lincoln PJ, Mayr W, Morling N, Olaisen B, Schneider PM, Tully G and Wilson M. (2000). DNA Commission of the International Society for Forensic Genetics: guidelines for mitochondrial DNA typing. *International Journal of Legal Medicine* 113 (4): 193-196.

Barreto I. (2011). Estudio biodemográfico de la población de Villa Soriano, Depto. de Soriano, Uruguay, Montevideo. UDELAR-CSIC. (Colección Biblioteca plural).

Batini C, Coia V, Battaglia C, Rocha J, Metni Pilkington M, Spedini G, Comas D, Destro-Bisol G and Calafell F. (2007). Phylogeography of the human mitochondrial L1c haplogroup: Genetic signatures of the prehistory of Central Africa. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 43, 635-644.

- Bedoya G, Montoya P, Garcia J, Soto I, Bourgeois S, Carvajal L, Labuda D, Alvarex V, Ospina J, Hedrick PW and Ruiz-Linares A. (2006.) Admixture dynamics in Hispanics: a shift in the nuclear genetic ancestry of a South American population isolate. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 103 (19): 7234-7239.
- Behar DM, Villemans M, Soodyall H, Blue-Smith J, Pereira L, Metspalu E, Scozzari R, Makkan H, Tzur S, Comas D, Bertranpetit J, Quintana-Murci L, Tyler-Smith C, Wells RS, Rosset S and The Genographic Consortium. (2008). The Dawn of Human Matrilineal Diversity. *American Journal of Human Genetics* 82, 1-11.
- Beleza S, Gusmão L, Amorim A, Carracedo A and Salas A. (2005). The genetic legacy of western Bantú migrations. *Human Genetics* 117, 366-375.
- Beltramo J, Motti J, Muzzio M, Santos R, Jurado Medina L, Baillet G y Bravi, C. (2011). Origen continental de los linajes maternos y paternos de Guleguaychu, Entre Ríos. X Jornadas Nacionales de Antropología Biológica. La Plata, Argentina.
- Bernal LP, Borjas L, Zabala W, Portillo MG, Fernández E, Delgado W, Tovar F, Lander N, Chiurillo MA, Ramírez JL and García O. (2006). Genetic variation of 15 STR autosomal loci in the Maracaibo population from Venezuela. *Forensic Science International* 161, 60-63.
- Bert F, Corella A, Gené M, Pérez-Pérez A and Turbón D. (2001). Major mitochondrial DNA haplotype heterogeneity in highland and lowland Amerindian populations from Bolivia. *Human Biology* 73 (1), 1-16.
- Bertoni B. (2005). Caracterización y comportamiento de los haplotipos del cromosoma Y en las poblaciones humanas. Montevideo, PEDECIBA-UDELAR, PhD, pp. 298.
- Bertoni B, Velázquez T, Sanz M and Chakraborty R. (2012). A molecular information method to estimate population admixture. *Handbook of Statistic*, vol. 28.
- Bianchi NO, Bailliet G, Bravi C, Carnese RF, Rothhammer F, Martinez-Marignac V and Pena SDJ. (1997). Origin of amerindian Y-chromosomes as inferred by the analysis of six polymorphic markers. *American Journal of Physical Anthropology* 102, 79-89.
- Bianchi NO y Martínez Marignac VL. (2001). Aporte de la genética y antropología molecular a los derechos de los indígenas argentinos por la posesión de tierras En: *Genética y Justicia*, La Plata: Instituto de Estudios Judiciales de la Suprema Corte de Justicia de la Provincia de Buenos Aires., p. 59 - 92.
- Bilbao Lobatón O y Mori Julca N. (2010). Los afroperuanos. Retrospectiva y situación actual. En: *Conocimiento desde adentro. Los afrosudamericanos hablan de sus pueblos y sus historias. Volumen II*. Sheila S. Walker comp. La Paz, Fundación Pedro Andavérez Peralta; Afrodiáspora inc.; Fundación Interamericana; Organización Católica Canadiense para el Desarrollo y la Paz; PIEB; pp. 264.
- Bodenteich A, Mitchell LG, Polymeropoulos MH and Merril CR. (1992). Dinucleotide repeat in the human mitochondrial D-loop. *Human molecular genetics* 1 (2): 140.

Bortolini MC, Da Silva WA, Junior W, De Guerra DC, Remonato G, Mirandola R, Hutz MH, Weimer TA, Silva MC, Zago MA and Salzano FM. (1999). African-derived South American populations: A history of symmetrical and asymmetrical matings according to sex revealed by bi- and uni-parental genetic markers. *American Journal of Human Biology* 11, 551-563.

Borucki A. (2010). Apuntes sobre el tráfico ilegal de esclavos hacia Brasil y Uruguay: los "colonos" africanos de Montevideo (1832-1842) *História: Questões & Debates* 52: 119-148

Brandão Ferreira L, Teixeira Mendes-Junior C, Vieira Wiezel CE, Rizzatti Luizon M and Simões AL. (2006). Y-STR diversity and ethnic admixture in White and Mulatto Brazilian population samples. *Genetics and Molecular Biology* 29 (4), 605-607.

Bravi C. (2004). Análisis de linajes maternos en poblaciones indígenas americanas. Tesis doctoral, Universidad Nacional de La Plata, Argentina.

Brion M, Quintans B, Zarrabeitia M, Gonzalez-Neira A, Salas A., Lareu V, Tyler-Smith C, and Carracedo A. (2004). Microgeographical differentiation in Northern Iberia revealed by Y-chromosomal DNA analysis. *Gene* 329,17-25.

Brucato N, Cassar O, Tonasso L, Tortevoeye P, Migot-Nabias F, Plancoulaine S, Guitard E, Larrouy G, Gessain A and Dugoujong JM. (2010). The imprint of the Slave Trade in an African American population: mitochondrial DNA, Y chromosome and HTLV-1 analysis in the Noir Marron of French Guiana. *BMC Evolutionary Biology*, 10, 314.

Callegari-Jacques SM, Grattapaglia D, Salzano FM, Salamoni SP, Crossetti, SG, Ferreira ME and Hutz MH. (2003). Historical Genetics: Spatiotemporal Analysis of the Formation of the Brazilian Population. *American Journal of Human Biology*, 15, 824-834.

Callisaya Yujra RU. (2007). Creación de una base de datos de frecuencias alélicas en población mestiza de la región andina boliviana. Tesis de licenciatura, Universidad Mayor de San Andrés, Bolivia.

Carracedo A, Butler JM, Gusmão L, Parson W and Schneider PM. (2010). Publication of population data for forensic purposes. *Forensic Science International: Genetics* 4, 145-147.

Carvalho BM, Bortolini MC, dos Santos SEB and Campos Ribeiro-dos-Santos AK. (2008). Mitochondrial DNA mapping of social-biological interactions in Brazilian Amazonian African-descendant populations. *Genetics and Molecular Biology* 31 (1), 12-22.

Carvalho Gontijo C. (2008). Composição genética de duas populações afro-derivadas brasileiras inferida a partir de marcadores informativos de ancestralidade. Tesis de maestría, Universidade de Brasília, Brasil.

Cassano GA. (2013). Guardianes de la frontera. La población negra del Carmen de Patagones durante la primera mitad del siglo XIX. Una aproximación desde la antropología histórica. Tesis de licenciatura, Universidad de Buenos Aires, Argentina.

Castro de Guerra D, Figuera Pérez C, Izaguirre MH, Rodríguez Larralde A, Guerra Castro E, Martínez Méndez D y Pujol F. (2009). Diversidad mitocondrial en el noroccidente de Venezuela. Implicaciones para probables rutas migratorias prehispánicas. *Acta Biológica Colombiana* 14 (1), 173- 184

Cavalli-Sforza LL y Bodmer WF. (1981). *Genética de las poblaciones humanas*. Barcelona: Ediciones Omega.

Cerezo M, Achilli A, Olivieri A, Perego UA, Gómez-Carballa A, Brisighelli F, Lancioni H, Woodward SR, López-Soto M, Carracedo A, Capelli C, Torroni A and Salas A. (2012). Reconstructing ancient mitochondrial DNA links between Africa and Europe. *Genome Research* 22, 821-826.

Cifuentes L, Jorquera H, Acuña M, Ordóñez J and Sierra AL. (2008). Allele frequencies for 12 autosomal short tandem repeat loci in two bolivian populations. *Genetics and Molecular Research* 7 (1), 271-275.

Corach D, Lao O, Bobillo C, van der Gaag K, Zuniga S, Vermeulen M, Goedbloed P, Vallone M, Parson W, de Knijff P and Kayser M. (2010). Inferring continental ancestry of argentineans from autosomal, Y-Chromosomal and mitochondrial DNA. *Annals of human genetics* 74, 65-76.

Crespo Rodas A. (2009). *Esclavos negros en Bolivia*. 3ra edición, La Paz: Gum, pp. 204.

Crognier E, Villena M and Vargas E. (2002). Reproduction in high altitude aymara: physiological stress and fertility planning? *Journal of Biosocial Science* 34: 463-473.

Cruciani F, La Fratta R, Santolamazza P, Sellitto D, Pascone R, Moral P, Watson E, Guida V, Colomb EB, Zaharova B, Lavinha J, Vona G, Aman R, Cali F, Akar N, Richards M, Torroni A, Novelletto A and Scozzari R. (2004). Phylogeographic analysis of haplogroup E3b (E-M215). Y chromosomes reveals multiple migratory events within and out of Africa. *American Journal of Human Genetics* 74, 1014-1022.

Chalá Cruz JF. (2010). Los afrochoteños. En: *Conocimiento desde adentro. Los afrosudamericanos hablan de sus pueblos y sus historias*. Volumen II. Sheila S. Walker comp. La Paz, Fundación Pedro Andavérez Peralta; Afrodiáspora inc.; Fundación Interamericana; Organización Católica Canadiense para el Desarrollo y la Paz; PIEB; pp. 264.

de Assis Poiars L, de Sá Osorio P, Spanhol FA, Coltre SC, Rodenbusch R, Gusmão L, Largura A, Sandrini F and Dornelles da Silva CM. (2010). Allele frequencies of 15 STRs in a representative sample of the Brazilian population. *Forensic Science International, Genetics* 4 (2), 61-3

de Azevedo DA, da Silva LAF, Gusmão L and Carvalho EF. (2009). Analysis of Y chromosome SNPs in Alagoas, Northeastern Brazil *Forensic Science International, Genetics Supplement Series* 2, 421-422.

Demarchi DA. (2009). *Microsatélites, distancias genéticas y estructura de poblaciones*

nativas sudamericanas. *Revista Argentina de Antropología Biológica* 11(1), 73-88.

Diaz Sarmiento, LF. (2010). Análisis de 17 loci de str de cromosoma Y en las poblaciones de Bogotá y Santander con fines genético poblacionales y forenses. Tesis de Maestría, Pontificia Universidad Javeriana, Bogotá, Colombia.

Di Fabio Rocca F y Raggio M. (2014). Afrodescendientes en Argentina: un enfoque bioantropológico. Entre pasados y presentes IV. *Estudios contemporáneos en ciencias antropológicas*, 330-346.

Di Fabio Rocca F. (2016). La presencia africana en el acervo génico de poblaciones cosmopolitas de la Argentina. Tesis de doctorado no publicada. Facultad de Filosofía y Letras. Universidad de Buenos Aires, Buenos Aires.

Domingues PM, Gusmão L, da Silva DA, Amorim A, Pereira RW and de Carvalho EF (2007). Sub-Saharan Africa descendents in Rio de Janeiro (Brazil): population and mutational data for 12 Y-STR loci. *International Journal of Legal Medicine* 121 (3), 238-241.

Excoffier L, Smouse PE and Quattro JM. (1992) Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics* 131: 479-491.

Excoffier L and Lischer HEL. (2010). Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources* 10: 564-567.

Fejerman L, Carnese FR, Goicoechea AS, Avena SA, Dejean CR and Ward RH. (2005). The African ancestry of the population of Buenos Aires. *American Journal of Physical Anthropology* 128 (1): 164-170.

Fregel Lorenzo RI. (2010). La evolución genética de las poblaciones humanas canarias: determinación mediante marcadores autosómicos y uniparentales. Tesis doctoral, Universidad de La Laguna, Tenerife, España.

Fridman C and Gonzalez RS. (2009). HVIII discrimination power to distinguish HVI and HVII common sequences. *Forensic Science International, Genetics Supplement Series* 2, 320-321.

Galanter JM, Fernandez-Lopez JC, Gignoux CR, Barnholtz-Sloan J, Fernandez-Rozadilla C, et al. (2012). Development of a Panel of Genome-Wide Ancestry Informative Markers to Study Admixture Throughout the Americas. *PLoS Genetics* 8 (3): e1002554. Epub 2012 Mar 8.

García A, Demarchi G, Tovo-Rodríguez L, Pauro M, Callegari-Jacques S, Salzano F and Hutz M. (2015). High population homogeneity in Central Argentina as assessed by Ancestry Informative Markers (AIMs). *Genetics and Molecular Biology* 38, 324-331.

García J. (2010a). Afroepistemología y Afroepistemológica. En: *Conocimiento desde*

adentro. Los afrosudamericanos hablan de sus pueblos y sus historias. Volumen I. Sheila S. Walker comp. La Paz, Fundación Pedro Andavérez Peralta; Afrodiáspora inc.; Fundación Interamericana; Organización Católica Canadiense para el Desarrollo y la Paz; PIEB; pp. 355.

García J. (2010b). La diáspora africana en Venezuela. En: Conocimiento desde adentro. Los afrosudamericanos hablan de sus pueblos y sus historias. Volumen II. Sheila S. Walker comp. La Paz, Fundación Pedro Andavérez Peralta; Afrodiáspora inc.; Fundación Interamericana; Organización Católica Canadiense para el Desarrollo y la Paz; PIEB; pp. 264.

Gayà-Vidal M, Moral P, Saenz-Ruales N, Gerbault P, Tonasso L, Villena M, Vasquez R, Bravi CM and Dugoujon JM. (2011). mtDNA and Y-Chromosome diversity in Aymaras and Quechuas from Bolivia: different stories and special genetic traits of the Andean Altiplano populations. *American Journal of Physical Anthropology* 145 (2), 215-30.

Geler L. (2011). Afroporteños: autorrepresentaciones y disputas en el Buenos Aires de ayer y hoy. En: *Afrodescendencia. Aproximaciones contemporáneas desde América Latina y el Caribe*. México DF: Centro de información de las Naciones Unidas para México, Cuba y República Dominicana, pp 11-15. URL:<http://www.cinu.mx/AFRODESCENDENCIA.pdf>

Golberg MB. (2003). Milicias y tropas negras de Buenos Aires. Afroargentinos armados para defender a sus amos. *Memoria y Sociedad* 7 (15), 37-51.

Gómez-Pérez L, Alfonso-Sánchez M, Dipierri J, Alfaro E, García-Obregón S, de Pancorbo M, Bailliet G and Peña J. (2011). Microevolutionary processes due to landscape features in the province of Jujuy (Argentina). *American Journal Human Biology* 23, 177-184.

Goncalves VF, Carvalho CMB, Bortolini MC, Budlowski SP and Pena SDJ. (2008). The phylogeography of African Brazilians. *Human Heredity* 65, 23-32.

González Andrade JF. (2006). Análisis molecular de variación de polimorfismos STR autosómicos y de cromosoma Y en grupos étnicos de Ecuador con aplicación médico-forense. Tesis doctoral, Universidad de Zaragoza, España.

González Andrade F, Sánchez D and Martínez-Jarreta MB. (2007). Sex-specific genetic admixture of mestizos, amerindian kichwas and afroecuatorians from Ecuador. *Human Biology* 79 (1) 51-77.

Grattapaglia D, Schmidt AB, Costa e Silva D, Stringher C, Fernandes AP and Ferreira ME. (2001). Brazilian population database for the 13 STR loci of the AmpF λ STR $^{\circledR}$ Profiler plus $^{\text{TM}}$ and Cofiler $^{\text{TM}}$ multiplex kits. *Forensic Science International* 118, 91-94.

Guzmán F. (2011). Afrodescendientes y afroindígenas en el noroeste argentino. Un repaso histórico sobre las identidades, las clasificaciones y la diferencia. En: *Afrodescendencia. Aproximaciones contemporáneas desde América Latina y el Caribe*. México DF: Centro de información de las Naciones Unidas para México, Cuba y República Dominicana, pp 16-22. URL:<http://www.cinu.mx/AFRODESCENDENCIA.pdf>

- Hammer MF. (2013). Híbridos humanos. *Investigación y ciencia*, 442: 76-81.
- Harich N, Costa MD, Fernandes V, Kandil IM, Pereira JB, Silva NS and Pereira L. (2010). The trans-Saharan slave trade – clues from interpolation analyses and high-resolution characterization of mitochondrial DNA lineages. *BMC Evolutionary Biology* 10, 138.
- Heinz T, Cárdenas JM, Álvarez-Iglesias V, Pardo-Seco J, Gómez-Carballa A, Santos C, Taboada-Echalar P, Martín-Torres F and Salas A. (2015) The genomic legacy of the transatlantic slave trade in the Yungas Valley of Bolivia. *PLoS ONE* 10 (8): e0134129. doi:10.1371/journal.pone.0134129
- Hincapié López ML. (2009). Determinación de la estructura genética humana de una muestra poblacional santandereana, mediante marcadores microsatélites. Tesis de Maestría, Universidad Industrial de Santander, Colombia.
- Hünemeier T, Carvalho C, Marrero AR, Salzano FM, Junho Pena SD, and Bortolini MC. (2007). Niger-Congo speaking populations and the formation of the Brazilian gene pool: mtDNA and Y-Chromosome data. *American Journal of Physical Anthropology* 133 (2), 854-67.
- Iudica C y Parolin ML. (2011). Experiencia de campo en la población afrodescendiente de Tocaña, Bolivia. *International Journal of Bio Anthropological Practice*, num.2.
- Jobling MA and Tyler-Smith C. (2003). The human Y chromosome: an evolutionary marker comes of age. *Nature Reviews Genetics* 4 (8), 598-612.
- Ke Y, Su B, Song X, Lu D, Chen L, Li H, Qi C, Marzuki S, Deka R, Underhill P et al. (2001). African origin of modern humans in East Asia: a tale of 12,000 Y chromosomes. *Science* 292, 1151-3.
- Keyeux G, Rodas MC y Bernal JE. (2000). Haplogrupos fundadores del DNA mitocondrial en poblaciones colombianas: aporte a los estudios en América. *Geografía humana de Colombia. Variación biológica y cultural en Colombia (Tomo I)*. Bogotá: Instituto colombiano de cultura hispánica.
- Kivisild T, Reidla M, Metspalu E, Rosa A, Brehm A, Pennarun E, Parik J, Geberhiwot T, Usanga E and Villems R. (2004). Ethiopian mitochondrial DNA heritage: tracking gene flow across and around the gate of tears. *American Journal of Human Genetics* 75, 752-770.
- Klein HS (2011). *Historia de Bolivia. De los orígenes al 2010*. 4ta. Edición, aumentada y corregida. La Paz: GUM, pp. 374.
- Krebs J, Goldstein ES y Kilpatrick ST. (2012). *Genes. Fundamentos*. 2da. Edición. México: Ed. Méd. Panamericana, pp. 832.
- Lanteri AA y Confalonieri VA. (2003). *Filogeografía: objetivos, métodos y ejemplos*. En: Una perspectiva latinoamericana de la biogeografía. Jorge Llorente Bousquets y Juan José Morrone (eds.), Facultad de Ciencias, UNAM, México, pp 185-193.

Lee HY, Song I, Ha E, Cho SB, Yang WI and Shin K-J. (2008). mtDNAManager: a web-based tool for the management and quality analysis of mitochondrial DNA control-region sequence. *BioMed Central Bioinformatics* 9: 483.

Librado P and Rozas J. (2009) DnaSPv5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics* 25 (11): 1451-1452.

Lisocka-Jaegermann B. (2010). Los afrodescendientes en los países andinos. El caso de Bolivia. *Revista del CESLA* 1, (13), 317-329.

Londoño LA. (2009). Mulaló, Historia y Tradición de una Comunidad Afrocolombiana del Valle del Cauca. Cali.

Luizon MR. (2007). Dinâmica da mistura étnica em comunidades remanescentes de quilombo brasileiras. Tese doutorado, Universidade de São Paulo, Brasil.

Machado J. (2010). Afrouruguayos: tejiendo sus historias con hilos invisibles. En: *Conocimiento desde adentro. Los afrosudamericanos hablan de sus pueblos y sus historias. Volumen II.* Sheila S. Walker comp. La Paz, Fundación Pedro Andavérez Peralta; Afrodiáspora inc.; Fundación Interamericana; Organización Católica Canadiense para el Desarrollo y la Paz; PIEB; pp. 264.

Málaga Núñez Zeballos A y Nima Vera F. (2010). Africanos en la ciudad blanca: la esclavitud en Arequipa colonial (1539-1600). Arequipa: Universidad Católica de Santa María.

Marcos M. (2010). Distribución espacial de la población: conceptos y medidas. Serie Materiales Didácticos, Cátedra de Demografía Social, Facultad de Ciencias Sociales, Universidad de Buenos Aires.

Martínez Montiel LM. (2008). Africanos en América. La Habana, Editorial de Ciencias Sociales, La Habana, pp 537.

Medina Benítez L y Medina Alfonso JC. (2010). Los kambás de Paraguay: Las comunidades afrodescendientes. En: *Conocimiento desde adentro. Los afrosudamericanos hablan de sus pueblos y sus historias. Volumen II.* Sheila S. Walker comp. La Paz, Fundación Pedro Andavérez Peralta; Afrodiáspora inc.; Fundación Interamericana; Organización Católica Canadiense para el Desarrollo y la Paz; PIEB; pp. 264.

Melo MM. (2010). Diversidade genética nos principais grupos populacionais em Angola- Aplicação forense. Tese de doutoramento, Universidade do Porto, Portugal.

Meyer S, Weiss G and von Haeseler A. (1999). Pattern of nucleotide substitution and rate heterogeneity in the hypervariable regions I and II of human mtDNA. *Genetics* 152: 1103-1110.

Mishmar D, Ruiz-Pesini E, Golik P, Macaulay V, Clark AG, Hosseini S, Brandon M, Easley K, Chen E, Brown MD, Sukernik RI, Olckers A and Wallace DC. (2003). Natural selection

shaped regional mtDNA variation in humans. Proceedings of the National Academy of Science, USA. 7; 100(1), 171-6.

Mitomap, <http://www.mitomap.org/>

Molina LD y López ML. (2010). Aportes de africanos y afrodescendientes a la identidad nacional argentina. Una visión afrogénica. En: Conocimiento desde adentro. Los afrosudamericanos hablan de sus pueblos y sus historias. Volumen I. Sheila S. Walker comp. La Paz, Fundación Pedro Andavérez Peralta; Afrodiáspora inc.; Fundación Interamericana; Organización Católica Canadiense para el Desarrollo y la Paz; PIEB; pp. 355 pp.

Motti JMB, Alfaro EL, Dipierri JE, Muzzio M, Ramallo V, Santos MRa, Irwin JA, Scheible M, Saunier JL, Coble MDc, Bailliet G and Bravi CM. (2009). An homoplasmic large deletion in mtDNA Control Region: Case report. Forensic Science International, Genetics Supplement Series 2, 219-220.

Motti J, Muzzio M, Ramallo V, Rodenak Kladniew B, Alfaro E, Dipierri J, Bailliet G y Bravi C. (2013). Origen y distribución espacial de linajes maternos nativos en el noroeste y centro-oeste argentinos. Revista Argentina de Antropología Biológica 15, 1: 03-14.

Nachman NW and Crowell SL (2000). Estimate of the mutation rate per nucleotide in humans. Genetics 156 (1): 297-304.

Nitoburg E. (1991). Africanos en el nuevo mundo. El elemento negroide en la formación de las nacionalidades en América. Moscú: Progreso.

Noss KJ. (2001). Clearing the Confusion, Fighting the Fight: Afro-Bolivian Expression in *La Suya*. Interamerican conference on black music research. Puerto España, Trinidad y Tobago.

Nuñez C, Baeta M, Sosa C, Casalod Y, Ge J, Budowle B and 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.

Oliveira A, Gusmão L, Domingues P and de Carvalho EF. (2009). Analysis of Y chromosome lineages in a sample from Sub-Saharan Africa descendents in Rio de Janeiro. Forensic Science International, Genetics Supplement Series 2, 442-443.

Pakendorf B and Stoneking M (2005). Mitochondrial DNA and human evolution. Annual Review of Genomics and Human Genetics 6, 165-83.

Pardiñas AF, Martínez JL, Roca A, García-Vázquez and López B. (2014). Over the sands and far away : interpreting an Iberian Mitochondrial Lineage with ancient western African origins. American Journal of Human Biology 26 (6), 777-783.

Parolin ML, Avena SA, Dejean CB, Jaureguiberry SM, Sambuco LA and Carnese FR. (2012). Y-chromosomal STR haplotype diversity in a sample from the Metropolitan Area of Buenos

Aires (Argentina). *Revista del Museo de Antropología* 5, 53-64.

Parson W, Gusmão L, Hares DR, Irwin JA, Mayr WR, Morling N, Pokorak E, Prinz M, Salas A, Schneider PM and Parsons TJ. (2014). DNA Commission of the International Society for Forensic Genetics: revised and extended guidelines for mitochondrial DNA typing. *Forensic Science International: Genetics* 13: 134-142.

Pasciaroni C, Olea M y Schroeder R. (2010). Pequeñas localidades, entre el éxodo rural y la urbanización. *Evolución de las localidades rurales de la región pampeana argentina: 1960-2001*. VIII Congreso Latinoamericano de Sociología Rural, Porto de Galinhas, Brazil.

Pauro M, García A, Nores R and Demarchi D. (2013). Analysis of uniparental lineajes in two villages of Santiago del Estero, Argentina, seat of “Pueblos de Indios” in colonial times. *Human Biology* 85 (5): 699-720.

Peakall R and Smouse PE. (2006). Genalex 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes* 6, 288-295.

Pena SDJ, Di Pietro G, Fuchshuber-Moraes M, Genro JP, Hutz MH, Kehdy FdSG, et al. (2011). The genomic ancestry of individuals from different geographical regions of Brazil is more uniform than expected. *PLoS ONE* 6(2): e17063. doi:10.1371/journal.pone.0017063

Pérez Inofuentes DM. (2010). *Polvareda se levanta. Las estrategias reivindicativas de la comunidad afroboliviana*. LARevista, Bolletin Nro. 72. Universität Zürich.

Pla J. (2010). *La esclavitud en el Paraguay*. Asunción: Intercontinental, pp. 101.

Platicón Caicedo RA. (2010). Los afropacíficos: herederos de un legado diaspórico en un territorio ignoto. En: *Conocimiento desde adentro. Los afrosudamericanos hablan de sus pueblos y sus historias*. Volumen I. Sheila S. Walker comp. La Paz, Fundación Pedro Andavérez Peralta; Afrodiáspora inc.; Fundación Interamericana; Organización Católica Canadiense para el Desarrollo y la Paz; PIEB; pp. 355.

Poetsch M, Thomas Bajanowski T and Pfeiffer H. (2012). The publication of population genetic data in the *International Journal of Legal Medicine*: guidelines. *International Journal of Legal Medicine* 126, 489-490.

Portugal Ortiz M. (1978). *La esclavitud negra en las épocas colonial y nacional de Bolivia*. Instituto Boliviano de cultura. La Paz: Universo Editora, pp. 112.

Presciuttini SA, Caglià M, Alù A, Asmundo L, Buscemi L, Caenazzo e, Carnevali E, Carra Z, De Battisti F, De Stefano R, Domeneci A, Piccinini N, Resta U, Ricci U and Pascali VL (2001). Y-chromosome haplotypes in Italy: the GEFI collaborative database. *Forensic Science International* 122, 184-188.

Pritchard JK, Stephens M and Donnelly P. (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155 (2): 945-959.

Ramallo V, Mucci JM, García A, Muzzio M, Motti JMB, Santos MR, Pérez ME, Alfaro EL, Dipierri JE, Demarchi DA, Bravi CM and Bailliet G. (2009). Comparison of Y-chromosome haplogroup frequencies in eight provinces of Argentina. *Forensic Science International, Genetics Supplement Series* 2:431-432.

Reich D, Patterson N, Campbell D, Tandon A, Mazieres S, Ray N, Parra MV, Rojas W, Duque C, Mesa N, García LF, Triana O, Blair S, Maestre A, Dib JC, Bravi CM, Bailliet G, Corach D, Hünemeier T, Bortolini MC, Salzano FM, Petzl-Erler ML, Acuña-Alonzo V, Aguilar-Salinas C, Canizales-Quinteros S, Tusié-Luna T, Riba L, Rodríguez-Cruz M, Lopez-Alarcón M, Coral-Vazquez R, Canto-Cetina T, Silva-Zolezzi I, Fernandez-Lopez JC, Contreras AV, Jimenez-Sanchez G, Gómez-Vázquez MJ, Molina J, Carracedo A, Salas A, Gallo C, Poletti G, Witonsky DB, Alkorta-Aranburu G, Sukernik RI, Osipova L, Fedorova SA, Vasquez R, Villena M, Moreau C, Barrantes R, Pauls D, Excoffier L, Bedoya G, Rothhammer F, Dugoujon JM, Larrouy G, Klitz W, Labuda D, Kidd J, Kidd K, Di Rienzo A, Freimer NB, Price AL and Ruiz-Linares A. (2012). Reconstructing native american population history. *Nature* 488 (7511) 370-374.

Rey Gutierrez M. (1998). La Saya como medio de comunicación y expresión cultural en la comunidad Afroboliviana. Tesis de licenciatura, Universidad Mayor de San Andrés, La Paz, Bolivia.

Roby RK, Gonzalez SD, Phillips NR, Planz JV, Thomas JL, Pantoja Astudillo JA, Ge J, Aguirre Morales E, Eisenberg AJ, Chakraborty R, Bustos P and Budowle B. (2009). Autosomal STR allele frequencies and Y-STR and mtDNA haplotypes in Chilean sample populations. *Forensic Science International, Genetics Supplement Series* 2, 532-533.

Rocabado O, Taboada P, Inda FJ, Yurrebaso I and García O. (2009). Population genetic data for 15 STR loci (Identifiler™ kit) in Bolivia. *Legal Medicine* 11, 302-304.

Rocco P, Morales C, Moraga M, Miquel J, Nervi F, Llop E, Carvallo P, y Rothhammer F. (2002). Composición genética de la población chilena: Distribución de poliformismos de DNA mitocondrial en grupos originarios y en la población mixta de Santiago. *Revista Médica de Chile* 130 (2),125-31.

Rosa A and Brehm A. (2011). African human mtDNA phylogeography at-a-glance. *Journal of Anthropological Sciences* 89, 25-58.

Rosal MA. (2011). Africanos esclavizados llegados al Plata durante el lapso tardocolonial. En: *Afrodescendencia. Aproximaciones contemporáneas desde América Latina y el Caribe*. Centro de información de las Naciones Unidas para México, Cuba y República Dominicana, pp 5-10. URL:<http://www.cinu.mx/AFRODESCENDENCIA.pdf>

Roewer L., Krawczak M, Willuweit S, Nagy M, Alves C, Amorim A, Anslinger K, Augustin C, Betz A, Bosch E, Cagliá A, Carracedo A, Corach D, Dekairelle AF, Dobosz T, Dupuy BM, Füredi S, Gehrig C, Gusmao L, Henke J, Henke L, Hidding M, Hohoff C, Hoste B, Jobling MA, Kärger HJ, de Knijff P, Lessig R, Liebeherr E, Lorente M, Martínez-Jarreta B, Nievas P, Nowak M, Parson W, Pascali VL, Penacino G, Ploski R, Rolf B, Sala A, Schmidt U, Schmitt C, Schneider PM, Szibor R, Teifel-Greding J and Kayser M. (2001). Online reference database

of Y-chromosomal short tandem repeat (STR). haplotypes. *Forensic Science International* 118,103-111.

Rousset F. (2008) Genepop´007: a complete reimplementaion of the Genepop software for Windows and Linux. *Molecular Ecology Resources* 8: 103-106.

Salas A, Richards M, De la Fé T, Lareu MV, Sobrino B, Sánchez-Diz P, Macaulay V and Carracedo A. (2002). The making of the African mtDNA land-scape. *American Journal of Human Genetics* 71, 1082-1111.

Salas A, Richards M, Lareu MV, Scozzari R, Coppa A, Torroni T, Macaulay V and Carracedo A. (2004). The African diaspora: mitochondrial DNA and the Atlantic slave trade. *American Journal of Human Genetics* 74 (3), 454-465.

Salas A, Carracedo A, Richards M and Macaulay V. (2005). Charting the ancestry of African Americans. *American Journal of Human Genetics* 77, 676- 680.

Salas A, Acosta A, Álvarez-Iglesias V, Cerezo M, Lareu MV and Carracedo Á. (2008a). The mtDNA ancestry of admixed Colombian population. *American Journal of Human Biology* 20 (5), 584-591.

Salas A, Jaime JC, Álvarez-Iglesias V and Carracedo A. (2008b). Gender bias in the multiethnic genetic composition of central Argentina. *Journal of Human Genetics* 53: 662-674.

Salgado Henríquez M. (2010). El legado africano en Chile. En: *Conocimiento desde adentro. Los afrosudamericanos hablan de sus pueblos y sus historias. Volumen I.* Sheila S. Walker comp. La Paz, Fundación Pedro Andavérez Peralta; Afrodiáspora inc.; Fundación Interamericana; Organización Católica Canadiense para el Desarrollo y la Paz; PIEB; pp. 355.

Santos NPC, Riberio-Rodrigues EM, Ribeiro-dos-Santos AKC, Pereira R, Gusmao L, Amorim A, Guerreiro JF, Zago MA, Matte C, Hutz MH and Santos SEB. (2010). Assessing individual interethnic admixture and population substructure using a 48-insertion-deletion (INDEL). ancestry-informative marker (AIM) panel. *Human mutation* 31, (2), 184-190.

Santos C, Fregel R, Cabrera V, Álvarez L, Larruga JM, Ramos A, López MA, Aluja MP and González AM. (2014). Mitochondrial DNA and Y-Chromosome structure at the Mediterranean and Atlantic Façades of the Iberian Peninsula. *American Journal of Human Biology* 26, 130-141.

Sans M, Weimer TA, Franco MHL, Salzano FM, Betancor N, Álvarez I, Bianchi NO and Chakraborty R. (2002). Unequal contributions of male and female gene pools from parental populations in the african descendants of the city of Melo, Uruguay. *American Journal of Physical Anthropology* 118: 33-44.

Sans M, Merriwether DA, Hidalgo PC, Bentancor N, Weimer TA, Franco MHL, Álvarez I, Kemp BM and Salzano FM. (2006). Population structure and admixture in Cerro Largo, based on blood markers and mitochondrial DNA polymorphisms. *American Journal of*

Human Biology 18, 513-524.

Sans M, Barreto I y Figueiro G. (2011). La población de origen africano en el Uruguay: los datos histórico-demográficos. En: Herencia africana en el Uruguay. Espacio Uruguayo de y para la región, pp 15-27.

Schávelzon D. (2003). Buenos Aires negra. Arqueología histórica de una ciudad silenciada. Buenos Aires: Emecé, pp. 259.

Schlecht J, Kaplan ME, Barnard K, Karafet T, Hammer MF and Merchant NC. (2008) Machine-Learning Approaches for Classifying Haplogroup from Y Chromosome STR Data. PLoS Comput Biol 4(6): e1000093. doi:10.1371/journal.pcbi.1000093

Schurr TG. (2004). The peopling of the new world. Perspectives from Molecular Anthropology. Annual Review of Anthropology 33, 551-583.

Semino O, Santachiara-Benerecetti SA, Falaschi F, Cavalli-Sforza LL and Underhill PA. (2002). Ethiopians and Khoisan share the deepest clades of the human Y-chromosome phylogeny. American Journal of Human Genetics 70, 265-268.

Silva WA, Bortolini MC, Schneider MPC, Marrero AR, Elion J, Krishnamoorthy R and Zago MA. (2006). mtDNA haplogroup analysis of Black Brazilian and sub-Saharan populations: implications for the Atlantic slave trade. Human Biology 78, 29-41.

Soares P, Alshamali F, Pereira JB, Fernandes V, Silva NM, Afonso C, Costa MD, Musilová E, Macaulay V, Richards MV, Cerný V and Pereira L. (2012). The Expansion of mtDNA Haplogroup L3 within and out of Africa. Molecular Biology and Evolution 29 (3), 915-27.

Tajima F. (1989). Statistical methods to test for nucleotide mutation hypothesis by DNA polymorphism. Genetics 123: 585-596.

Tamm E, Kivisild T, Reidla M, Metspalu M, Smith DG, et al. (2007). Beringian standstill and spread of Native American Founders. PLoS ONE 2 (9), e829. doi:10.1371/journal.pone.0000829

Tamura K, Peterson D, Peterson N, Stecher G, Nei M, and Kumar S. (2011). MEGA5: Molecular Evolutionary Genetics Analysis using Maximum Likelihood, Evolutionary Distance, and Maximum Parsimony Methods. Molecular Biology and Evolution 28: 2731-2739.

Terreros Ibáñez GA. (2010). Determinación de la variación de las secuencias de las regiones HVI y HVII de la región control del DNA mitocondrial en una muestra de la población caribe colombiana. Tesis de Maestría, Pontificia Universidad Javeriana, Bogotá, Colombia.

Underhill PA, Passarino G, Lin AA, Shen P, Mirazon Lahr M, Foley RA, Oefner PJ and Cavalli-Sforza LL. (2001). The phylogeography of Y chromosome binary haplotypes and the origins of modern human populations. Annals of Human Genetics 65, 43-62.

van Oven M and Kayser M. (2009). Updated comprehensive phylogenetic tree of global human mitochondrial DNA variation. *Human mutation* 30 (2): E386.E394. <http://www.phylotreee.org> doi:10.1002/humu.20921

Velázquez T. (2013). Estimación de mestizaje mediante el método de varianzas alélicas (VARMIX 3.0). a partir de 13 STR autosómicos. Tesis de licenciatura, UDELAR, Uruguay.

Vidart D y Pi Hugarte R. (1969). El legado de los inmigrantes II. Colección Nuestra Tierra, N° 39. Montevideo, Uruguay.

Vullo C, Gómes V, Romanini C, Oliveira AM, Rocabado O, Aquino J, Amorim A and Gusmao L. (2015). Association between Y haplogroups and autosomal AIMs reveals intra-population substructure in Bolivian populations. *International Journal of Legal Medicine* 129 (4) 673-80.

Wakeley J. (1993). Substitution rate variation among sites in hypervariable region 1 of human mitochondrial DNA. *Journal of Molecular Evolution*; 37: 613-623.

Walker S. (2010). Recolocando los pedazos de Osiris/Recomponiendo el rompecabezas. La diáspora africana en la América del Sur hispanohablante. En: Conocimiento desde adentro. Los afrosudamericanos hablan de sus pueblos y sus historias. Volumen I. Sheila S. Walker comp. La Paz, Fundación Pedro Andavérez Peralta; Afrodiáspora inc.; Fundación Interamericana; Organización Católica Canadiense para el Desarrollo y la Paz; PIEB; pp. 355.

Walsh C. (2007). Lo afro en América andina. *Journal of Latin American and Caribbean Anthropology* 12 (1), 200-212.

Wang S, Lewis CM Jr, Jakobsson M, Ramachandran S, Ray N, et al. (2007). Genetic variation and population structure in Native Americans. *PLoS Genetics* 3 (11): e185. doi:10.1371/journal.pgen.0030185

Wang S, Ray N, Rojas W, Parra MV, Bedoya G, Gallo C, Poletti G, Mazzotti G, Hill K, Hurtado AM, Camrena B, Nicolini H, Klitz W, Barrantes R, Molina JA, Freimer NB, Bortolini MC, Salzano FM, Petzl-Erler ML, Tsuneto LT, Dipierri JE, Alfaro EL, Bailliet G, Bianchi NO, Llop E, Rothhammer F, Excoffier L and Ruiz-Linares A. (2008). Geographic Patterns of Genome Admixture in Latin American Mestizos. *PLoS Genetics* 4 ,1.

Yang ZH. (1996). Among-site rate variation and its impact on phylogenetic analyses. *Trends in Ecology and Evolution* 11: 367-372

Zegura SL, Karafet TM, Zhivotovsky LA and Hammer MF. (2004). High-resolution SNPs and microsatellite haplotypes point to a single, recent entry of native American Y chromosomes into the Americas. *Molecular Biology and Evolution* 21, 164-75.