

UNIVERSIDAD CENTRAL DE VENEZUELA
FACULTAD DE CIENCIAS ECONÓMICAS Y SOCIALES
ESCUELA DE ANTROPOLOGÍA



Autor: Br. Katherine García Fernández

Tutor: Dra. Dinorah Castro de Guerra

Caracas, Octubre de 2008



UNIVERSIDAD CENTRAL DE VENEZUELA
FACULTAD DE CIENCIAS ECONÓMICAS Y SOCIALES
ESCUELA DE ANTROPOLOGÍA

**CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE LA POBLACIÓN DEL
ESTADO SUCRE Y LA PENÍNSULA DE ARAYA (VENEZUELA),
A TRAVÉS DEL ESTUDIO DE POLIMORFISMOS DEL ADN
MITOCONDRIAL**

Trabajo Final presentado para optar al título de Antropólogo

Autor: Br. Katherine García Fernández

Tutor: Dra. Dinorah Castro de Guerra

Caracas, Octubre de 2008

CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE LA POBLACIÓN DEL ESTADO SUCRE Y LA PENÍNSULA DE ARAYA (VENEZUELA), A PARTIR DEL ESTUDIO DE POLIMORFISMOS DEL ADN MITOCONDRIAL

Autor(a): Br. Katherine García Fernández

Tutor(a): Dra. Dinorah Castro de Guerra.

RESUMEN

La población Venezolana, ha sufrido un fuerte mestizaje producto de diversos procesos históricos, que le ha proporcionado una estructura genética particular. Presenta en su registro genético el producto de la unión de grandes grupos con orígenes étnicos diferentes; éstos son en primer lugar, los aborígenes de América del Sur conocidos como amerindios, y en segundo lugar, la llegada por un lado de los europeos y por otro, de los esclavos de origen africano (Castro, 1991). Este mestizaje, varía en proporción según la región geográfica que se analice.

Estudios de polimorfismos clásicos y moleculares han proporcionado información significativa sobre la conformación genética en la Región Oriental y específicamente en Sucre. A partir del análisis de ciertos polimorfismos biparentales (ABO, Rh y STR) se reportó que la mayor contribución corresponde a la fracción europea, con algunas discrepancias en cuanto a la proporción de las fracciones de origen africano y amerindias (Vívenes y col., 2008; 2004; Rodríguez-Larralde y col., 2001) Sin embargo, estos estudios reflejan el mestizaje general de la población sin distinción por sexo de los individuos, pudiéndose inferir al respecto a través de linajes de herencia uniparental.

Con la finalidad de inferir sobre los *linajes genéticos femeninos* que conforman la población de Sucre y Araya, se determinaron haplogrupos mitocondriales, a partir del análisis de los Polimorfismos en la Longitud de los Fragmentos de Restricción (RFLP's) del ADN mitocondrial, que permiten conocer por separado el aporte genético de los linajes femeninos que dieron origen a la población. Para ello se analizaron 99 (84 de Sucre y 15 de Araya) muestras provenientes de individuos sin parentesco, con padres y abuelos nacidos en la zona, de las que se estudiaron siete sitios que permiten identificar haplogrupos con diferente origen étnico/geográfico: Amerindios A, B, C y D; europeos H, I, J, K, T, U, V, W y X, y africano L. Las muestras fueron amplificadas por PCR y posteriormente fueron digeridas con enzimas de restricción (RFLP). Los productos de las ampliificaciones y digestiones fueron observados mediante PAGE.

La mayor frecuencia en Sucre se observó para el haplogrupo "A", seguido se observaron en el siguiente orden el "B", "L", "C", luego la categoría "T, U, V, W, X", seguida de la que agrupa a "I, J, K", el haplogrupo "D" y por último y poco frecuente, el "H". Por otro lado, en la Península de Araya la mayor frecuencia

encontrada corresponde también al haplogrupo “A”, mientras que en segundo lugar se encuentra el “D”, luego el “H”; la categoría “T, U, V, W, X” y el haplogrupo “C”, todos con la misma frecuencia. No se observó el haplogrupo “L”, la categoría “I, J, K” ni el “B”. La estimación de mestizaje del ADNmt evidencia un importante aporte de origen amerindio (A, B, C y D) por vía femenina a la conformación genética de Sucre y Araya. Las distancias genéticas F_{st} y los dendrogramas, revelaron la gran semejanza existente entre Sucre y Monagas por un lado y por otro, Araya y Nueva Esparta. Además de la cercanía con algunas poblaciones del Caribe y Mesoamérica.

El análisis de estos resultados sugiere que en la población de Sucre y Araya, el aporte amerindio femenino proviene principalmente de la población autóctona que se encontraba en ellas antes de la llegada de los colonizadores europeos, manteniéndose hasta nuestros días prácticamente en su estado original. A esta fracción amerindia, producto del mismo proceso histórico, se le fueron sumando en menor medida, las de origen europeo y africano modificando un poco la frecuencia de los haplogrupos amerindios. Por otro lado, el aporte europeo en Sucre fue inferior al reportado en estudios de polimorfismos clásicos y de ADN nuclear en la Región Oriental y Sucre, los cuales indicaron una importante presencia europea en la zona, pero que no puede ser explicada por vía femenina. En tal sentido, estudios de *Cromosoma Y* en Sucre, indican un predominio de haplogrupos europeos masculinos (González, 2008). Por ello, inferimos, que la superioridad de linajes genéticos femeninos amerindios responde a un patrón de unión preferencial entre hombres europeos y mujeres indígenas y africanas ocurrido durante el período de conquista y colonización en Venezuela, siendo esto consistente con la información histórica y genética reportada para América en general (Castro de Guerra, y col., 2006; Alves-Silva y col, 2000, Mesa y col., 2000).

*A mi Dios, por haberme dado la fortaleza
necesaria para continuar.*

*A mis amados padres por todo su
apoyo e infinita comprensión,
Dios los bendiga siempre.*

AGRADECIMIENTOS

Este Trabajo de Investigación, si bien ha requerido de un gran esfuerzo y dedicación por mi parte y de la tutora, no se habría podido realizar sin la valiosa y generosa colaboración de muchas personas y organizaciones a quienes quiero expresar mi más profundo agradecimiento.

Primero y antes que nada, dar gracias a Dios, por estar conmigo en todo momento, por iluminar mi mente y por haber puesto oportunamente en mi camino a aquellas personas que han sido mi apoyo y compañía durante todo este tiempo.

Como no agradecer a mi gran familia, por su inmenso amor, apoyo incondicional, sus oportunos consejos y sobre todo su constante estímulo para continuar hasta el final. Sin ustedes esto no habría sido posible. Gracias por confiar en mí e impulsarme para lograr mis metas. Gracias mamá por ser la mejor del mundo. Papá, Mamá, Ely y Lisbeth: ¡Gracias, los Amo Profundamente!

A esa persona tan especial en mi vida, que ha estado conmigo durante todo el desarrollo de mi trabajo. Por saber cuando hablar y cuando callar, por darme todo su amor, comprensión, ánimo, apoyo y definitivamente su gran paciencia. A ti, Aarón, por quererme de la manera que me quieres y siempre estar... ¡Todo mi amor para ti, GRACIAS!

También es mi deber y deseo, agradecer de manera muy especial y sincera a la Doctora Dinorah Castro de Guerra, por aceptarme para realizar esta tesis bajo su dirección. Su confianza en mí, su infinita paciencia, apoyo y su gran capacidad para guiar mis ideas con sus tan acertados comentarios, ha sido un aporte inmensurable en el desarrollo de este trabajo y en especial, en mi formación como profesional. Todo mi respeto y admiración para Usted, ¡Muchas gracias Profe!

De qué manera podría uno trabajar en un lugar donde las personas no se mostraran amables, abiertas a recibirte, dispuestas a enseñarte y colaborar con tu trabajo. Es por ello que agradezco de manera especial a todo el personal del Laboratorio de Genética Humana del Instituto Venezolano de Investigaciones Científicas, por hacerme sentir durante este tiempo como una más de ustedes, por brindarme la magnífica oportunidad de ser parte de esa familia tan bonita que integran todos. Muchas gracias por compartir tantos conocimientos conmigo y brindarme su amistad incondicional, en especial agradezco su gran paciencia. Dra. Irene, Dra. Dinorah, Dr. Álvaro, Neida, Mary Helen, Maitte, Vicky, Mireya, Marina, Cristina, Luis José, Edilsia, Gloria, Sr. Ramón... A todos, ¡MIL GRACIAS!

Gracias también a todos mis Grandes Amigos de Meeting Point, que a pesar de no entender del todo sobre que trató mi trabajo, siempre estuvieron ahí al pie del cañón impulsándome y animándome. Gracias por preocuparse tanto por mí. Gracias por su bella Amistad.

Debo agradecer también al Instituto Venezolano de Investigaciones Científicas (IVIC) y al Centro de Estudios Avanzados (CEA), por brindarme la oportunidad de realizar mi trabajo de investigación en sus instalaciones y proporcionarme todo lo necesario durante el desarrollo del mismo. Así como también a la Universidad Central de Venezuela (UCV) y la Escuela de Antropología por permitirme formarme en sus aulas y espacios y por ofrecerme todas las herramientas necesarias para desarrollarme como profesional en la Antropología.

Finalmente, a todas aquellas personas que de una u otra forma se interesaron y colaboraron con este trabajo con su apoyo, aliento y orientación.

¡A todos, Dios los Bendiga y Gracias!

ÍNDICE GENERAL

	Pág.
Resumen	ii
Dedicatoria	iv
Agradecimientos	v
Índice General	vii
Índice de Tablas	ix
Índice de Figuras	x
Índice de Gráficos	xi
Capítulo I. Introducción	xii
Capítulo II. Marco Teórico	
2.1.- La Genética de Poblaciones.....	1
2.1.1.- Fuerzas evolutivas. Factores que alteran las frecuencias alélicas en las poblaciones.....	2
2.1.1.1.- Mutación.....	2
2.1.1.2.- Migración.....	3
2.1.1.3.- Selección Natural.....	4
2.1.1.4.- Deriva Génica.....	5
2.2.- Las mitocondrias y el ADN mitocondrial.....	5
2.3.- Polimorfismos del ADN y su utilidad en la genética de poblaciones humanas.....	9
2.4.- Haplogrupos y variaciones del ADNmt mundial.....	13
2.4.1.- ADNmt en africanos.....	13
2.4.2.- ADNmt en europeos.....	14
2.4.3.- ADNmt en amerindios.....	14
CAPITULO III. MARCO HISTÓRICO	
3.1.- Estado Sucre.....	15
3.1.1.- Aspectos físicos y ubicación geográfica.....	15

3.2.- Reseña histórica del Edo. Sucre.....	17
3.2.1.- Primeros pobladores.....	19
3.2.2.- Conquista y Colonización de las tierras de Sucre.....	29
3.2.2.1.- La llegada de los españoles a la Península de Paria.....	29
3.2.2.2.- Momento de la Colonización.....	33
3.2.3.- La entrada de los esclavos negros.....	36
3.3.- La Península de Araya.....	40
3.4.- Densidad de población.....	42
CAPITULO IV. MARCO METODOLÓGICO	
4.1.- Diseño de la investigación.....	46
4.2.- Muestra.....	46
4.3.-Metodología.....	47
4.3.1.- Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR).....	48
4.3.2.- Digestión con enzimas de restricción.....	49
4.3.3.- Análisis de datos.....	55
CAPITULO V. RESULTADOS	
5.1.- Frecuencias de los haplogrupos del ADNmt en Sucre y Araya.....	57
5.2.- Proporción de mestizaje Sucre y Araya según el análisis de los haplogrupos del ADNmt.....	61
5.3.- Distancias genéticas estimadas a partir de las frecuencias de los haplogrupos del ADNmt en el estado Sucre y la Península de Araya, con otras poblaciones de Venezuela, América y el Caribe.....	64
CAPITULO VI. DISCUSIÓN.....	78
CAPÍTULO VII. CONCLUSIONES.....	98
BIBLIOGRAFÍA.....	101
ANEXOS.....	113

ÍNDICE DE TABLAS

	Pág
1.- Censos Población del Estado Sucre.....	43
2.- Secuencia de los oligómeros empleados para la amplificación del ADNmt.....	49
3.- Endonucleasas de restricción empleadas en la investigación y su nomenclatura.....	50
4.- Marcadores moleculares, haplogrupos respectivos y origen Geográfico.....	51
5.- Frecuencia de haplogrupos del ADNmt en el estado Sucre y Araya.....	58
6.- Distancias genéticas (Fst) entre Sucre y Araya y otras poblaciones de Venezuela, estimadas a partir del análisis de seis haplogrupos de ADNmt.....	65
7.- Distancias genéticas (Fst) entre Sucre y Araya y otras poblaciones de América y el Caribe, estimadas a partir del análisis de seis haplogrupos de ADNmt.....	68
8.- Distancias genéticas (Fst) entre Sucre y Araya con otras poblaciones de Venezuela, estimadas a partir del análisis de cuatro haplogrupos de ADNmt.....	72
9.- Distancias genéticas (Fst) entre Sucre y Araya y otras poblaciones de América, estimadas a partir del análisis de cuatro haplogrupos de ADNmt.....	75

ÍNDICE DE FIGURAS

	Pág
1.- Mutaciones. Cambios en la secuencia del ADN.....	3
2.- Esquema representativo de la mitocondria en la célula.....	6
3.- Mapa de la ubicación geográfica del Estado Sucre.....	17
4.- Estrecho de Bering.....	19
5.- Teoría de la <i>H</i>	22
6.- Expansión de grupos Caribes.....	23
7.- Patrón de amplificación y digestión de 10.394 <i>DdeI</i>	52
8.- Patrón de amplificación y digestión de 3.592 <i>HpaI</i>	52
9.- Patrón de amplificación y digestión de 5.176 <i>AluI</i>	53
10.- Patrón de amplificación y digestión de 13.259 <i>HincII</i>	53
11.- Patrón de amplificación y digestión de 7.025 <i>AluI</i>	54
12.- Patrón de amplificación y digestión de 663 <i>HaeIII</i>	54
13.- Patrón de amplificación de la delección de 9 pb.....	55
14.- Árbol de afinidad genética entre Sucre, Araya y otras poblaciones de Venezuela, realizado a partir del análisis de seis haplogrupos del ADNmt.....	66
15.- Árbol de afinidad genética entre Sucre, Araya y otras poblaciones de Venezuela, América y el Caribe; realizado a partir del análisis de seis haplogrupos del ADNmt.....	69
16.- Árbol de afinidad genética entre Sucre, Araya y otras poblaciones de Venezuela, realizado a partir del análisis de cuatro haplogrupos del ADNmt.....	73
17.- Árbol de afinidad genética entre Sucre, Araya y otras poblaciones de Venezuela, América y el Caribe; realizado a partir del análisis de cuatro haplogrupos del ADNmt.....	76

ÍNDICE DE GRÁFICOS

	Pág
1.- Frecuencia de los haplogrupos del ADNmt en Sucre.....	59
2.- Frecuencia de los haplogrupos del ADNmt en la Península de Araya.....	60
3.- Porcentaje de mezcla del estado Sucre estimado a partir de los haplogrupos del ADNmt.....	62
4.- Porcentaje de mezcla de la Península de Araya estimado a partir de los haplogrupos del ADNmt.....	63

INTRODUCCIÓN

La ansiedad de conocimiento del hombre, ha sido una característica que lo ha acompañado desde su origen. Ese deseo por saber y conocer sobre todo lo que lo rodea lo ha impulsado a realizar grandes obras y descubrimientos; pero su curiosidad no se limita únicamente al estudio y exploración de su entorno, sino también a su propio estudio. Es por ello que desde siempre ha realizado interesantes investigaciones sobre numerosos aspectos concernientes a su naturaleza como especie biológica y a su vez como ser social.

Son muchas las disciplinas que se encargan del estudio de diversos aspectos del hombre, pero de ellas sólo la Antropología es la ciencia que ofrece un estudio *integral* del mismo, brindando así una extensa gama de conocimientos sobre el ser humano, la vida en sociedad, su evolución, entre otros. Para ello, la Antropología cuenta con diversas ramas y numerosas herramientas, muchas de ellas disponibles desde otras disciplinas (Arechabaleta y Mancera, 1973; Buettner-Janusch, 1979).

Etimológicamente la palabra Antropología proviene de la raíz griega *anthropos* cuyo significado es hombre, y de la terminación *logos* que significa ciencia, es decir, **ciencia que trata del hombre** (SALVAT, 1973). Por tanto, el objeto de estudio de la Antropología es el hombre como ser bio-psico-social, es decir, abarcando aspectos de la cultura, su relación con el ambiente y la sociedad y lo concerniente a su biología. Precisamente, para el estudio de éste último punto, la

Antropología cuenta con una de sus ramas, la ***Antropología Física***, la cual se encarga del estudio sobre el origen del hombre, su evolución orgánica y sus determinantes culturales, tomando en cuenta aspectos anatómicos, moleculares y, en general, de la variabilidad biológica presente entre los seres humanos, como individuos y parte de una población y como especie; así como también del proceso evolutivo al cual ha hecho frente la especie humana. (Díaz Ungría, 1993; Arechabaleta y Mancera, 1973; Buettner-Janusch, 1979).

Para abarcar los aspectos moleculares que son de interés para la Antropología Física, la misma se vale de la ***Genética de las Poblaciones Humanas*** que es una rama de la Genética que se encarga del estudio de la estructura genética, es decir, el estudio de la evolución y distribución de la variabilidad genética existente dentro y entre poblaciones.

La *estructura genética* está determinada por la frecuencia de alelos y genotipos que se hallan en una población definida geográfica y/o culturalmente. A partir de los estudios realizados en este campo se obtiene información única sobre la evolución humana, diversidad genética y caracterización étnica (Castro, 1991).

En tal sentido, el estudio de la estructura genética de una población, se efectúa mediante el cálculo y distribución de las frecuencias alélicas de los polimorfismos (clásicos o moleculares). Éstos se definen como la presencia simultánea, en una misma población, de dos o más alelos distintos para un mismo gen, cuya frecuencia

no es inferior al 1%. Ésta es considerada relativamente alta como para ser atribuida puramente a la existencia de mutaciones recurrentes (Klug y Cummings, 1999; Cavalli-Sforza, 1996; Cavalli-Sforza y Bodmer, 1981; Buettner-Janusch, 1979).

La diferenciación y similitud genética existente entre las poblaciones, se establece a partir del análisis de frecuencias alélicas específicas. En tal sentido, a través del estudio de las mismas, se pueden llegar a establecer líneas evolutivas particulares y relaciones ancestrales entre diversos grupos (Cavalli-Sforza y Bodmer, 1981).

La obtención de información sobre la estructura genética y el grado de mestizaje de una población, se puede realizar a través del análisis de los polimorfismos de herencia biparental como los *clásicos* y del *ADN nuclear*, o de polimorfismos de herencia uniparental como el *Cromosoma Y (ADN nuclear pero no autosómico)* y el *ADN mitocondrial*.

Los estudios sobre los polimorfismos del ADN mitocondrial (en adelante ADNmt), debido a su específico modo de herencia, por vía materna, proporcionan información particular sobre el grado de mestizaje de una población refiriéndose únicamente a linajes femeninos; informan sobre la presencia o rastro genético dejado por las poblaciones antiguas en poblaciones actuales, permiten realizar estudios evolutivos, y además, establecer la reconstrucción de posibles rutas migratorias de mujeres. A través de él, se llevan a cabo estudios de linajes hasta remontar a una

antecesora común y permite vincular genéticamente poblaciones entre sí, así como también, permite realizar cálculos acerca de la antigüedad de una población determinada (Lorente, 2004; Cavalli-Sforza, 2000; Cann y col. 1987).

Por no ocurrir ningún tipo de recombinación en el ADNmt, se dice que son heredados como haplotipos, es decir, son transmitidos a la descendencia en bloque sin ninguna modificación (exceptuando las ocurridas por mutaciones que suelen ser esporádicas). Se entiende como haplotipo a las agrupaciones de alelos que tienen posiciones específicas en la molécula del ADN y se encuentran ligados entre sí, y que por ello se transmiten como una unidad (Klug y Cummings, 1998).

Los haplogrupos son familias de haplotipos. Los polimorfismos determinantes de los haplogrupos son específicos continentales. Así se tiene hasta el momento, que el haplogrupo para los africanos es el L; para los europeos son H, J, K, T, U, V, W y X; para los asiáticos el superhaplogrupo M; y por último para los amerindios A, B, C, y D (Wallace y col. 1999; www.freehomepage.com).

Se tiene claro conocimiento que como resultado de los diversos y característicos procesos históricos acaecidos en Venezuela, la población actual presenta en su registro genético el producto de la unión de grupos étnicos de origen amerindio, africano y europeo (Castro, 1991).

Resulta interesante establecer cuál es el grado de mestizaje presente en Venezuela a partir del estudio de diversas poblaciones de la misma. Parte de este trabajo se ha venido llevando a cabo en el Instituto Venezolano de Investigaciones Científicas (IVIC), más específicamente en el Laboratorio de Genética Humana, donde se han estudiado diversas poblaciones pequeñas (Vidal, 2003; Acosta Loyo, 2002; Figuera, 2002; Arroyo, 2001; Zambrano, 1999; Arvelo, 1994; Castro, 1991) y más recientemente a las poblaciones de los Estados Nueva Esparta (González, 2006), y Monagas (Quero, 2006).

Hasta la fecha los trabajos de este tipo realizados en el estado Sucre se han llevado a cabo a partir del análisis de polimorfismos clásicos y ADN nuclear. Estudios realizados por el Dr. Larralde y col. (2001) a partir del análisis de grupos sanguíneos (ABO y Rh) sobre la Región Oriental (Anzoátegui, Bolívar, Monagas, Sucre y Nueva Esparta), reportaron la mayor frecuencia para el componente europeo con 42,3%, un 33% para el amerindio y el menor porcentaje corresponde al aporte de origen africano con 24.7% (Rodríguez-Larralde y col. 2001). Otro realizado a partir de grupos sanguíneos (ABO y Rh) y tres marcadores de tipo STR en la Región Nororiental (Sucre y Nueva Esparta), reportó también que la fracción es la más importante con un 56,4 %, seguido se encuentra la amerindia con 24% y el restante 19,6% corresponde a la fracción africana (Vívenes y col., 2004). Por último, se tienen resultados específicamente para Sucre, de un estudio en el que se analizaron los grupos sanguíneos ABO y el factor Rh, en el cual se obtuvo un aporte 85% europeo, un 9% africano y un 6% amerindio (Vívenes y col., 2008).

A diferencia de los estudios genéticos sobre los grupos sanguíneos y ADN nuclear; los polimorfismos del ADNmt permiten estudiar, exclusivamente por línea materna, el rastro genético de poblaciones del pasado con un origen étnico particular en las poblaciones actuales. Esto se debe a que tanto en los grupos sanguíneos como en el ADN nuclear la descendencia hereda dos alelos, de los cuales uno proveniente del padre y otro de la madre; mientras que el ADNmt es heredado únicamente a través de la madre, por tanto toda la descendencia, sea hombre o mujer, tendrá únicamente ADNmt de la madre.

En el presente trabajo se determinó la presencia de diferentes haplogrupos en la población del Estado Sucre mediante el análisis de marcadores moleculares del ADNmt; esto con la finalidad de estudiar el porcentaje de mezcla a través de las mujeres, ya que la misma, no ha sido la excepción al gran proceso de mestizaje ocurrido en Venezuela que comenzó con el proceso de Conquista y Colonización.

Además, en el presente trabajo se realizó también la comparación de los resultados de la caracterización génica de la población de Sucre con los datos históricos conocidos del mismo, para complementar la información sobre el proceso de mestizaje ocurrido en este Estado por vía femenina.

Por último, se realizó una comparación de la población del Estado Sucre con otras poblaciones de América y el Caribe, para establecer semejanzas y diferencias entre sus conformaciones genéticas.

Planteamiento del problema

Es bien conocido que la población de Venezuela se caracteriza por presentar una gran variabilidad genética y cultural como resultado de las numerosas migraciones que ha recibido. A su vez, cada región del país posee su propia estructura genética, que refleja su historia particular. Una de esas regiones es la Oriental, a la cual pertenece el Estado Sucre, siendo éste último el objeto de estudio en esta investigación.

Hasta el momento los estudios genéticos llevados a cabo en el estado Sucre, se han basado exclusivamente en el análisis de polimorfismos que se caracterizan por presentar una herencia de tipo biparental, como lo son los polimorfismos clásicos y del ADN nuclear. Este tipo de polimorfismos proporcionan información sobre el mestizaje general ocurrido en la población, sin diferenciación de sexo de los individuos que originaron tal mestizaje, no aportan información sobre el patrón de unión preferencial ocurrido entre hombres y mujeres.

Es por ello, que se caracterizó genéticamente una muestra de la población del Estado Sucre, a partir del estudio de marcadores moleculares del ADNmt; para conocer su estructura o composición genética y con ello determinar la presencia y contribución génica por vía materna de otras poblaciones (europea, africana) unidas a la población autóctona (amerindia), dando así cuenta del proceso de mestizaje ocurrido en esta población.

Objetivos

Objetivos Generales

- ✚ Describir las características genéticas de la población del Estado Sucre a partir del estudio de marcadores moleculares del ADNmt, con la finalidad de determinar el aporte genético de las diversas migraciones por vía femenina.
- ✚ Complementar la información sobre la historia, origen y conformación de las poblaciones de Sucre y Araya, considerando las perspectivas históricas y genéticas conjuntamente.

Objetivos específicos

- ✚ Determinar la frecuencia de los marcadores moleculares, específicos Amerindios: +663 *HaeII*, -9 pb delección, -13259 *HincII*, -5176 *AluI*; Europeo: -7025 *AluI*; Africano: +3592 *HpaI* y el común para los tres grupos +10394 *DdeI*, en la población de Sucre y Araya.
- ✚ Determinar el mestizaje mitocondrial presente en las muestras estudiadas

- ✦ Cotejar los resultados de la investigación con la información histórica migracional del Estado Sucre y la Península de Araya.

- ✦ Comparar los resultados obtenidos en Sucre y Araya con los de otras poblaciones de Venezuela y América, y establecer las diferencias y semejanzas existentes entre ellas.

Justificación

En la presente investigación, el principal interés fue el estudio de la conformación genética de Sucre, partiendo del análisis de los polimorfismos genéticos encontrados en el ADNmt.

Es diversa la información que se obtiene a partir del análisis del ADNmt, entre ella se pueden mencionar estudios de: identificación en el área forense, paternidad, evolutivos, migracionales, sobre enfermedades, entre otros. Una de las características particulares del ADNmt es que permite trazar linajes genéticos femeninos ancestrales, es decir, se puede reconocer en una población actual la presencia de grupos de variados orígenes étnicos/ geográficos, que por diversos motivos, hayan dejado en ella su huella o rastro genético (Lorente, 2004; Cavalli-Sforza, 2000); esto se debe, principalmente, a que el ADNmt se transmite de forma matrilineal, es decir, de la madre a los hijos en general (hombre o mujer). Entonces, todos los seres humanos

tienen ADNmt proveniente de su madre, pero únicamente las mujeres lo transmiten de nuevo a la descendencia.

Es bien conocido que la población de Venezuela presenta en su registro genético el producto de la unión de grandes grupos con orígenes étnicos diferentes; estos son en primer lugar, los aborígenes de América conocidos como amerindios, y en segundo lugar, la llegada por un lado de los europeos y por otro, de los esclavos de origen africano (Castro,1991).

La población de Venezuela, y entre ella la de Sucre, manifiesta una gran variabilidad genética y cultural producto de estas diversas migraciones procedentes de otras latitudes, que hicieron que atravesara por un proceso de mestizaje que modificó su estructura genética original.

Se tiene información de esta diversidad sobre la región Oriental en general y Sucre a través de estudios basados en el análisis de polimorfismos clásicos y ADN nuclear (Vívenes y col.2004; Rodríguez-Larralde y col. 2001), sin embargo, éste es el primer trabajo realizado en la población de Sucre que logra caracterizarlo mediante el estudio de marcadores moleculares del ADNmt, logrando conocer el aporte genético femenino suministrado por grupos humanos con diversos orígenes genéticos a la población nativa, a través de un proceso conocido como mestizaje, ofreciendo además una explicación científica desde la perspectiva genética, sobre su origen y evolución,

que a su vez vincula o explica dicha conformación genética con los datos históricos existentes sobre la misma, considerando ambas perspectivas al mismo tiempo.

Es preciso destacar que este trabajo se encuentra incluido en un proyecto de investigación llevado a cabo por el Laboratorio de Genética Humana del Instituto Venezolano de Investigaciones Científicas (IVIC), que está a cargo del Dr. Álvaro Rodríguez-Larralde y la Dra. Dinorah Castro de Guerra. A través de este proyecto se busca caracterizar genéticamente a la población actual de Venezuela para conocer su particular estructura genética y con ello su variabilidad.

CAPÍTULO II

MARCO TEÓRICO

2.1.- La Genética de Poblaciones

Los estudios en genética de poblaciones se encargan, principalmente, de investigar la distribución de los alelos de diferentes poblaciones, lo que se conoce como su **composición genética**. Estos estudios ofrecen información muy valiosa en cuanto a la evolución humana, caracterización étnica y diversidad genética entre las poblaciones (Castro, 1991). Además, permiten realizar inferencias históricas a partir del estudio de poblaciones actuales y en ocasiones, corroborar ciertas hipótesis arqueológicas sobre corrientes migratorias, como por ejemplo las propuestas sobre el poblamiento de América (Schurr, 2000; 2002; Bonatto y Salzano, 1997a).

La **Estructura Genética de las Poblaciones**, es el producto de la acumulación de diversos cambios en la constitución genética a causa del efecto de las *fuerzas evolutivas*. Para su conocimiento se parte del estudio de las *frecuencias alélicas y genotípicas*, a las que se les suma la influencia ejercida por las fuerzas evolutivas y la *estructura de la población*.

Al hablar de la **Estructura de la Población** se hace mención a los aspectos geográficos, culturales y/o socio-económicos que son característicos de los seres

humanos y que influyen sobre las uniones reproductivas y con ello sobre la fluctuación de genes (Kelso, 1978; Cavalli-Sforza y Bodmer, 1981).

2.1.1.- Fuerzas evolutivas. Factores que alteran las frecuencias alélicas en las poblaciones.

Por lo general, las poblaciones naturales son dinámicas, por ello, como parte de sus ciclos biológicos suelen cambiar en tamaño y estructura. Estas modificaciones sobrevienen por la influencia de ciertas fuerzas como la mutación, el flujo genético, selección natural y deriva génica; que contribuyen en parte con el cambio evolutivo en dichas poblaciones. A continuación se expone brevemente en qué consiste cada una de ellas y de qué manera influyen en el cambio de las frecuencias alélicas:

2.1.1.1.- Mutación.

Las mutaciones, además de la recombinación meiótica, son las responsables de la mayoría de la variabilidad genética existente en las poblaciones. Éstas consisten en cambios al azar, es decir, que ocurren en cualquier parte de la secuencia del ADN (nuclear o mitocondrial) como resultado de la sustitución, inserción (adición) o delección (pérdida) de una o más bases (fig. 1) sin considerar algún posible beneficio o desventaja para el organismo. Por lo expuesto, sería justo decir que la mutación viene a ser la fuente de origen de nuevos alelos (Luque y Herráez, 2002; Lodish, 2000; Klug y Cummings 1999).

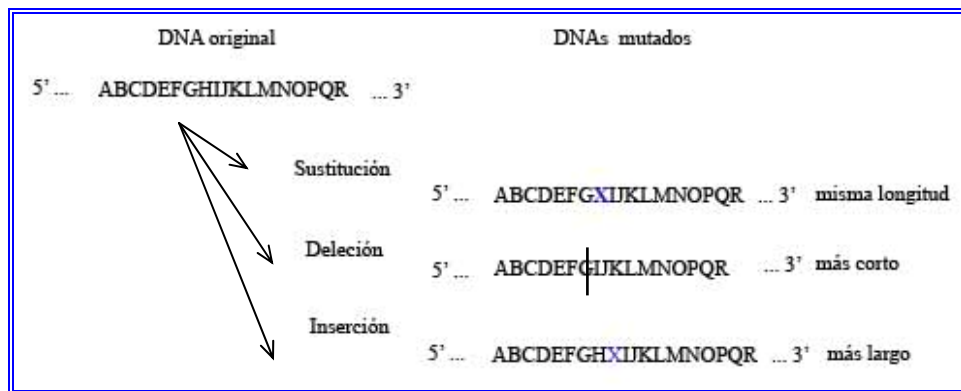


Figura 1.- Mutaciones. Cambios en la secuencia del ADN

Fuente: Luque y Herráez, 2002.

Las mutaciones pueden ser provocadas por errores al momento de la replicación del ADN, por alteración espontánea de nucleótidos o por la influencia de agentes físicos o químicos externos conocidos como mutágenos (Luque y Herráez, 2002).

2.1.1.2.- Migración

La migración, hace referencia al desplazamiento de individuos entre poblaciones. A través de ella, cuando los individuos que migran se cruzan con los de la población a la que llegan, ocurre una fluctuación de genes en la población, lo que origina un cambio en las frecuencias alélicas. Estos cambios pueden ocurrir por la llegada de nuevos individuos (inmigración), o bien, por la salida de los mismos (emigración) (Klug y Cummings 1999). El genetista Cavalli-Sforza (2000), explica la diferencia entre las pequeñas y grandes migraciones y la influencia de cada una de ellas sobre la diversidad genética en las poblaciones.

Al hablar de **pequeñas migraciones**, hace referencia a migraciones de carácter individual o familiar, es decir, al movimiento de un grupo familiar completo o al desplazamiento ocasionado por uniones matrimoniales, donde uno de los cónyuges se traslada al territorio del otro. Por otro lado, explica que las **grandes migraciones** son movimientos repetidos de grupos de individuos, grandes o pequeños, que se establecen en otros lugares, en ocasiones muy alejados de su lugar de partida. Este tipo de migración ocurre con poca frecuencia, sin embargo, han influido de manera importante en la historia de la especie. Clasifican en este tipo de migración, los desplazamientos provocados por guerras, hambrunas, persecuciones y las llamadas *colonizaciones* (Cavalli-Sforza, 2000).

2.1.1.3.- Selección Natural

La selección natural se conoce en la actualidad, como la tasa de reproducción diferencial de distintos [genotipos](#) en una población (Eguiarte y col., 2007). Es poco probable que una nueva mutación sea ventajosa; por ello, a través del proceso de selección se eliminan las mutaciones nocivas en una población, mediante la disminución de la posibilidad de vida o de reproducción de sus portadores, convirtiéndola así en un proceso regulador de variantes nuevas en las poblaciones. La Selección Natural favorece todas aquellas mutaciones que proporcionan al organismo ventajas en términos de reproducción y supervivencia (Eguiarte y col., 2007; Lodish, 2000; Klug y Cummings 1999; Darwin, 2001).

2.1.1.4.- Deriva Génica

Se refiere a los cambios ocurridos en poblaciones aisladas o pequeñas producto de posibles fluctuaciones aleatorias de las frecuencias alélicas, que promueven la fijación de un alelo y la pérdida de otro en una población. El grado de la fluctuación es indirectamente proporcional al tamaño poblacional, aumentando éste con la disminución del tamaño de la población (Klug y Cummings 1999).

Las causas que originan la deriva génica en las poblaciones son diversas, entre ellas están por ejemplo: desastres naturales o epidemias que dejen un escaso número de supervivientes para originar la nueva población (cuello de botella); migraciones de grupos reducidos de individuos que se establecen en otro territorio dando origen a una población nueva (efecto fundador); (Klug y Cummings 1999).

2.2.- Las mitocondrias y el ADN mitocondrial

En el citoplasma de las células de los organismos superiores, se encuentran unas pequeñas estructuras, encargadas de procesar todos los nutrientes de la célula para obtener moléculas de ATP (adenosina trifosfato) que proporcionan la energía indispensable para que las mismas realicen todas sus funciones. Estas diminutas estructuras u orgánulos son conocidas como *mitocondrias* y se encuentran presentes en la mayoría de las células eucariota (Klug y Cummings, 1999). Además de la síntesis de ATP, también se encuentran relacionadas con procesos de muerte celular

(apoptosis); (Arvelo, 2002), de envejecimiento (Pardo, 2003) y con diversas patologías.

En general, poseen forma ovalada (fig. 2) y están formadas por dos *membranas citoplasmáticas* (interna y externa), que delimitan dos compartimientos submitocondriales: el *espacio intermembranoso* (entre las dos membranas), y la *matriz* o compartimiento central, la cual posee numerosas crestas que aumentan mucho su superficie e incrementan su capacidad para generar ATP (Lodish, 2000; González-Halphen y col., 2003).

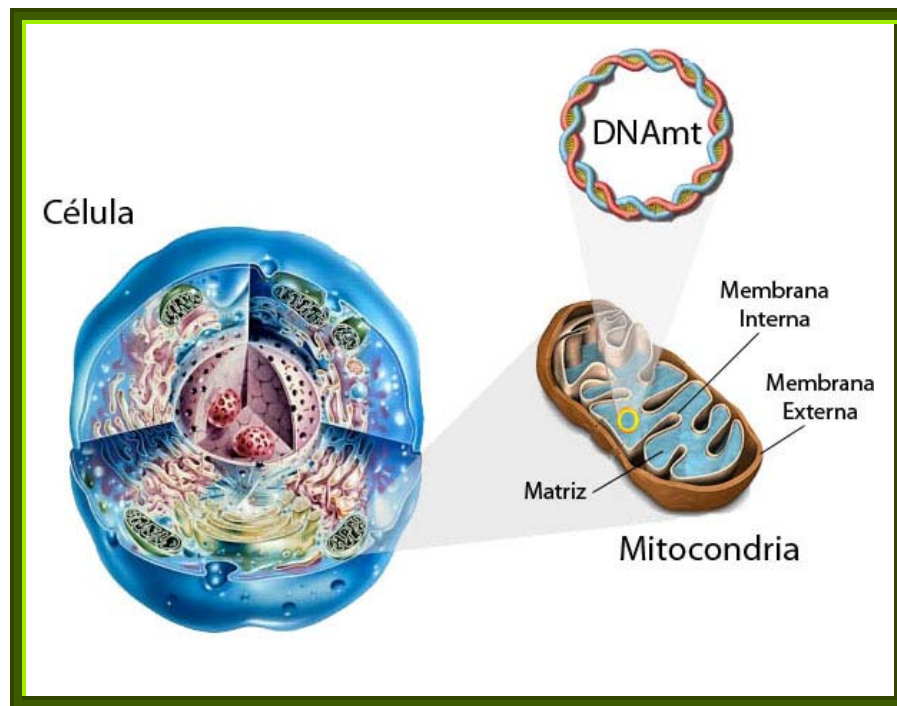


Figura 2.- Esquema representativo de la mitocondria en la célula

Fuente: Tomada y modificada de www.sciencephoto.com

Una de las características que sorprende de estos pequeños orgánulos, es que dentro de ellas, en la llamada matriz, se encuentra un tipo de ADN conocido como **ADN mitocondrial** (en adelante ADNmt) diferente del encontrado en el núcleo de todas las células (fig. 2), siendo éstas las únicas estructuras celulares que poseen su propio material genético (además de los cloroplastos en las células vegetales) (Griffiths, 1998; Klug y Cummings, 1999; Arsuaga, 1998). Este hecho, es explicado por la científica Lynn Margulis en el año 1970, con la conocida *hipótesis endosimbiótica*, en la cual expone que el origen de las mitocondrias modernas es a partir de la endosimbiosis de bacterias aerobias con eucariontes anaerobios antiguos (Lario y col., 2005; González-Halphen y col., 2003).

El ADNmt difiere en algunos aspectos del ADN nuclear, principalmente en lo que respecta a su forma. En las mitocondrias el ADN se asemeja más al encontrado en las bacterias y los virus, debido a que su forma es de doble hélice circular (Klug y Cummings, 1999). Posee dos cadenas complementarias antiparalelas, de las cuales, a una se le conoce como pesada y se le denota “*H*” (por *heavy* en inglés), y a la otra como liviana y se identifica con la letra “*L*” (por *light* en inglés); (Griffiths, 1998; Lorente, 2004)

El ADNmt contiene 16.569 pares de base (pb), cuya secuencia en humanos ya es conocida (Klug y Cummings, 1999; Anderson y col., 1981). Codifica 13 proteínas para la fosforilación oxidativa, 22 RNA de transferencia para el transporte de aminoácidos y 2 RNA ribosómicos para la traducción.

El ADNmt consta de dos regiones; por un lado, se encuentra la región que no codifica para ninguna proteína, pequeña en comparación con el resto (posee en los humanos 1.112 pb, esto representa menos del 7% del total del ADNmt) y se le conoce como “asa de desdoblamiento” o “*d-loop*”; por otro lado, se encuentra la región o zona codificante (Luque y Herráez, 2002; Lorente, 2004).

Posee diversas utilidades en los estudios científicos, entre ellas, en antropología forense (identificación), evolución (Eva Africana), sobre enfermedades y de genética de poblaciones (estructura genética de las poblaciones); dichos estudios son posibles debido a la particular forma de herencia de este ADN.

El ADNmt se hereda de manera uniparental por vía materna, esto es, siempre de las madres a su descendencia. Gracias a este tipo de herencia, al no recombinarse con el del padre, permanece intacto de generación en generación (los únicos cambios ocurridos en él se deben a mutaciones).

La explicación a esto es sencilla; este ADN se halla en las mitocondria, y éstas, a su vez, en el citoplasma de todas las células (entre ellas el óvulo y el espermatozoide). El citoplasma en el espermatozoide conforma la llamada cola o flagelo del mismo; la función principal de este flagelo es otorgarle la movilidad necesaria al espermatozoide para llegar hasta el óvulo y así, realizar la fecundación. De manera que es en esta parte del espermatozoide donde se encuentra la gran mayoría de las mitocondrias, las cuales proporcionan toda la energía necesaria para la

movilización del mismo. Una vez que el espermatozoide alcanza y penetra en el óvulo, éste se libera del flagelo y con él pierde su citoplasma, por ende, también pierde sus mitocondrias y con ellas su ADNmt. De allí, que todas las mitocondrias del nuevo ser provengan únicamente de las madres. De esta forma se origina un árbol familiar que no se ve afectado por la recombinación de genes que tiene lugar entre el padre y la madre, y que permite rastrear de forma retrospectiva en las poblaciones actuales la presencia genética de poblaciones parentales u originarias.

Otra de las características que muestra el ADNmt es que la variabilidad presente en él, como ya se dijo, se debe únicamente a las mutaciones, ya que no sufre el proceso de recombinación. Y en él, las mutaciones son aproximadamente diez veces mayores a las ocurridas en el ADN del núcleo. Esto le otorga una gran variabilidad, útil en los estudios mencionados anteriormente (evolutivos, forenses, etc.)

2.3.- Polimorfismos del ADN y su utilidad en la genética de poblaciones humanas

Para conocer la distribución de las frecuencias alélicas en las poblaciones, se recurre al estudio de los llamados *polimorfismos*, tanto clásicos (grupos sanguíneos y proteínas), como moleculares (ADN nuclear, ADN mitocondrial y cromosoma Y). Algunos polimorfismos son también conocidos como marcadores genéticos y son

sumamente útiles para los estudios que pretenden determinar el origen de las poblaciones, los movimientos migratorios, el grado de mestizaje, etc.

Se entiende por polimorfismo a la coexistencia de dos o más formas distintas de un gen, llamados alelos, en una misma población, donde ninguno de los dos presenta una frecuencia menor al 1% (Luque y Herráez, 2002; Cavalli-Sforza, 2000; Cavalli-Sforza y Bodmer, 1981)

Los polimorfismos son producto de las mutaciones. Estas mutaciones pueden traer consecuencias en el fenotipo si modifican el patrón para la síntesis de proteínas, este tipo de mutación ocurre en las regiones codificantes del ADN. Sin embargo, existen mutaciones que no alteran la secuencia proteica, éstas son conocidas como mutaciones silenciosas (cambio de una base por otra que no altera la secuencia para la producción de proteínas, en otras palabras, la secuencia se lee igual). Otras mutaciones que no presentan efectos en el fenotipo son las que ocurren en las regiones no codificantes del ADN (mutaciones conservadoras); (Luque y Herráez, 2002).

En el ADNmt se encuentran los dos tipos de mutaciones. Luque y Herráez explican que, *“de esas mutaciones, aquellas que afectan a regiones codificantes (más del 93% de la molécula de mtDNA [ADNmt]) suelen tener consecuencias perjudiciales para la funcionalidad de las proteínas que codifican y para la vida de la célula. Las mutaciones en la región no codificante, se conservan con mayor*

facilidad al no poseer efecto fenotípico [...] dan lugar a polimorfismos genéticos” (Luque y Herráez, 2002:377).

Los polimorfismos del ADN son heredados en forma de bloque, es decir, en conjunto, formando lo que se conoce como **haplotipos**. Estos se definen como agrupaciones de alelos, cuyas posiciones específicas en la molécula del ADN, se encuentran ligados y por ello se transmiten como una unidad (Klug y Cummings, 1998).

Los polimorfismos más comunes del ADNmt se encuentran en el “asa de desdoblamiento” o “*d-loop*”, en ella las mutaciones ocurren con una frecuencia cinco veces superior al resto del genoma mitocondrial, lo que le proporciona una gran variabilidad (Luque y Herráez, 2002; Lorente, 2004). También se encuentran en el ADNmt, los polimorfismos ubicados en la región o zona codificante, pero en regiones específicas que no codifican y son precisamente algunos de éstos los que se estudiarán en esta investigación.

Como se mencionó anteriormente, el ADNmt consta de dos regiones; por un lado, se encuentra la región que no codifica para ninguna proteína y por otro, la región codificante (Luque y Herráez, 2002; Lorente, 2004). Las variaciones o polimorfismos presentes en la región control o hipervariable se estudian mediante *secuenciación* del ADN, a través de la cual se determina el orden específico de los nucleótidos (adenina, timina, citosina y guanina); y las encontradas en la región

codificante se estudian mediante el análisis de *Polimorfismos de Longitud de Fragmentos de Restricción* (RFLP por sus siglas en inglés) que consiste en el reconocimiento y corte por las enzimas de restricción de ciertas secuencias específicas de nucleótidos en el [ADN](#) (ver anexo 2 para una descripción más detallada sobre la digestión con enzimas). Las mutaciones en la secuencia de nucleótidos del ADN producen la ganancia o pérdida de sitios de corte para estas enzimas

2.4.- Haplogrupos y variaciones del ADNmt mundial

Los **haplogrupos** son definidos por los polimorfismos que puede presentar un locus determinado, se pueden definir como una familia de ADNmts que comparten una mutación que surgió en una mujer ancestral. Los polimorfismos que los determinan son específicos continentales, lo que permite realizar estudios acerca de aportes producto de migraciones, establecer posibles rutas migratorias, llevar a cabo diversos estudios evolutivos, entre otros (Martínez Cruzado, 2002; Schurr, 2000).

Con el paso del tiempo, los ADNmts de un haplogrupo van ganando mutaciones específicas. Así, ADNmts que pertenecen a un mismo haplogrupo pero que difieren el uno del otro por mutaciones adicionales en algún otro punto de la molécula pertenecen a **haplotipos** distintos. La nomenclatura empleada para designar los haplogrupos es una letra del alfabeto y para los haplotipos es un número (Martínez Cruzado, 2002; Schurr, 2000).

Los principales haplogrupos son específico continentales. De ellos, el haplogrupo L incluye los linajes de África Subsahariana; nueve, H, I, J, K, T, U, V, W y X, reúnen casi todo el ADNmt de los europeos, de nor africanos y asiático occidentales; y por último, los haplogrupos A, B, C, D, E, F, G y M abarcan la mayoría de los linajes asiáticos, de Oceanía y los Amerindios (Maca-Meyer y col., 2001).

2.4.1.- ADNmt en africanos

El haplogrupo designado con la letra “L” es definido por la presencia del sitio de restricción 3.592 que es reconocido por la enzima *HpaI*. Este polimorfismo es originado por una mutación en la cual se sustituyó una Citosina por una Timina (C→T) en la posición nucleotídica (pn) 3.594. Lo acompaña siempre la presencia del sitio de corte *DdeI* en la pn 10.394, la cual a su vez, es originada por un cambio en la pn 10.398 de una Adenina por una Guanina (A→G). Este haplogrupo se subdivide en dos sublinajes o subhaplogrupos: L1 y L2. El subhaplogrupo L1 se define por la ganancia del sitio de corte *HindI* en la pn 10.806 (G→A en pn 16.390). Éste abarca el 52 % de los haplotipos L y el 29 % de todo el ADNmt Africano. Se estima una antigüedad de 86.000 a 113.000 años para esta subdivisión. El L2 representa el 34% del ADNmt africano y se define por la combinación adicional del sitio *HinfI* en la np 16.389 (G→A) y una pérdida del sitio *AvaII* en la np 13690 (G→A) (Wallace y col., 1999; Chen y col., 1995). Por último, la ausencia del sitio de restricción 3.592 acompañado por del sitio de corte *DdeI* en la pn 10.394, define al haplogrupo “L3”

que representa aproximadamente un 30% de la población africana (Torroni y col., 1995)

2.4.2.- ADNmt en europeos

Se identifican por: la ausencia (-) del sitio *Dde I* en el nucleótido 10.394 los haplogrupos H, T, U, V, W y X; y la presencia (+) del sitio *Dde I* en el nucleótido 10.394 que permite una subdivisión en tres haplogrupos, I, J y K (Wallace y col., 1999; Torroni y col., 1996).

De estos haplogrupos el designado con la letra “H” es el más común entre los europeos, se encuentra presente en más del 40% de todas las poblaciones de Europa con las frecuencias más elevadas hacia el este de la misma. Este se define por la ausencia (-) de los sitios 10.394 *DdeI* y 7.025 *AluI* (C→T en pn 7.028)

4.4.3.- ADNmt en amerindios

Los amerindios poseen cuatro haplogrupos: A, B, C y D. El haplogrupo A se define por la aparición de una diana *Hae III* en la posición 663; el B por la delección de 9 pb en la región intergénica entre el citocromo oxidasa II y los genes para lisina de tRNA; el haplogrupo C por la pérdida del sitio de restricción en la posición 13.259 para la enzima *Hinc II*; y por último el haplogrupo D por la pérdida de una diana de

restricción para *Alu I* en la posición nucleotídica 5.176 (Wallace y col., 1999; Martínez, 2002).

Estudios realizados sugieren el paso de los cuatro haplogrupos por un cuello de botella, seguido de una expansión poblacional. Por la gran similitud presente entre ellos, se propuso la existencia de un origen único para los cuatro haplogrupos, con un comienzo en la diferenciación de la población ancestral de aproximadamente unos 30.000 a 40.000 años atrás (Bonatto y Salzano, 1997b).

CAPITULO III

MARCO HISTÓRICO

3.1.- Estado Sucre

El nombre del Estado Sucre proviene del prócer de la Independencia, el mariscal Antonio José de Sucre; en un principio fue denominado como estado de Cumaná, pero es en 1909 con la Constitución del 5 de agosto, cuando se constituye como Estado Sucre. Su capital actual es la ciudad de Cumaná, conocida antiguamente como Nueva Córdoba (Fundación Polar, 1988).

Es una dependencia de Venezuela que pertenece a la región nororiental, posee una extensión de 11.800 Km², lo que representa un 1.92 % de la extensión del territorio nacional. Se encuentra dividido en 30 municipios. Para el censo del año 2001 la población del Estado Sucre era de aproximadamente 786.483 habitantes (Instituto Nacional de Estadística, 2001).

3.1.1.- Aspectos físicos y ubicación geográfica

Después del Estado Nueva Esparta, Sucre es el estado de Venezuela que cuenta con la mayor extensión de costa en relación con el total de su superficie, su forma se suele comparar con la de un yunque. Comprende una doble península, por un lado la de Paria y en el otro extremo la de Araya, ambas unidas al macizo Oriental

(conformado por las montañas: Turimiquire, Serranía de Paria y Colinas de la Península de Araya) se encuentran separadas por el istmo fallístico que divide al golfo de Paria del de Cariaco (fig. 3). El estado Sucre limita al Norte, con el mar Caribe y el estado Nueva Esparta; al Sur, con los estados Anzoátegui y Monagas; al Este, con el Golfo de Paria y al Oeste, con el Golfo de Cariaco. Sus coordenadas geográficas son: longitud $64^{\circ}10' 38''$ y latitud $10^{\circ} 27'47''$ (Fundación Polar, 1988; Gómez, 1981)

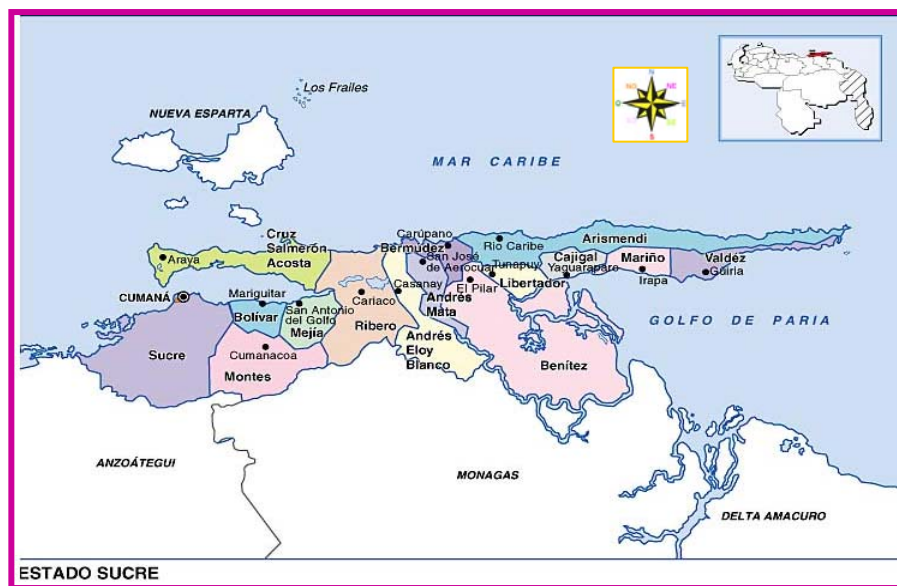


Figura 3.- Mapa de la ubicación geográfica del Estado Sucre

Fuente: www.a-venezuela.com

3.2.- Reseña histórica del Edo. Sucre

Antes de comenzar con la reseña histórica es necesario acotar que en la misma se hará referencia, principalmente, a todos aquellos acontecimientos históricos que proporcionen información oportuna sobre los movimientos poblacionales ocurridos

en el Estado Sucre, ya que estos movimientos dan cuenta de la fluctuación de genes en sus poblaciones, siendo éste el principal interés de esta investigación.

Con esta aclaratoria se pretende informar al lector que la reseña histórica que a continuación se presenta no constituye un trabajo etnohistórico; si bien existen acontecimientos históricos que son de importancia para el conocimiento general, no lo son para el desarrollo de esta investigación y por lo tanto han sido omitidos.

El Estado Sucre, así como en la mayoría de los estados de Venezuela, representa una muestra más de unión (en la mayoría de los casos a la fuerza) de diferentes culturas en una población. Esto se puede observar no sólo en el aspecto cultural, sino también en su conformación genética.

Las culturas que se unieron, tanto en Venezuela como particularmente en el Estado Sucre, pertenecen a los indígenas presentes al momento de la conquista, quienes poblaron estas tierras por mucho tiempo hasta ser perturbados por la presencia y el acoso de los recién llegados de Europa. Otras, pertenecientes a los europeos promotores de la conquista y posterior colonización; y por último, a los africanos traídos como esclavos para las labores de cultivo, explotación minera y perlífera, y otras más.

3.2.1.- Primeros pobladores

Según los estudios sobre el poblamiento de América, la teoría con mayor difusión y apoyo dice que los primeros pobladores llegaron a tierras americanas provenientes de migraciones desde Asia, penetrando al norte del territorio americano a través del estrecho de Bering (fig. 4). Todo esto, durante la última glaciación ocurrida, conocida como la de *Wisconsin*, la cual comienza aproximadamente hace 100.000 años, y alcanzó su máximo hace 50.000 años (Bryan, 1999; Acosta Saignes, 1988a).



Figura 4.- Estrecho de Bering

Fuente: www.edominguezlobato.org

A causa de la retención de las precipitaciones en forma de hielo glacial originada por la glaciación, el nivel del mar descendió considerablemente, propiciando la aparición de un puente de tierra en el actualmente conocido *Estrecho*

de Bering. El mismo, permitió el paso en un determinado momento, desde Asia hasta América, de diversos tipos de fauna y ciertos grupos humanos (op. cit).

Refiriéndonos específicamente a Suramérica, encontramos que estudios arqueológicos realizados por el Antropólogo Mario Sanoja, establecen la llegada de pobladores, bandas de recolectores-cazadores, por el noroeste de Suramérica hace 6.500 ó 7.500 años antes de la llegada de Cristóbal Colón a América, siendo uno de los sitios arqueológicos estudiados el de *Ño Carlos* en el Golfo de Paria (Sanoja, 1992). Se establecieron y siguieron, en la medida de lo posible, las rutas de los ríos y a través de las costas marinas; las cuales les garantizaban mayor seguridad y supervivencia (Sanoja; 1974; Gómez, 1981).

El principal método de subsistencia de estos pobladores iniciales era fundamentalmente, la caza y la recolección de moluscos, y muy probablemente la pesca también constituyó una fuente importante de suministro de alimento. Posteriormente, con el pasar de los años y a medida que fueron adquiriendo nuevos conocimientos y experiencia, adoptaron como método de subsistencia la agricultura y por consiguiente, pasaron de su condición de nómadas a sedentarios, estableciéndose en lugares y poblados fijos (op. cit), lo que posiblemente, trajo como consecuencia un aumento en la población.

Es muy probable que los primeros habitantes humanos de la región hoy conocida como el estado Sucre, fueran indígenas provenientes del Sur del país, quienes siguiendo la ruta del río Orinoco llegaron hasta la costa de Paria saliendo por el Delta del mismo río. Seguidamente, a través de los caños más caudalosos se adentraron en el interior del territorio llegando así hasta el Golfo de Cariaco. Otros realizaron el poblamiento de estas tierras siguiendo las rutas marinas. Acamparon y se establecieron por toda la costa, manteniéndose siempre cerca de las fuentes de agua dulce, que como ya se mencionó, fueron trascendentales para su supervivencia (Gómez, 1981).

Siguiendo esta teoría, según José Gómez (1981) sería que penetrando por el Sur (por las cuencas del Plata, del Amazonas y del Orinoco), el Oeste (por la cuenca del Magdalena) y por el mar de las Antillas, llegaron a tierras venezolanas los primeros grupos nómadas principalmente provenientes de migraciones desde Asia.

Al respecto, la **Teoría de la H** (fig. 5) intenta explicar el poblamiento Prehispánico de Suramérica y especialmente de Venezuela. Esta teoría plateada por C. Osgood en el año 1943, explica a partir del grafismo *H* los ejes migratorios que refieren el poblamiento prehispánico de Venezuela. Es resumida por Walter Dupouy, así:

“Venezuela parece haber sido una suerte de encrucijada para el paso de las influencias culturales de las culturas Centroamericanas, antillanas y Sur

americanas (...) influencias culturales centroamericanas que pasarían en sentido Sur- Este - Sur; influencias culturales amazónicas que pasarían en sentido Norte - Oeste - Norte; paso de influencias culturales antillanas en sentido Sur - Oeste - Sur: paso en sentido contrario, Norte - Este - Norte, de influencias culturales andinas. La vasta costa venezolana también resultaría de fácil tránsito en sentido Este - Oeste y viceversa...” (Acosta Sainges en prólogo a la obra de Sanoja y Vargas, 1974:11-12).

En tal sentido, las influencias de América Central y del Oeste de Suramérica (cultura Arawaka) corresponden al eje occidental, que estaría representado por el trazo izquierdo de la *H*; por otro lado, las influencias de la cuenca Amazónica y las Antillas (cultura Caribe) corresponden al eje oriental y representarían el trazo derecho de la *H*; por último, el trazo o barra central de la *H*, sería la confluencia de una serie de líneas que simulan la interacción de diversas migraciones y vías de difusión e intercambio cultural interno (fig. 5). Las diversas oleadas migratorias de ambos ejes, dieron origen a los dos principales núcleos pobladores del territorio venezolano, estos son: los Arawacos y los Caribes. (en: www.fpolar.org.ve).



Figura 5.- Teoría de la H

Fuente: www.fpolar.org.ve

Resulta de gran importancia para comprender el poblamiento de Venezuela, y especialmente del oriente venezolano, el conocimiento de la expansión de los grupos étnicos Caribes (fig. 6). Actualmente se conoce como *Caribe* a una familia etnolingüística de América, otras son la *Arawak* y la *Tupí Guarní*. Históricamente la definición de Caribe tuvo otra connotación proporcionada por los pobladores españoles, quienes los consideraban como grupos violentos que practicaban la antropofagia, razón por la cual la Corona concedió permiso para su esclavización (Acosta Saignes, 1988a).

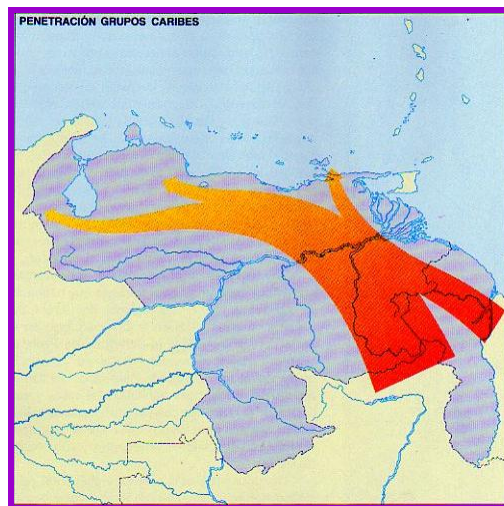


Figura 6.- Expansión de grupos Caribes

Fuente: Acosta Saignes, 1998.

Han sido varios los modelos que intentan explicar la expansión de los Caribe, entre ellos la Antropóloga Tarble (1985) menciona cuatro,

“... el más conocido es el de Lanthrap (1970). Este autor opina que el principal factor subyacente a las migraciones fue la fuerte presión demográfica en las limitadas zonas ribereñas (...) piensa que el origen de los

Caribe se ubica en las cercanías de las tierras altas de Guayana, posiblemente a lo largo de la ribera norteña del Bajo Amazonas (...) Schwerin (1972), por su parte, concibe la expansión Caribe en dos etapas. La primera tuvo su origen en la Cordillera Oriental de Colombia, alrededor de los 500 A.C. y se dirigió al Orinoco, Guayana y Amazonia (...) La segunda oleada expansiva involucró principalmente a los Caribe de Venezuela, salió del Orinoco Medio alrededor de los 1000 D.C., dirigiéndose hacia el Bajo Orinoco, la costa y luego hacia las Antillas (...) Meggers (1975-1977) (...) Difiere de los dos autores anteriores al proponer que el movimiento se dio principalmente por vía terrestre, (...) a través de las extensas sabanas (...) Durbin (1977) (...) opina que los Caribe se originaron en la Guayana (Guayana venezolana, Guyana, Surinam, Guayana francesa) [propone tres expansiones] una expansión a través del área de las Guayanas (...) Un movimiento desde la Guayana Brasileña hacia el Amazonas (...) [y] Un movimiento desde la costa Caribe de Venezuela, a través de los Llanos y el Orinoco, hasta el Sur del Lago de Maracaibo y de allí a la Sierra de Perijá y Colombia...” (Tarble, 1985:47-49)

Un nuevo modelo de expansión Caribe es propuesto precisamente por la Antropóloga Tarble (1985), propone dicha expansión en cuatro etapas:

- ✚ La primera etapa entre 2500 A.C. y 1500 A.C. corresponde a una lenta expansión de grupos no agrícolas, quienes se desplazarían dependiendo de la abundancia y estacionalidad de la cacería y la recolección. El centro de expansión estaría en la Guayana venezolana, Guyana, Surinam o Guayana francesa.

✚ Una segunda etapa, alrededor de 1500 A.C., que probablemente adoptó el cultivo de la yuca de los Arawak, lo que originó una mayor sedentarización y por consiguiente un aumento de la población. Para esta época, la reducción de la selva pudo afectar el movimiento de estos grupos de las Guayanas, originando una rápida expansión de grupos agricultores en busca de remanentes de selva propicios para sus actividades de subsistencia. Luego de la reforestación, entre el 300 A.C. y 400 D.C., los Caribes desplazaron a otras poblaciones de Guayana hacia las fronteras de la zona. Debido a su agricultura de tubérculos, los ríos debieron ser de gran atractivo para los Caribes, sin embargo, es probable que los mismos hayan estado ocupados por poblaciones Arawak, por ello, se desplazaron a través del interior de las Guayanas, con un patrón de asentamiento interfluvial.

✚ En la tercera etapa, alrededor de los 400 D.C., se desarrollaron nuevas estrategias adaptativas como la adopción del complejo maíz/ frijol/ calabaza que aumentó la capacidad de carga de los grandes ríos, lo cual pudo originar un crecimiento demográfico. El mantenimiento de este complejo demanda de la existencia de suelos fértiles con un régimen de lluvias adecuado, por ello estos grupos estarían confinados a las franjas de tierras aluvionales de los grandes ríos. La expansión de estos grupos sería de carácter lineal siguiendo la ruta el cauce de los

principales ríos; las comunidades del interior lo harían a través de las Guayanas, utilizando vías fluviales secundarias.

- ✚ Por último la cuarta etapa, de 1000 D.C. hasta 1500 D.C., se corresponde con un fuerte crecimiento demográfico en las zonas ribereñas que propició la saturación de las riveras del río Orinoco, la expansión hacia las adyacencias, introducción de técnicas agrícolas nuevas y la migración hacia zonas fuera del Orinoco (como las sabanas altas).

Todo este movimiento expansivo llega a su fin con la llegada de los colonos a tierras venezolanas, el enfrentamiento entre los europeos y los pobladores indígenas de la zona más fue más fuerte en las costas y a lo largo de los ríos principales, causando un repliegue de los últimos hacia zonas más alejadas (Tarble, 1985).

En la actualidad resulta algo complicado, para los estudiosos, determinar cuáles eran los grupos indígenas presentes en la zona que corresponde al estado Sucre y su ubicación exacta para el momento de la llegada de los conquistadores. Esto se debe principalmente, a que los documentos que se estudian en la actualidad fueron redactados por los conquistadores, colonos y misioneros, quienes desconocían en la totalidad a los pobladores y sus tierras. Este desconocimiento ocasionó una

confusión con respecto a los nombres, tanto de las etnias como de los lugares geográficos a los que pertenecían (Gómez, 1981; Vila, 1965; en: www.cumanaweb.com).

Al respecto, cabe citar a Humboldt (tr.1985), quien señala una confusión de los europeos con respecto al nombre de los Guaiquerí:

“La denominación de Guaiquerí, lo mismo que las de Perú y Peruano, debe su origen a una simple confusión. Los compañeros de Cristóbal Colón, al costear la isla de Margarita, en cuya costa septentrional reside todavía la porción más noble de la nación Guaquerí, encontraron algunos indígenas que arponeaban peces lanzando un asta sujeta a un cordel y terminada en una punta sumamente aguda. Les preguntaron, en lengua de Haití, cómo se llamaban; y los indios creyendo que la pregunta de los extranjeros tenía que ver con los harpones [sic], hechos de la madera dura y pesada de la palma Macana, respondieron Guaike, Guaike, que quiere decir palo aguzado” (T. 1:388)

No obstante, se tiene información sobre la presencia en el Estado Sucre de algunos grupos étnicos para el momento en el que llegan a estas tierras los viajeros del Viejo Mundo, estos son (Sánchez, 2002; Mosonyi, 1988; Humboldt, tr. 1985; Gómez, 1981):

✚ **Guayqueríes:** se encontraban ubicados en la costa norte y en el golfo de Cariaco (Península de Araya). Estaban emparentados con los Guayqueríes de Margarita y de las islas de Coche y Cubagua.

- ✦ **Los Kari'ña**, conocidos como Caribe, ocupan gran parte del centro de las llamadas mesas en el Estado Anzoátegui, con núcleos al norte y sur del río Orinoco, y en los estados Monagas y Sucre
- ✦ **Los Cumanagotos**: nativos de la región de Cumaná, pero que para el momento de la colonización se habían desplazado hacia el sur-oeste, ocupando parte de la región de Pozuelos y Guanta, en el estado Anzoátegui.
- ✦ **Chaimas**: ubicados hacia el Sur-Este de la región de Caripe y San Antonio de Maturín.
- ✦ También estaban presentes los *Chacopatas*, posiblemente originarios del sur, se encontraban en la zona central; *Pariagotos* que ocupaban casi toda la extensión de la península de Paria; también los *Coares* o *Tapacoare*, la región Sur-Este y los *Guaraúnos* (también conocidos como Warao), en la región de los caños cerca del Delta del Orinoco.

En cuanto a la filiación lingüística de estos grupos, tanto los Kari'ña como los Cumanagotos, Chaimas, Pariagotos, y Chacopatas son de filiación Caribe. Por su parte los Guaraúnos (Warao) se encuentran clasificados como lengua independiente aunque hay autores que los emparentan con el tronco Chibcha. Respecto a los Guaiqueríes no existe un consenso para su clasificación siendo considerados por algunos estudiosos como independientes, mientras que para

otros son de filiación Caribe (Sánchez, 2002; Mosonyi, 1988; Humboldt, tr. 1985; Gómez, 1981).

3.2.2.- Conquista y colonización de las tierras de Sucre

3.2.2.1.- La llegada de los españoles a la Península de Paria

El Estado Sucre fue el primer punto de la tierra venezolana (y del continente americano) visitada por Cristóbal Colón y su gente. Colón llega a las costas de la actual Península de Paria, en su tercer viaje, el primer día de agosto de 1498¹. Realiza un recorrido a manera de inspección, por toda la costa de lo que él cree en ese momento es una isla, que por su belleza y su intenso verdor le hacen imaginar que se encuentra frente al paraíso, por lo cual, la denomina *Isla de Gracia* (Instituto del Patrimonio Cultural, 2000; Pérez, 1998; Gómez, 1981; Ojer, 1966).

Según el autor Juan Manzano, en su obra *Colón descubrió a América en 1494*, como el mismo título señala basándose en fuentes diversas, afirma que Colón y su gente descubren las costas de Paria cuatro años antes del que puede considerarse como el descubrimiento oficial en 1498, por ser esta última fecha, cuando Colón envía la carta informando sobre el descubrimiento a la Corona española (Arellano, 1986, Gómez, 1981).

¹El Dr. Pablo Ojer (1966), en su obra *La Formación del Oriente Venezolano*, dice que el 1 de agosto, Colón junto con sus tripulantes, divisan el delta del Orinoco y es el 2 del mismo mes el día que llegan a la Península de Paria.

No se tiene conocimiento certero de que Colón haya desembarcado en esta primera ocasión en tierra firme. Sin embargo más adelante, tres marinos cuyos nombres son Andrés del Corral, Hernando Pacheco y Juan Quintero, toman posesión en la zona que colinda con lo que hoy se conoce como Macuro, en nombre de los Reyes y del mismo Colón (Gómez, 1981). El Dr. Pablo Ojer (1966), tomando como fuente para ello a Hernando Colón, señala que el 5 de agosto de 1498 tuvo lugar el primer desembarco de los recién llegados en tierra firme, en la ensenada que tiene por nombre Yacua.

Posterior a esta fecha, una serie de marinos y aventureros, llamados por la abundancia en perlas, solicitan el permiso de la Corona para dirigir una serie de expediciones en esta nueva tierra descubierta por ellos. Así comienzan lo que para la historia se conoce como las *Expediciones Parianas*, por ser Paria el principal destino de las mismas. La primera de éstas, es la llevada a cabo por Alonso de Ojeda, el 18 de mayo de 1499. Seguido a los pocos días por la de Pedro Alonso Niño, la cual regresó a España con un cargamento considerable de indígenas (para esclavizar), oro y perlas, además de la noticia de la riqueza salina de la región de *Haria*, actual Araya (Pérez, 1998; Arellano, 1986; Gómez, 1981).

Ya para el año de 1499, la totalidad de la costa del Estado Sucre era conocida por estos expedicionarios. Zona que comprendía desde la península de Paria hasta la actual ciudad de Cumaná.

En la última expedición de este tipo, organizada nuevamente por Ojeda en 1502, son tomadas por ellos varias mujeres indígenas que luego fueron regresadas y posiblemente, algunas de ellas se encontrarían embarazadas. Dejando así los españoles, no solo rastros de su cultura y costumbres, sino también de su biología entre los pobladores de estas tierras. Conformándose de esta manera y tras varias generaciones una nueva población distinta en algunos aspectos a la de sus antecesores (Pérez, 1998; Arellano, 1986; Gómez, 1981).

Comienza así el contacto entre los primeros habitantes del Estado Sucre y los recién llegados de Europa. Sobre este mestizaje ocurrido comenta José M. Gómez (1982), “El conquistador español fue audaz y cruel, pero no tuvo prejuicios raciales. Se amancebó con las indias y aun con las negras, cuando por el comercio de esclavos fueron traídas a América” (Gómez, 1981:38).

Referente al tema de la unión entre el hombre europeo con la mujer indígena, resulta interesante la opinión del Padre Joseph Gumilla (1944), quien señala que la mujer indígena casada con un hombre igualmente indígena procura no tener hijos, o cuando menos uno, suministrándose ciertas hierbas para hacerse estéril, sin embargo, no lo hace con el hombre europeo. Al respecto señala:

“...consta ser fecundas las indias, que no se casan con indios, sino de otros de orden superior, por poco aventajado que sea. Estas multiplican con la fecundidad que ya dije, por la causal contraria; esto es, porque ya sus hijos

no son indios, ya no entran en el número de los tributarios, mejoran de color, de fortuna, y son tenidos a más que los indios” (T. 2:289)

Como es lógico pensar, a Colón no solo le apasiona la belleza de las tierras encontradas por él y las diversas formas de fauna y flora desconocidas hasta entonces por los habitantes del Viejo Mundo, sino concretamente, le impresiona la presencia en estas tierras de gente que tanto física como culturalmente eran tan diferentes a ellos.

Sobre las personas encontradas por Colón en las costas de Paria escribe:

“Halle unas tierras las más hermosas del mundo, y muy pobladas; llegué allí una mañana a hora de tercia, y por ver esta verdura y esta verdura acordé surgir [fondear, echar anclas] y ver esta gente... dellos vinieron a la nao infinitísimos en canoas, y muchos traían piezas de oro al pescuezo, y algunos atadas a los brazos algunas perlas... Esta gente, como ya dije, son todos de muy linda estatura, altos de cuerpo, e de muy lindos gestos, los cabellos muy largos e llanos, y traen las cabezas atadas con unos pañuelos labrados como ya dije, hermosos, que parecen de lejos de seda y almaizares; otro traen ceñido que se cobijan con él en lugar de pañetes, así hombres como mugeres (sic). La color de esta gente es más blanca que otra que haya visto en las indias...” (en Navarrete, 1858; citado por Arellano, 1986)

A pesar de que Ojeda en sus viajes no realiza ningún intento por poblar, desde la segunda expedición realizada por el mismo, vive latente en los exploradores la idea y la intención de poblar estas maravillosas tierras. Sin embargo, los primeros intentos de colonización por parte de los europeos en Tierra Firme son relativamente tardíos. Probablemente esta tardanza se deba en primer lugar, a la lejanía de esta

tierra de la Española (actual Santo Domingo), en segundo lugar, a la dificultad que presentaba el terreno lleno de caños y tierras inundadas y, por último y más difundida, a la presencia de los llamados Caribes considerados como muy peligrosos y hostiles por los españoles (Pérez, 1998; Arellano, 1986; Ojer, 1966).

3.2.2.2.- Momento de la colonización

Luego del descubrimiento, y tras hallar tanta riqueza en estas nuevas tierras, el principal interés por parte de los descubridores fue proceder como era su costumbre, a la conquista y el poblamiento de las mismas. Es por ello que para el año 1505, el Rey le ordena al gobernador que realice la construcción de una fortaleza en la Costa de las Perlas, Paria. El gobernador Ovando le encarga la construcción a Juan Robe y Cristóbal Serrano. Éste último se opone a construir una fortaleza y propone en su lugar fundar una población en la Provincia de Cumaná (Gómez, 1981).

En 1513, se emite una Real Cédula en la cual se prohíbe el contacto por parte de los españoles con los poblados indígenas ya establecidos. También solicita el traslado de Fray Pedro de Córdoba desde Santo Domingo hasta Cumaná, con la finalidad de que se haga cargo de la situación. En tal sentido, la ciudad de Cumaná se origina como producto del proceso de evangelización y pasa a ser un asiento de la población indígena y no un poblado de españoles (op. cit).

El explorador Alejandro Humboldt, en su obra *Por Tierras de Venezuela*, dice sobre la explotación en el siglo XVI de los europeos a los habitantes de Cumaná y sus riquezas, lo siguiente, “si los españoles visitaban su litoral, no era mas que para procurarse, ya por la violencia, ya por trueque, esclavos, perlas, pepitas de oro y palo de tinte” (Humboldt, 1969:41).

Los dominicos establecen en Chirivichí (al este de la actual Cumaná) la misión de Santa Fé (Fundación Polar, 1988). Los primeros franciscanos llegan a Cumaná a finales del mes de noviembre de 1515, construyen un convento y una escuela para llevar a cabo su obra evangelizadora, convirtiéndose ésta en una de las primeras misiones de Tierra Firme (Gómez, 1981). Comienza así un largo período de evangelización y explotación, tanto humana como territorial, por parte de los europeos en el actual Sucre; y una serie de enfrentamientos violentos entre éstos y los indígenas.

Las misiones se formaban con gran rapidez. La mayoría se establecían como pueblos indígenas mestizos. Los misioneros buscaban reunir en ellas indígenas provenientes de etnias diferentes y que preferiblemente no hablaran el mismo idioma, de esta manera, se verían obligados a aprender el castellano para poder comunicarse entre si, facilitando así la enseñanza y conversión al cristianismo de los mismos (Mörner, 1999). Esto sugiere que en dichas misiones no sólo haya ocurrido una mezcla o intercambio cultural, si no que es posible también, que luego de un tiempo,

los indígenas hayan establecido uniones familiares mezclándose así también sus genes.

Muchos misioneros no estaban de acuerdo con la incursión de los españoles y otros colonos en las misiones, debido al mal trato proporcionado por los mismos a los indígenas. Sin embargo, solicitaban la presencia de poblados españoles en las cercanías de las misiones para garantizar la seguridad de ellos y la de los indígenas, que en ocasiones eran atacados por otros indígenas. Al respecto se tiene información de una carta enviada al Rey, en la década de 1670, por un fraile capuchino establecido en una misión de Cumaná. En la misiva, aconseja se funde una ciudad de inmigrantes canarios en el medio de los llanos para servir de apoyo a las misiones recién establecidas. Se tienen así pueblos europeos, principalmente españoles, establecidos en la periferia de algunas misiones (Mörner, 1999).

Para el año de 1568, específicamente el 15 de mayo, una capitulación entre Felipe II y Serpa, promueve la conquista y colonización de las tierras que van desde el Río Uriaparia hasta el morro de Unare, a las que se les dará el nombre de *Nueva Andalucía*, cuyo gobernador sería el mismo Serpa. Conformada por los actuales estados de Anzoátegui, Monagas, Sucre, Bolívar y Delta Amacuro (Gómez, 1981; Fundación Polar, 1988).

3.2.3.- La entrada de los esclavos negros

La entrada en América de los esclavos de procedencia africana la efectúan los europeos con la intención de reforzar la fuerza de trabajo, que hasta la llegada de los mismos estaba representada por aquellos indígenas que so pretexto de ser considerados como caníbales salvajes eran esclavizados (Mellafe, 1964).

Por ser Sucre uno de los primeros lugares visitados por los europeos, parece lógico pensar que el tráfico esclavista haya comenzado por el Oriente de Venezuela. La primera concesión de la que se tiene información en Venezuela, es la otorgada a Jerónimo Ortal, uno de los primeros exploradores, en el primer tercio del siglo XVI, para la introducción de cien esclavos negros en el Golfo de Paria (Acosta Saignes, 1984).

Más tarde en 1536, Juan Despés, es autorizado para introducir cien esclavos negros más con destino a la Nueva Andalucía. En 1568, es Fernando de Serpa quien recibe la autorización para el arribo de 500 esclavos (Acosta Saignes, 1984).

Cumaná, Araya, Macarapana (antes Amaracapana) y Paria, fueron centros muy importantes para la trata de esclavos negros. Por tal motivo, se podría pensar que en estos lugares, los esclavos negros representaban un sector importante de la

población. Sin embargo, si bien sí existió cierta cantidad de esclavos en estas zonas, no pueden considerarse como una fracción importante dentro de la población. El mismo Humboldt (tr. 1985) señala, al haber presenciado el triste espectáculo de la venta de esclavos lo siguiente,

“Por viva que fuera la impresión que nos hizo la primera venta de negros en Cumaná, más nos felicitamos de permanecer en una nación y en un continente donde este espectáculo es rarísimo y donde el número de esclavos es en general poco considerable. No excedía este número en 1800, de seis mil en las dos provincias de Cumaná y Barcelona, en la misma época en que se evaluaba la población entera en ciento diez mil habitantes.” (T. 1:424).

Es muy probable que la poca presencia de población negra en esta zona se deba, no sólo a la escasa la entrada de esclavos negros, sino también al traslado de éstos desde allí a otras regiones del país.

Los puertos del estado Sucre en aquel entonces eran unos de los más importantes; los productos de importación entraban a través de éstos para posteriormente, ser distribuidos a los diferentes estados del Oriente e incluso a Caracas. En tal sentido, y teniendo presente que para entonces los esclavos eran considerados objetos con valor comercial, sería muy probable pensar que muchos de ellos también fueron distribuidos desde allí a otros lugares, en lugar de establecerse en la zona. (cita)

En cuanto a la procedencia de estos esclavos traídos por los europeos a la zona del actual estado Sucre, y en general a toda América, se conoce que era principalmente africana¹, más específicamente de la zona del África Occidental (en especial de Senegal, Gambia y Angola) (Acosta Saignes, 1988b; 1984). Es muy posible que esto se deba a la cercanía geográfica de ambas zonas, ya que resultaba mucho más rápido y económico el traslado de esclavos desde allí que desde otras regiones de África como el este continental (Correa, 2005). Sin embargo en Venezuela, a pesar de tener conocimiento sobre la procedencia de los esclavos de origen africano, es difícil afirmar con seguridad el predominio de una cultura africana por sobre las otras. Esto debido a que los esclavos eran distribuidos entre los diversos hacendados procurando separar los grupos de una misma cultura, para facilitar con esto la aculturación y evitar que organizaran sublevaciones en contra de sus opresores (Pollak-Eltz, 1976).

Posteriormente, e igualmente debido a la cercanía, hubo una entrada de esclavos provenientes de las Antillas. La Antropóloga Pollak-Eltz (1991), señala que los primeros antillanos llegan a la península de Paria hacia el año de 1800, luego de que la ocupación inglesa en Trinidad promueva la salida de los españoles y franceses de la misma. No obstante, no señala una cifra exacta de la cantidad de esclavos

¹Estos esclavos llegados directamente de África y que sólo hablaban lenguas africanas eran llamados *bozales* (Pollak-Eltz, 1991; Acosta Saignes, 1984)

introducidos, ni de los hacendados franceses y españoles dueños de los esclavos que llegaron a la zona. Señala también que los esclavos eran de habla *patois* francesa y que ellos junto con los demás inmigrantes fundaron la ciudad de Güiria.

Por ser esclavos, indígenas y negros, trabajaron en los mismos lugares, impulsando este hecho la unión cultural y física entre ellos (Pollak-Elzt, 1991). Sin embargo, la Corona española cuidó con gran recelo la unión entre ambos grupos, por considerar que los negros efectuaban una influencia nociva sobre los indígenas. Es así, como en el año de 1785, por órdenes llegadas a Cumaná desde Santo Domingo, “... se prohíbe a los indios contraer matrimonio con negros y mulatos, por considerar a éstos inferiores a los primeros y dañina su presencia dentro de las comunidades indígenas, pues inducían a los naturales a litigar con los españoles.” (Troconis, 1969: XXXVI) no obstante, la corona sí permitía la unión en matrimonio de esclavos negros entre si e igualmente entre indígenas (op. cit).

Además de las entradas de esclavos autorizadas por la Corona, hubo una especie de tráfico paralelo de forma clandestina, Acosta Saignes, en su obra *Vida de los esclavos negros en Venezuela*, define estas entradas como *malas entradas y arribas maliciosas*. Aunque no se puede estimar con exactitud, debido a la falta de registro, se cree que la cantidad de esclavos traídos por vías no legales, se compara con los autorizados por la Corona (op. cit).

Es así como lo que hoy día se conoce como el estado Sucre fue poblándose de gentes de muy diversos orígenes. A distintos lugares de Sucre llegaron por un lado, vascos, gallegos, andaluces, catalanes, franceses; por otro, los de origen africano, senegaleses, angoleños, gambianos, entre otros. Quienes se unieron a los indígenas de la zona y con el pasar de los años cultivaron la conformación de la población actual abarcando todos sus aspectos. “...Cumaná vio llegar hombres solteros que, rápida y violentamente, se juntaron con las indígenas, dando inicio a un profundo proceso de mestizaje.” (Amodio, 2000:29)

3.3.- La Península de Araya

Araya es una lengua de tierra de más de 70 Km. de largo, que se encuentra ubicada al noreste del estado Sucre. Limita al Norte con el mar Caribe y las islas de Coche y Cubagua; al Sur con el golfo de Cariaco, al Este, con la laguna de Campoma y al Oeste con el mar Caribe. El clima es seco y semidesértico. Actualmente es capital del [Municipio Cruz Salmerón Acosta](#).

Fue descubierta por [Pedro Alonso Niño](#) y Cristóbal Guerra en el mes de febrero de 1500 (a dos años del recorrido de Cristóbal Colón por las costas venezolanas), quienes fueron recibidos por unos pocos Guaiqueríes que vivían de la pesca y se dedicaban a la extracción de sal y perlas (Fundación Polar, 1988).

Los pobladores de la Península de Araya, bandas de recolectores-cazadores pescadores, según estudios arqueológicos pertenecen a la Tradición Manicuaire, sobre ella, Sanoja y Vargas (1999) comentan,

“La gente de la Tradición Manicuaire llevaba una forma de vida transhumante entre el continente y las islas oceánicas: semisedentaria en la Península de Araya, en el área costera regada por el río Manzanares y en las islas de Cubagua y Margarita; transhumante en la extensión oceánica que las separa.” (Sanoja y Vargas, 1999:151)

La importancia de Araya radica principalmente en sus salinas. Las mismas fueron explotadas, por los indígenas de la zona y por los holandeses, quienes dominaron la explotación y el contrabando de sal a partir de 1593. La Península Ibérica posee sus propias salinas y por ello que no le concedió gran importancia a las encontradas en Araya (Fundación Polar, 1988; Humboldt, tr. 1985).

Según las fuentes históricas, España comienza a interesarse por las salinas luego de la sucesiva y furtiva explotación por parte de los holandeses a las mismas. Es por ello que en 1601, comienza la planificación para la construcción de un fortín en el lugar. Luego de sucesivos ataques por parte de los holandeses, en 1625, culmina la construcción de la primera y más importante fortaleza que haya tenido Venezuela, conocida con el nombre de *Real Fuerza de Santiago de Arroyo de Araya* (*ibidem*). Ésta representaría básicamente la presencia de los europeos en la zona, al respecto es preciso citar al naturalista Humboldt, quien a finales del siglo XVIII,

queda sorprendido por la escasa presencia de poblados en la zona y lo manifiesta de la siguiente forma:

“Es maravilla que una salina que antes había excitado la competencia de los ingleses, los holandeses y otras potencias marítimas, no haya provocado el establecimiento de una aldea o una granja. Apenas se ven en el cabo de la punta de Araya algunas pobres cabañas de indios pescadores.”
(Humboldt, tr. 1985, T. 1:428)

Humboldt también aclara que en el siglo XVI era poca la presencia de población fija en esta zona (pequeños poblados indígenas, y presencia de algunos esclavos, mestizos, europeos y criollos), hecho que favoreció precisamente la incursión ilegal de las mencionadas potencias marítimas (holandesas e inglesas); en general, las salinas fueron explotadas principalmente por pobladores indígenas de la zona (Humboldt, tr.1985).

3.4.- Densidad de población

No existe registro confiable sobre el número de habitantes de la zona Nor-oriental de Venezuela para la época pre-hispánica. Sólo se puede precisar, luego de la llegada del explorador alemán Alejandro Von Humboldt, en 1798, quien realiza una revisión del registro llevado por los religiosos (Gómez, 1981). Para el año de 1800, Alejandro Humboldt, reporta un total de 60.000 habitantes en dicha zona. A continuación se presenta un cuadro con la población del Edo. Sucre en los distintos

censos realizados a partir del año 1873 hasta 2001 y no oficiales de 1800 a 1839 (tabla 1):

Tabla 1
Censos Población del Estado Sucre

Año	Población	Fuente
1800	60.000	Humboldt
1804	80.000	Depons
1839	33.325	Codazzi
1873	62.181	Vila
1879	61.181	Ministerio de Fomento
1881	78.459	Vila
1891	92.030	Vila
1920	150.211	Vila
1926	216.476	Vila
1936	262.344	Vila
1941	291.452	Vila
1950	333.607	Vila
1961	401.992	Vila
1971	469.004	INE
1981	5.856.981	INE
1990	679.595	INE

(*) Instituto Nacional de Estadística (INE)

Respecto a las cifras anteriores, Marco Aurelio Vila (1965) refiere cierta duda con respecto a la información dada por Depons, ya que al compararla con la proporcionada por Humboldt, de tan sólo cuatro años antes, manifiesta un crecimiento notablemente exagerado de la población (33,3%). Por el contrario, afirma que la disminución de la población para el año 1839, es un claro reflejo de la pérdida humana producto de la Guerra de Independencia ([1810](#) - [1823](#)), así como de las migraciones impulsadas por la misma.

El Dr. Cunill-Grau (1987), informa la existencia para el siglo XIX, de 131.000 habitantes en la región Oriental, más de 60.000 son indígenas, de los cuales, un total de 24.000 se encuentra en microrregiones pertenecientes a Cumaná. Señala poca población negra, con apenas 6.000 habitantes, distribuyéndose principalmente entre las ciudades de Barcelona y Cumaná y en las plantaciones cacaoteras de Cariaco, Carúpano, Río Caribe y Güiria. Menor aún, es la representación de blancos igualmente asentados en Cumaná y Barcelona. Destaca también la presencia entre ellos de una porción importante de inmigrantes catalanes y en menor cantidad de vascos y canarios dedicados al comercio, distribuidos en las mismas zonas. Por último, menciona también la presencia de los franceses en las costas del Golfo de Paria.

Sobre la ciudad de Cumaná, el Dr. Cunill-Grau (op. Cit.), escribe lo siguiente:

“En el poblamiento regional cumanés tiene singular importancia el poblamiento indígena que supera los 24.000 habitantes repartidos en diversos grupos étnicos, destacando chaimas, guaiqueríes, pariagotos, cuacuas, aruacas, caribes y guaraúños. Los más numerosos son los chaimas que bordean los 15.000 habitantes y los guaiqueríes que se elevan a 2.000 en los arrabales de Cumaná y en la península de Araya (...) En cambio, la población negra esclava regional no es muy abundante, pues en las dos provincias de Cumaná y Barcelona alcanzaban en 1800 a sólo 6.000 habitantes (...) La importancia de la ciudad de Cumaná a comienzos del siglo XIX se expresa en su poblamiento que ha subido de 10.740 habitantes en 1792 a 19.000 habitantes en 1802” (T. 1:611)

Es preciso recordar, que durante la Guerra de Emancipación hubo un notable descenso en la población, sobre todo en la de origen europeo. En primer lugar, muchos de los europeos residentes en el estado Sucre fueron asesinados por los patriotas, y en segundo lugar, otra gran cantidad buscó refugio migrando a las Antillas. En 1815, mediante un censo se comprueba la reducción de la población de Cumaná a 5.236 habitantes, de los cuales, sólo 1.221 son hombres y el resto son mujeres (Cunill-Grau, 1987; Vila, 1965).

Según el Geógrafo Marco Aurelio Vila (1965), para 1950 radicaban en el estado Sucre un total de 1.583 extranjeros (1.227 hombres y 356 mujeres). De ellos, 385 eran procedentes de Trinidad, Tobago y Granada; 364 de España; 358 de Italia; 113 de Francia; 92 de Estados Unidos; 72 del Líbano; 55 de Gran Bretaña y para terminar, 54 de las Antillas Inglesas.

Para el Censo del 2001, Sucre cuenta con una población total de 786.483 habitantes, de los cuales el 50,17 % (394.546 hab.) son hombres y el 49,83 % (391.937 hab.) son mujeres; y un total de 3.814 habitantes (0,48 %) representan a la población indígena censada. Por último, del total de la población un 0,6%, es decir, 4.719 habitantes son nacidos en otros países (Instituto Nacional de Estadística, 2001;).

CAPITULO IV

MARCO METODOLÓGICO

4.1.- Diseño de la investigación

El presente trabajo es del tipo descriptivo-experimental. En primer lugar es descriptivo, ya que con él se buscó caracterizar un hecho con el fin de conocer su proporción y particularidades. Y experimental, debido a que se aplicaron determinadas técnicas de laboratorio para llegar a la obtención de los datos necesarios para dar respuesta al problema (Arias, 2004).

4.2.- Muestra

La muestra empleada para el análisis estuvo constituida por 10ml de sangre periférica extraída a 99 individuos (84 de Sucre y 15 de Araya) donantes del Banco de Sangre del Hospital Universitario “Antonio Patricio de Alcalá”, al personal voluntario del mismo hospital y a estudiantes de Bioanálisis de la Universidad de Oriente, núcleo Sucre; todas ellas residentes del Estado Sucre. Dichas muestras fueron recolectadas entre los años 2001 y 2003 por los bioanalistas Merlyn Vívenes y Miguel Campos. Las personas a quienes les fue tomada la muestra de sangre son personas aparentemente sanas, sin ningún tipo de parentesco. Se estableció como condición que los padres y abuelos de los mismos hayan nacido en el Estado Sucre.

Dentro de la muestra de Sucre se encontraron 15 muestras pertenecientes a la Península de Araya. Esta clasificación aparte se debe a la particular ubicación geográfica de la Península de Araya que pudo originar una conformación de la población distinta al resto del Estado; por esta razón se procedió a realizar el análisis de las mismas también por separado.

4.3.-Metodología

El ADNmt empleado en esta investigación se obtuvo a través del método de extracción salino de Lahiri y Nurnberger (1991); (anexo 1), modificado en el Laboratorio de Genética Humana (LGH) del Instituto Venezolano de Investigaciones Científicas (IVIC). Se amplificaron los fragmentos deseados de ADNmt a través de la técnica de PCR, a continuación, se procedió a verificar y analizar los fragmentos obtenidos según su tamaño y peso molecular mediante Electroforesis en Geles de Poliacrilamida (PAGE). Posteriormente, se realizó la digestión con enzimas de restricción y nuevamente, se verificó dicha digestión a través de PAGE. Para una descripción general sobre las técnicas de PCR, PAGE y digestión con enzimas de restricción ver anexo 2. A continuación se presenta una breve descripción de las técnicas de laboratorio empleadas para el análisis genético en esta investigación.

4.3.1.- Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR)

Para la amplificación de los segmentos de ADN de interés, fueron aplicados los protocolos empleados en el Laboratorio de Genética Humana del Instituto Venezolano de Investigaciones Científicas (IVIC).

La PCR se realizó con un volumen final de 15µl, distribuidos de la siguiente manera: 4,02 µl de la mezcla Taq (25mM de MgCl₂, 10mM de dATP, dCTP y dTTP), 0,1µl de *Taq* ADN polimerasa (Promega) diluida en amortiguador a pH 8.0 (20 mM Tris-HCL, 100 mM KCL, 0,1 mM de EDTA, 1 mM DTT, 50 % glycerol, 0,5 % Tween® 20 y 0,5 de Nonidet®-P40) y cantidades variables de *oligómero 1*, *oligómero 2* según el sistema a amplificar (ver tabla 2), H₂O esterilizada y ADN genómico. Todo esto se preparó en tubos especiales para PCR (que transmiten rápidamente los cambios de temperatura) a los que se les colocó, al finalizar la preparación, una gota de aceite mineral con la finalidad de evitar la evaporación del producto. Por último, dichos tubos con la mezcla de PCR completa fueron colocados en el Termociclador, el cual se programó de acuerdo a las condiciones del oligonucleótido empleado para cada amplificación. Luego, las amplificaciones fueron chequeadas a través de corridas electroforéticas en geles de poliacrilamida (PAGE).

Tabla 2
Secuencia de los oligómeros empleados para la amplificación del ADNmt

Sitios Polimórficos ^a	Denominación	Secuencias Oligómeros (5' → 3')	Temp.ura de hibridación	Tamaño Fragmento (PCR)	Referencia
+663 <i>Hae</i> III	MiL 242 MiH 770	CAATTGAATGTCTGCACAGC GCTGCGTGCTTGATGCTTGT	53°C	528 pb	Torroni y col., 1996
-5176 <i>Alu</i> I	MiL 5.150 MiH 5.281	CCTACTACTATCTCGCACCTG GTGAATTCTTCGATAATGGCC	55°C	131 pb	Anderson y col., 1981
+3592 <i>Hpa</i> I	MiL 3.108 MiH 3.717	TTCAAATTCCTCCCTGTACG GGCTACTGCTCGCAGTG	51°C	609 pb	Anderson y col., 1981
-7025 <i>Alu</i> I	MiL 6.581 MiH 7.131	AGACCCCATTCCTATACCAAC CGTAGGTTTGGTCTAGG	49°C	550 pb	Baillet y col., 1994
+10394 <i>Dde</i> I	MiL 9.911 MiH 10.569	CGAAGCCGCCCGCTGATACT CTAGGCATGTAGGGAGGA	55°C	659 pb	Baillet y col., 1994
-13259 <i>Hinc</i> II	MiL 13.209 MiH 13.437	CGCCCTTACACAAAATGACATCAA AGCTATGGTTTTGAGTAGTCCTCC	65°C	228 pb	Baillet y col., 1994
-9pb Deleción	MiL 8.150 MiH 9.244	CCGGGGGTATACTACGG GGTTTTACTATATGATAGGC	51°C	1094 pb	Baillet y col., 1994

^aEl signo (+) indica la presencia del sitio de restricción, y el signo (-) indica la ausencia del mismo.

4.3.2.- Digestión con enzimas de restricción

Una vez amplificado el ADN de interés, el mismo fue digerido utilizando *enzimas de restricción*. Se preparó una mezcla en tubos especiales con un volumen final de 15 µl para cada muestra. La mezcla constó de: una enzima específica que reconoce la presencia o ausencia de cada sitio de restricción (tabla 3), el amortiguador recomendado para cada enzima por el laboratorio fabricante, ADN amplificado (la cantidad se estimó de acuerdo a la intensidad de las bandas producto del PCR), H₂O bidestilada necesaria para completar el volumen final en cada caso y por último, una gota de aceite mineral para evitar la evaporación de la mezcla.

Tabla 3
***Endonucleasas de restricción empleadas en la investigación
y su nomenclatura***

Microorganismo de origen	Enzima	Sitio de Corte
<i>Athrobacter luteus</i>	<i>AluI</i>	5'...AG~CT...3' 3'...TC~GA...5'
<i>Desulfovibrio desulfuricans</i>	<i>DdeI</i>	5'...C~TNAG...3' 3'...GANT~C...5'
<i>Haemophilus aegypticus</i>	<i>HaeIII</i>	5'...GG~CC...3' 3'...CC~GG...5'
<i>Haemophilus influenzae Rc</i>	<i>HincII</i>	5'...GTY~RAC...3' 3'...CAR~YTG...5'
<i>Haemophilus parainfluenzae</i>	<i>HpaI</i>	5'...GTT~AAC...3' 3'...CAA~TTG...5'

Luego de preparadas, las muestras fue necesaria su incubación. Para ello, fueron colocadas en un baño seco a una temperatura de 37°C por un tiempo aproximado de 16 horas. Terminado el tiempo de incubación se verificó la digestión enzimática por medio de electroforesis (PAGE) en geles de poliacrilamida al 8 %.

Los haplogrupos fueron identificados a través de conjuntos específicos de polimorfismos asociados presentes en el ADNmt, siendo cada uno de ellos específico continental (tabla 4).

Tabla 4
Marcadores moleculares, haplogrupos respectivos y origen geográfico

Haplogrupo	Marcadores del ADNmt							Origen Geográfico
	<i>DdeI</i> +10394	<i>HpaI</i> +3592	<i>Alu I</i> - 5176	<i>HincII</i> - 13259	<i>AluI</i> - 7025	<i>HaeIII</i> +663	-9pb Delección	
L	+	+	+	+	+	-	-	Africano
H	-	-	+	+	-	-	-	Europeo
I, J, K	+	-	+	+	+	-	-	Europeo
T, U, V, W, X	-	-	+	+	+	-	-	Europeo
A	-	-	+	+	+	+	-	Amerindio
B	-	-	+	+	+	-	+	Amerindio
C	+	-	+	-	+	-	-	Amerindio
D	+	-	-	+	+	-	-	Amerindio

^aEl signo (+) indica la presencia del sitio de restricción, y el signo (-) indica la ausencia del mismo.

Según la enzima empleada en cada digestión, se obtuvo un patrón diferente de corte, que se pudo observar luego del proceso de revelado del gel, este patrón permitió determinar la presencia o ausencia del sitio de corte para cada muestra. Para ello se colocó en el gel junto a las muestras un testigo que presentara el corte y uno que no. A continuación, de la figura 7 a la figura 13, se presentan las fotos que muestran cada uno de los patrones de corte de los productos de las digestiones enzimáticas realizadas y la amplificación para la delección de 9 pb que se detecta por el tamaño del fragmento.

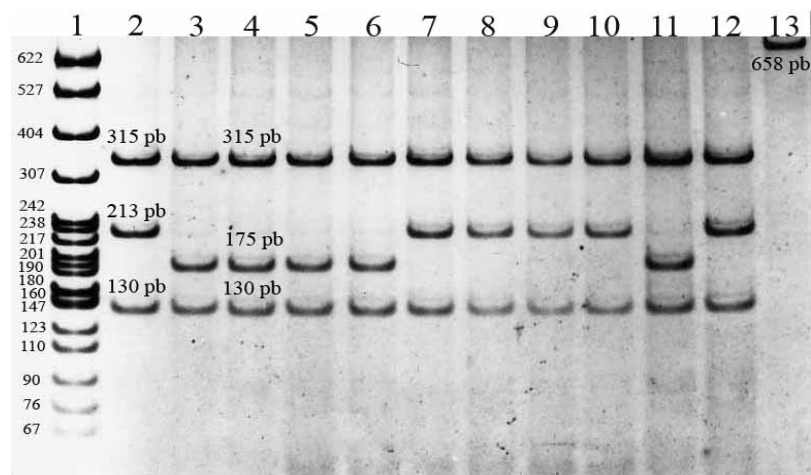


Figura 7. Patrón de amplificación y digestión de 10394 DdeI

Carril 1: el patrón pBR322 digerido con *MspI*; carriles: 2, 7, 8, 9, 10 y 12 muestran el patrón de bandas correspondientes a la ausencia del sitio (–10.394 *DdeI*); mientras que en los carriles: 3, 4, 5, 6 y 11 se puede observar el patrón de bandas que muestran la presencia del sitio (+10.394 *DdeI*); y en el carril 13 se encuentra la verificación de amplificación para el sistema +10.394 *DdeI* sin digerir.

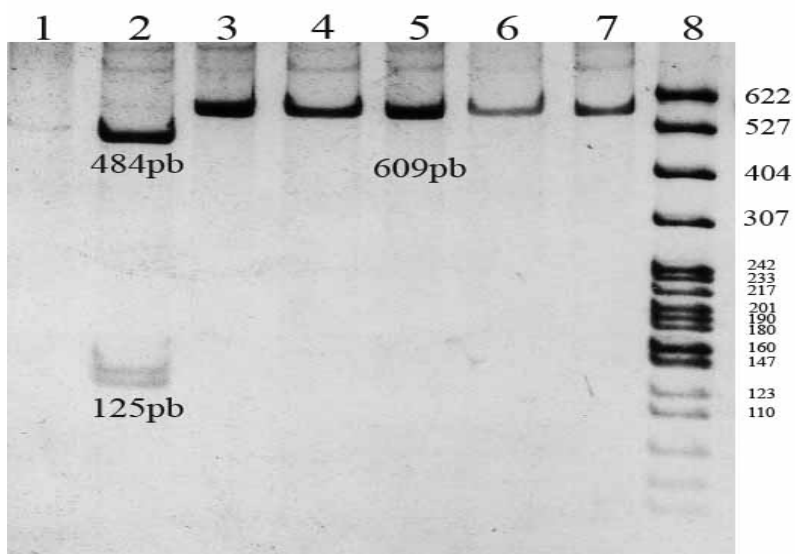


Figura 8. Patrón de amplificación y digestión de 3592 HpaI

En el carril 2 se muestra el patrón de bandas correspondiente a la presencia del sitio (+ 3.592 *HpaI*); del carril 3 al 7 se puede observar el patrón de bandas que muestran la ausencia del sitio (+ 3.592 *HpaI*) y en el carril 8 se encuentra el patrón pBR322 digerido con *MspI*.

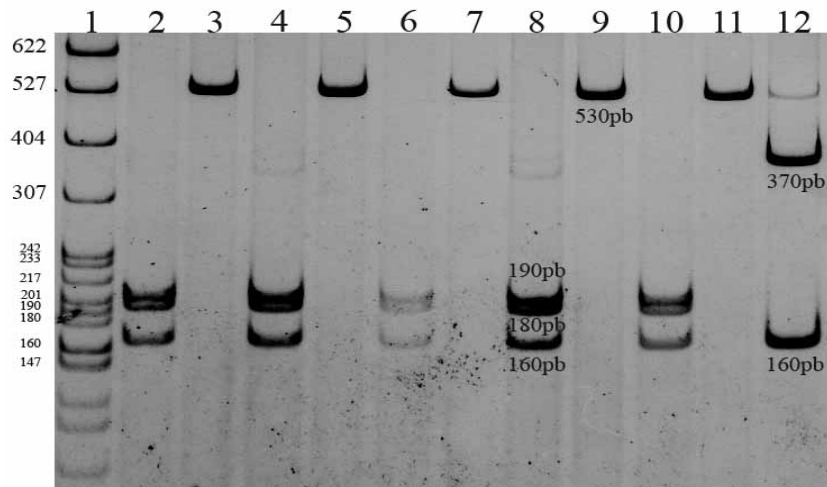


Figura 9. Patrón de amplificación y digestión de 5176 *AluI*

En el carril 1 se muestra el patrón pBR322 digerido con *MspI*; carriles: 2, 4, 6, 8, y 10 muestran el patrón de bandas correspondientes a la presencia del sitio (+5.176 *AluI*); mientras que en los carriles: 3, 5, 7 y 11 se puede observar la muestra control no digerida, por último en el carril el 12 se muestra el patrón de bandas correspondiente a la ausencia del sitio (-5.176 *AluI*).

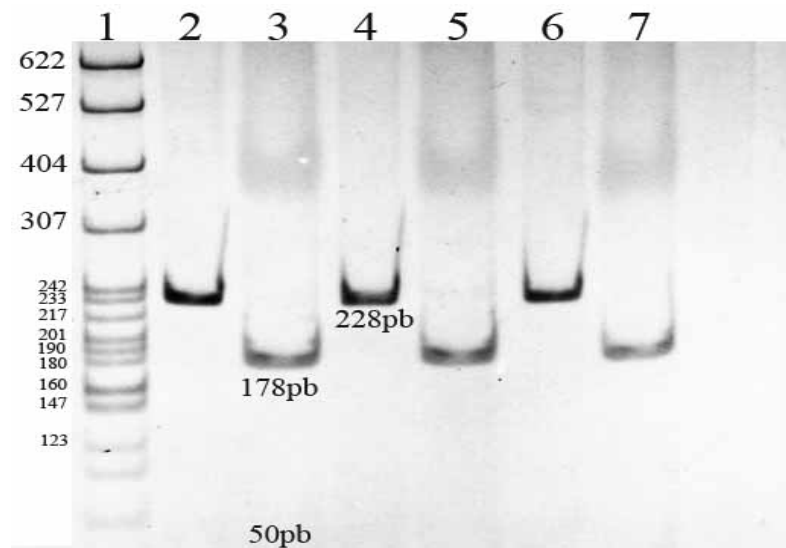


Figura 10. Patrón de amplificación y digestión de 13259 *HincII*

En el carril 1 se muestra el patrón pBR322 digerido con *MspI*; carriles: 2, 4 y 6 muestran el patrón de bandas correspondientes a la ausencia del sitio (-13.259 *HincII*); mientras que en los carriles: 3, 5 y 7 se aprecia la banda correspondiente a la presencia del sitio (+13.259 *HincII*).

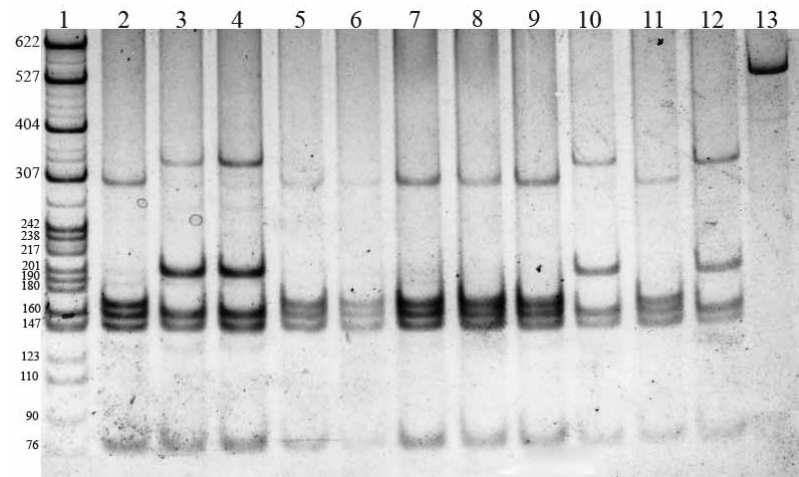


Figura 11. Patrón de amplificación y digestión de 7025 *AluI*

En el carril 1 se muestra el patrón pBR322 digerido con *MspI*; carriles: 2, 6-9 y 11 muestran el patrón de bandas correspondientes a la presencia del sitio (+7.025 *AluI*); mientras que en los carriles: 3, 4, 10 y 12 se aprecia el patrón de bandas correspondiente a la ausencia del sitio (-7.025 *AluI*).

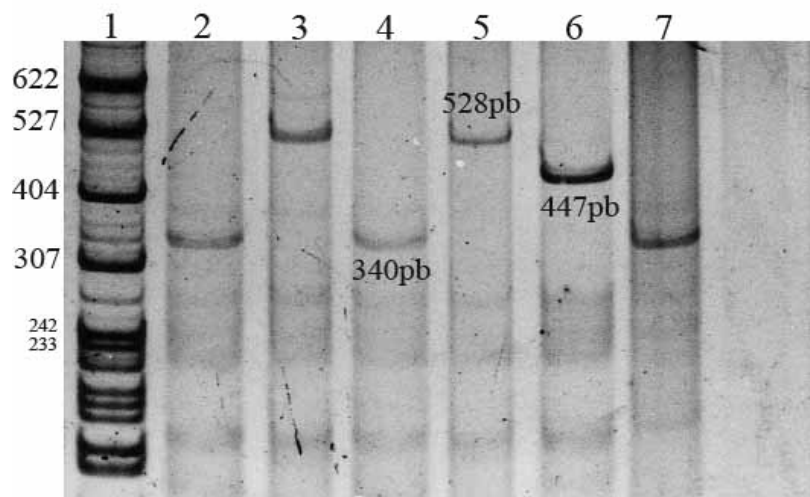


Figura 12. Patrón de amplificación y digestión de 663 *HaeIII*

En el carril 1 se muestra el patrón pBR322 digerido con *MspI*; carriles: 2, 4 y 7 muestran las bandas correspondientes a la presencia del sitio (+663 *HaeIII*); en el carril 6 se presenta la banda correspondiente a la ausencia del sitio (-663 *HaeIII*), mientras que en los carriles: 3 y 5 se aprecia la banda control no digerida.

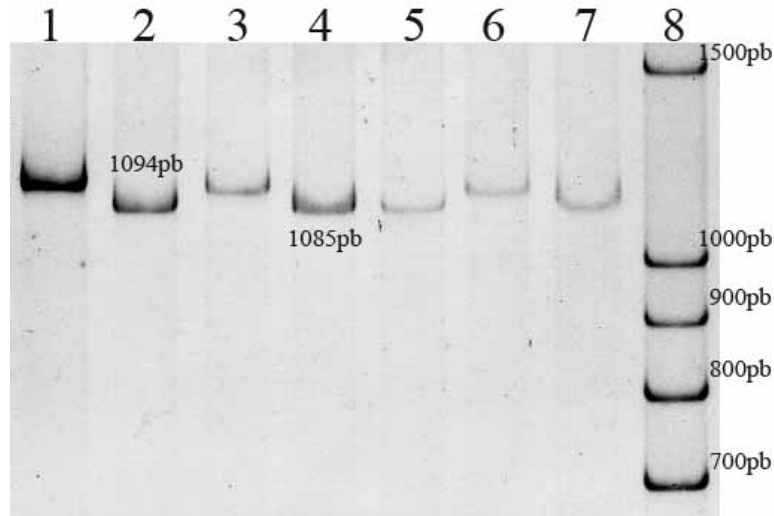


Figura 13. Patrón de amplificación de la delección de 9 pb

En los carriles: 2, 4, 5 y 7 se muestra la banda que presenta la delección; en los carriles 1, 3 y 6 se muestran el patrón que no presenta la delección, y en el carril 8 el patrón de 1000pb.

4.3.3.- Análisis de datos

La frecuencia para cada haplogrupo en Sucre y Araya se calculó por el método de conteo directo según la presencia de los haplogrupos del ADNmt. La proporción de mestizaje de los linajes maternos en la población se obtuvo del mismo modo por ser cada haplogrupo específico continental. En tal sentido, se organizaron los haplogrupos en tres fracciones o componentes nombrados según regiones étnico/geográficas, estos son: africano, europeo y amerindio. Para ello, las frecuencias de los haplogrupos A, B, C y D fueron sumadas con la finalidad de obtener el aporte total del componente amerindio; también se sumaron las frecuencias de los haplogrupos I, J, K y T, U, V, W, y X correspondientes al componente europeo y por último, únicamente la frecuencia del haplogrupo L, correspondiente al africano.

Luego de obtener las frecuencias de los haplogrupos, se empleó el programa ARLEQUIN 2.000 (Schneider y col., 2000) para el cálculo del índice de diversidad génica de poblaciones (Nei y col., 1983).

Para determinar diferencias estadísticamente significativas entre Sucre y Araya se realizó una prueba Ji cuadrado, empleando el programa Jicuaboo escrito por Rodríguez-Larralde.

La comparación de la población de Sucre y Araya con otras poblaciones, se realizó mediante el método de diferencias ente pares de poblaciones “*pairwise*” (Distancia Pairwise Fst), para lo cual también se empleó el programa de análisis de datos genéticos poblacionales, ARLEQUIN 2000 (Schneider y col., 2000).

Posteriormente, para la construcción de los dendrogramas, se empleó el método Neighbor-Joining (Saitou y Nei, 1987), en el editor Drawtree, ambos contenidos en el paquete estadístico de programas PHYLIP 3.6 (Felsenstein, 2004).

CAPITULO V

RESULTADOS

6.1.- Frecuencias de los haplogrupos del ADNmt en el Estado Sucre y Araya

La caracterización genética del Estado Sucre se realizó a partir del análisis de 99 muestras de ADNmt tomadas de individuos residentes en la zona, sin ningún tipo de parentesco, además se estableció como condición que los padres y abuelos de los mismos hayan nacido en el Estado Sucre.

Es necesario aclarar que en las muestras estudiadas, quince se encontraban clasificadas como pertenecientes a la Península de Araya, debido a sus características históricas decidimos analizarlas por separado.

En total fueron siete los sitios de restricción estudiados, seis de tipo RFLP (siglas en inglés para Polimorfismos en la Longitud de los Fragmentos de Restricción) y una delección de nueve pares de bases (en la región intergénica COII/tRNA^{Lys}).

La combinación de los sitios estudiados, sólo nos permitieron clasificar directamente las muestras dentro de seis haplogrupos A, B, C, D, H y L. Las muestras que no clasificaron en ninguno de éstos, corresponden a dos categorías que

agrupan varios haplogrupos de los menos frecuentes; por un lado, la categoría que concentra a los haplogrupos I, J y K; y por otro, la que reúne a los haplogrupos T, U, V, W y X.

En la tabla 5 se presentan las frecuencias absolutas y relativas obtenidas para cada haplogrupo Sucre y Araya.

Tabla 5
Frecuencia de haplogrupos del ADNmt en el estado Sucre y Araya

Haplogrupo	Sucre		Araya	
	Va	f	Va	f
L	11	0,1309	0	-
H	1	0,0119	1	0,0667
I, J, K	5	0,0595	0	-
T, U, V, W, X	7	0,0833	1	0,0667
A	34	0,4048	8	0,5333
B	14	0,1667	0	-
C	9	0,1072	1	0,0667
D	3	0,0357	4	0,2666
TOTAL	84	1	15	1

Va: Valor absoluto; f: Frecuencia

Se puede observar claramente que en el estado Sucre la mayor frecuencia obtenida corresponde al haplogrupo A (0,4048), seguida del B (0,1667), luego el L (0,1309) y el C (0,1072); las menores frecuencias corresponden a las categorías T, U, V, W, X (0,0833); I, J, K (0,059); el haplogrupo D (0,0357) y por último el H (0,0119); estos resultados se pueden apreciar mejor en el gráfico 1.

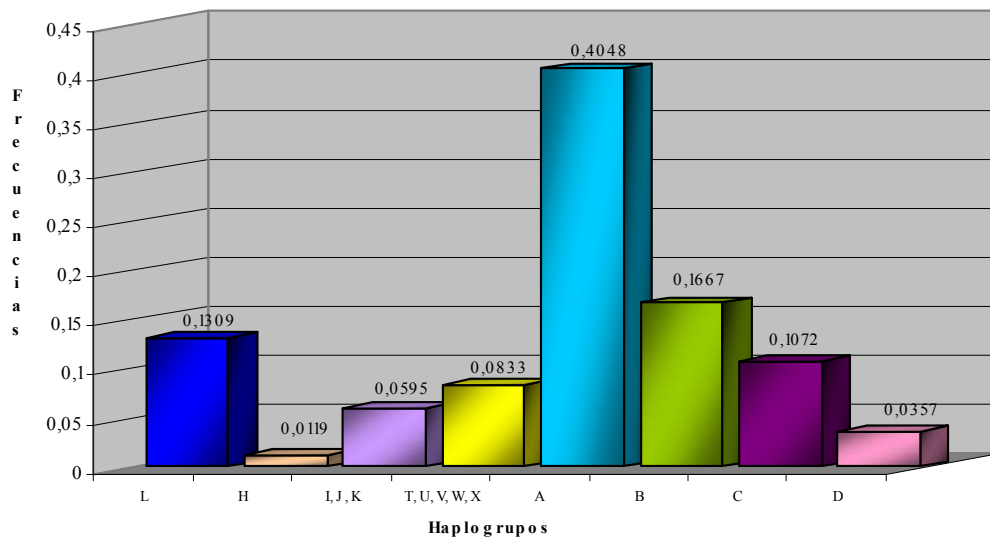


Gráfico 1.- Frecuencia de los haplogrupos del ADNmt en Sucre

En la Península de Araya la mayor frecuencia encontrada corresponde también al haplogrupo A (0,5333), mientras que en segundo lugar se encuentra el haplogrupo D (0,2666), en tercer lugar el haplogrupo H; la categoría T, U, V, W, X y el haplogrupo C, todos con la misma frecuencia (0,0667). No se observaron el haplogrupo L, la categoría I, J, K ni el haplogrupo B (gráfico 2).

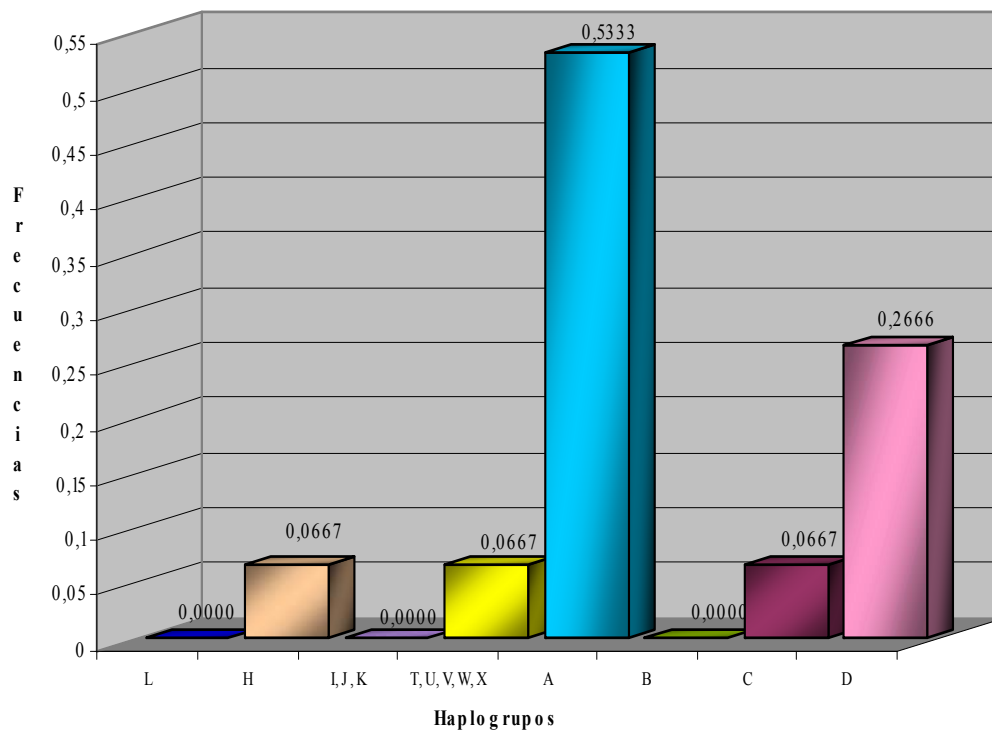


Gráfico 2.- Frecuencia de los haplogrupos del ADNmt en la Península de Araya

Tanto en Sucre como en Araya el haplogrupo con mayor frecuencia resultó ser el A, sin embargo, existe diferencia en cuanto a la distribución de los demás haplogrupos. Así se tiene que en Sucre los haplogrupos B y L presentan una frecuencia de 0,1667 y 0,1309 respectivamente, pero éstos no se encuentran presentes en la muestra de Araya. Lo mismo ocurre con la categoría que agrupa los haplogrupos I, J y K, que aunque con baja frecuencia (0,0119) están presentes en Sucre y en Araya no. Por otra parte, en Araya el haplogrupo D presentó una

importante frecuencia de 0,2666 (26,66%) en comparación con la encontrada en Sucre de 0,0357 (3,57%).

Posteriormente se realizó una comparación de las muestras de Sucre y Araya a través de una prueba Ji cuadrado encontrándose diferencias estadísticamente significativas ($p=0,015$) entre ellas.

5.2.- Proporción de mestizaje en el estado Sucre y la Península de Araya según el análisis de los haplogrupos del ADNmt

Los resultados de la proporción de mestizaje evidencian un importante aporte a la conformación genética de Sucre, por vía materna, de parte del componente amerindio (A, B, C y D) con un 71,43%, seguido del europeo (H, I, J, K, T, U, V, W y X) con un 15,48% y por último, el africano (L) con 13,09% (gráfico 3).

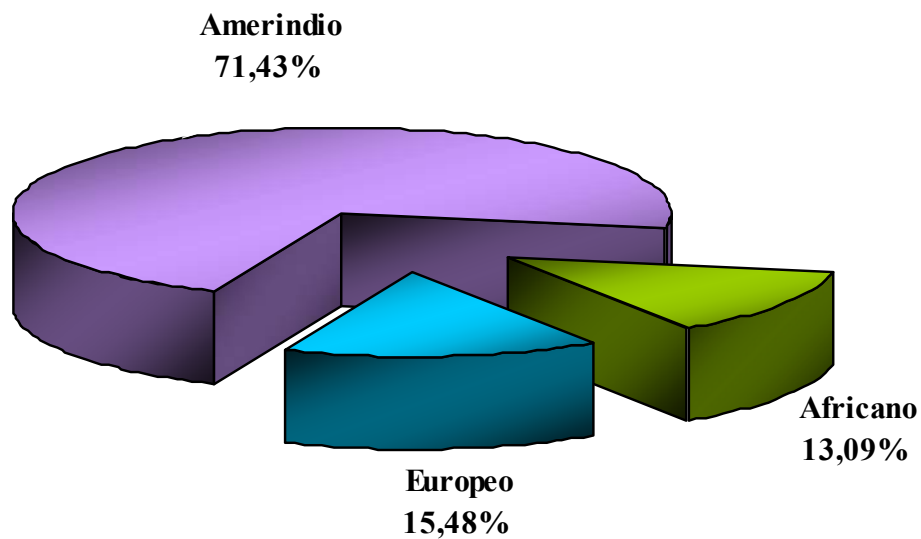


Gráfico 3.- Proporción de mestizaje del estado Sucre estimado a partir de los haplogrupos del ADNmt

De igual modo, para la Península de Araya el aporte más importante corresponde al componente amerindio con un 86,67 % y el restante 13,33 % corresponde al componente europeo, no encontrándose presente en esta zona el africano (gráfico 4).

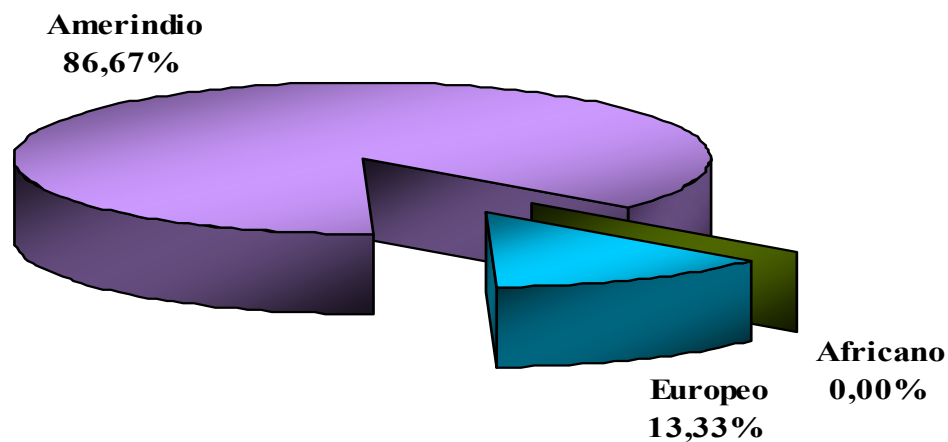


Gráfico 4.- Proporción de mestizaje de la Península de Araya estimado a partir de los haplogrupos del ADNmt

Partiendo de las frecuencias observadas de los diferentes haplogrupos en Sucre y Araya, fue posible estimar el índice de diversidad genética que presenta cada una de ellas. Así se obtuvo que para la población de Sucre el índice fue de 0,7631, mientras que para Araya fue de 0,6667. Por otro lado, al considerar únicamente la fracción de haplogrupos amerindios se observó un índice de 0,6148 para Sucre y de 0,5641 para Araya.

5.3.- Distancias genéticas estimadas a partir de las frecuencias de los haplogrupos del ADNmt en el estado Sucre y la Península de Araya, con otras poblaciones de Venezuela, América y el Caribe

Para la elaboración de la matriz de distancia se seleccionaron poblaciones de estudios realizados en Venezuela, América y el Caribe en los que se hayan analizado los mismos marcadores que en esta investigación, para así poder realizar comparaciones de forma directa. El análisis se realizó de dos formas, primero, se estimaron las distancias genéticas tomando en cuenta todos los haplogrupos y segundo, considerando sólo los haplogrupos clasificados como amerindios (A, B, C y D).

En tal sentido, los trabajos seleccionados para el primer análisis fueron los siguientes, de **Venezuela**: Monagas (Quero, 2006); Nueva Esparta (González, 2006); Caracas 1 (estrato social Alto) y Caracas 2 (estrato social Bajo) [Castro de Guerra y col., 2007]; Hoyo de la Cumbre, San Antonio de los Altos y San Diego de los Altos (Castro de Guerra y col., 2005); y de **América y el Caribe**: Argentina (La Plata) [Martínez Marignac y col., 2004]; Cuba (Pinar del Río) [Torróni y col., 1995]; Puerto Rico 1 (diversas regiones de la misma) [Martínez-Cruzado y col., 2005]; Brasil 1 (Belém) [Batista dos Santos y col., 1999]; Brasil 2 (Cariáú) [Ribeiro dos Santos y col., 2002]; Uruguay (Melo) [Bravi y col., 1997]; México (Juárez y Ojinaga) [Green y col., 2000]; Perú (Pasco y Lima) [Rodríguez-Delfín y col., 2001] y Aruba (Oranjestad) [Toro-Labrador y col., 2003].

Se comenzará por comentar las distancias genéticas de Sucre y Araya con distintas poblaciones de Venezuela (tabla 6).

Tabla 6
Distancias genéticas (Fst) entre Sucre y Araya y otras poblaciones de Venezuela, estimadas a partir del análisis de seis haplogrupos de ADNmt

Poblaciones	Distancias Genéticas (Fst) *	
	Sucre	Araya
Sucre	-	0,03960
Araya	0,03960	-
Nueva Esparta	0,01939	-0,02912
Monagas	-0,00629	0,01554
Caracas 1	0,11588	0,15195
Caracas 2	0,02877	0,04548
Hoyo de la Cumbre	0,39781	0,59899
San Antonio	0,25469	0,35683
San Diego	0,07743	0,13485

* Diferencias significativas (p<0,050)

La mayor distancia con respecto a Sucre (destacada en azul), corresponde a la población de Hoyo de la Cumbre (0,39781), seguido de la población de San Antonio de los Altos (0,25469). Por otro lado, la menor distancia encontrada (destacada en rojo) en relación a Sucre, corresponde a la población de Monagas (-0,00629). Por su parte en Araya, la mayor distancia genética corresponde igualmente a la población de Hoyo de la Cumbre (0,59899), sin embargo, la menor distancia encontrada fue la de Nueva Esparta (-0,02912). Las distancias genéticas obtenidas fueron representadas gráficamente en un *árbol de distancia genética* o *dendrograma*. Que permite una apreciación visual y más clara sobre las distancias calculadas entre las diversas poblaciones (fig. 14).

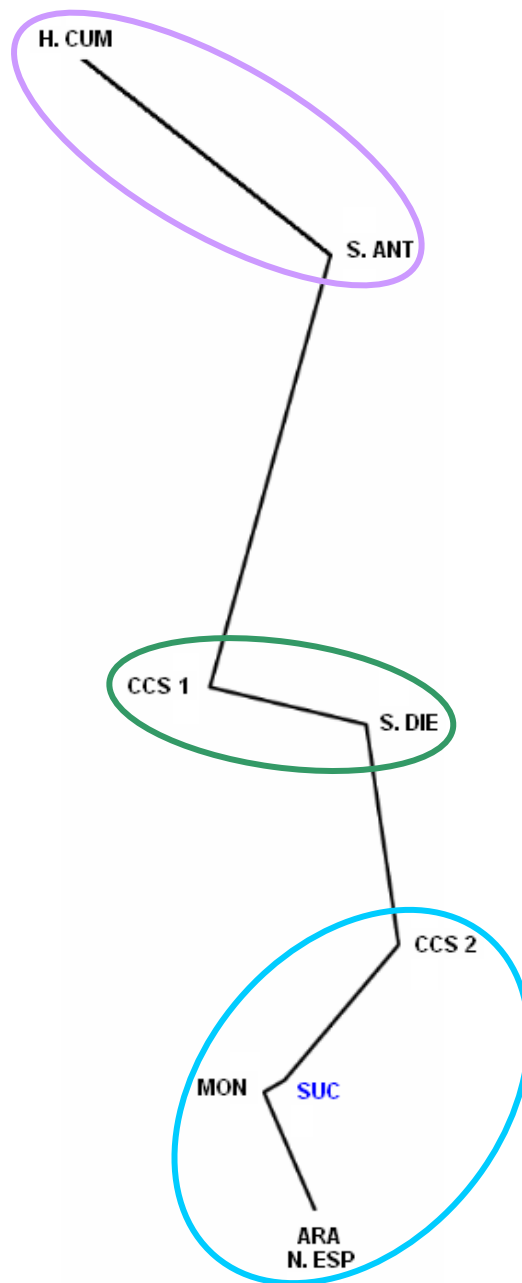


Figura 14.- Árbol de afinidad genética entre Sucre, Araya y otras poblaciones de Venezuela, realizado a partir del análisis de seis haplogrupos del ADNmt

Leyenda: **H CUM**: Hoyo de la Cumbre; **S ANT**: San Antonio de los Altos; **CCS 1**: Caracas 1 (estrato social alto); **S DIE**: San Diego de los Altos; **CCS 2**: Caracas 2 (estrato social bajo); **MON**: Monagas; **SUC**: Sucre; **ARA**: Araya y **N ESP**: Nueva Esparta.

Se observaron tres agrupaciones entre las poblaciones:

- ✚ Una primera agrupación (señalada en azul) en la que es evidente la marcada cercanía existente entre Araya y Nueva Esparta, así como entre Sucre y Monagas, encontrándose algo más distante la población de Caracas 2 (estrato social bajo).
- ✚ En la segunda agrupación (señalada en verde), un poco más apartadas de las poblaciones objeto de estudio se encuentran: San Diego de los Altos y Caracas 1 (estrato social alto).
- ✚ Y una última agrupación (señalada en lila) y notablemente distantes de Sucre y Araya, se hayan las poblaciones de San Antonio de los Altos y Hoyo de la Cumbre.

En la comparación de las distancias genéticas entre la población de Sucre y Araya con otras poblaciones de América (tabla 7), encontramos que las más alejadas de Sucre (en azul) en su conformación genética fueron, en primer lugar, la población de Cuba (Pinar del Río) (0,25141) seguida por Aruba (0,20095); mientras que de Araya lo fueron igualmente Cuba (0,37307), Brasil 2 (0,27872) y Perú (0,16913). Y las poblaciones más cercanas (en rojo) a Sucre fueron la Puerto Rico 1 (0,01301) y México (0,02061); y la más cercana a Araya resultó ser Sucre (0,03960).

Tabla 7
Distancias genéticas (Fst) entre Sucre y Araya y otras poblaciones de América y el Caribe, estimadas a partir del análisis de seis haplogrupos de ADNmt

Poblaciones	Distancias Genéticas (Fst)*	
	Sucre	Araya
Sucre	-	0,03960
Araya	0,03960	-
Argentina	0,11221	0,15546
Cuba	0,25141	0,37307
Puerto Rico 1	0,01301	0,10161
Brasil 1	0,06331	0,10650
Brasil 2	0,17241	0,27872
Uruguay	0,13032	0,26384
México	0,02061	0,08310
Perú	0,16913	0,27801
Aruba	0,20095	0,17526

* Diferencias significativas (p<0,050)

A continuación se muestra el dendrograma, en el que se representa la comparación de Sucre y Araya con otras poblaciones de Venezuela, América y el Caribe a partir del análisis de seis haplogrupos (fig. 15):

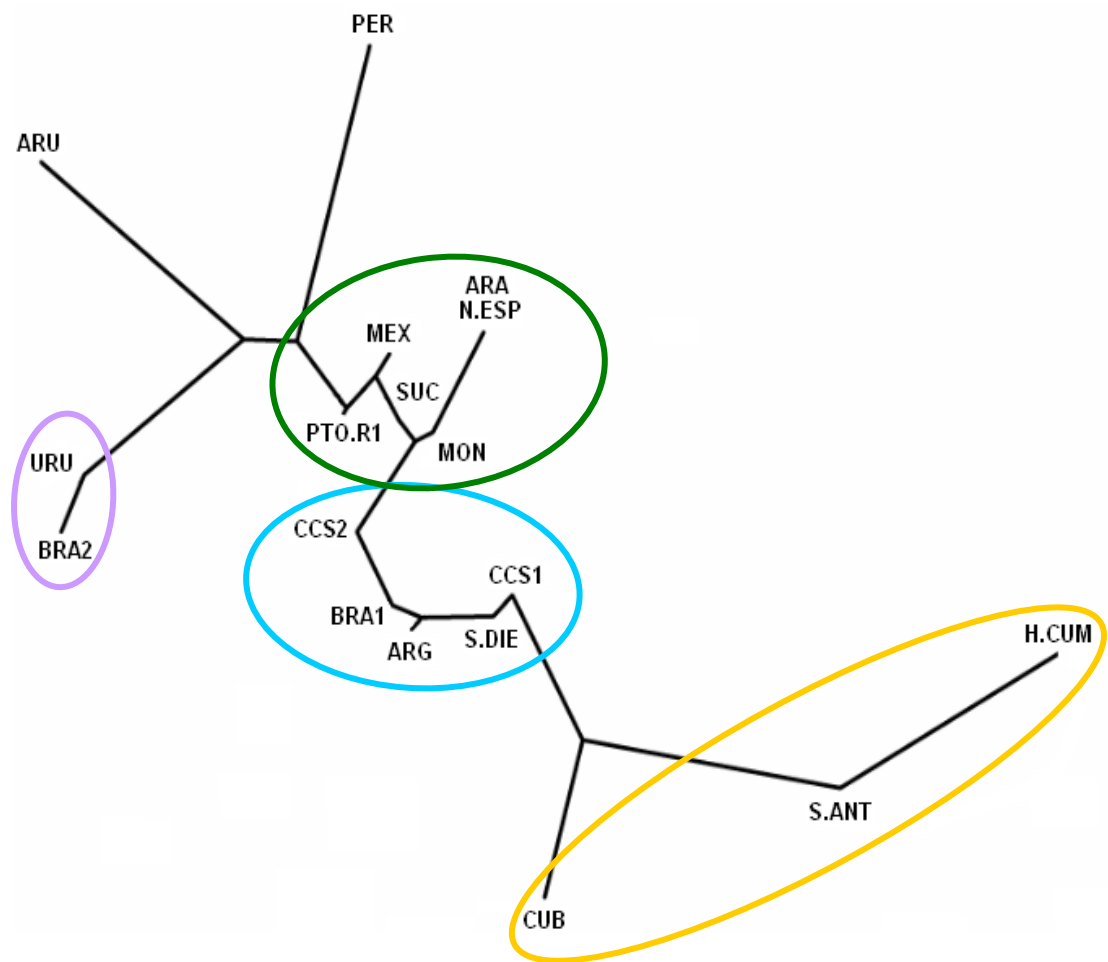


Figura 15.- Árbol de afinidad genética entre Sucre, Araya y otras poblaciones de Venezuela, América y el Caribe; realizado a partir del análisis de seis haplogrupos del ADNmt

Leyenda: **PER**: Perú; **ARU**: Aruba; **MEX**: México; **PTO R1**: Puerto Rico 1; **SUC**: Sucre; **ARA**: Araya; **N ESP**: Nueva Esparta; **MON**: Monagas; **URU**: Uruguay; **BRA 2**: Brasil 2; **CCS 2**: Caracas 2 (estrato social bajo); **BRA 1**: Brasil 1; **ARG**: Argentina; **S DIE**: San Diego de los Altos; **CCS 1**: Caracas 1 (estrato social alto); **CUB**: Cuba; **S ANT**: San Antonio de los Altos; y **H CUM**: Hoyo de la Cumbre.

Se puede decir que se evidencian cuatro agrupaciones principales:

- ✚ En la primera agrupación (señalada en verde), se encuentran la población de Sucre cercana a las de Monagas, México y Puerto Rico; y la población de Araya muy cerca de Nueva Esparta .
- ✚ Una segunda agrupación (señalada en azul), conformada por las poblaciones de Caracas 1 (estrato social alto), Brasil 1 (Belém), Argentina, San Diego de los Altos y Caracas 2 (estrato social bajo).
- ✚ Un poco más distante se haya la tercera agrupación (señalada en lila), en la que se encuentran las poblaciones de Uruguay y Brasil 2 (Cariaú).
- ✚ La cuarta agrupación es la más distante con respecto a Sucre y Araya (señalada en amarillo), en ella se encuentran las poblaciones de Cuba, San Antonio de los Altos y Hoyo de la Cumbre.
- ✚ Por último se pueden observar dos ramas independientes aisladas entre sí, en cuyos extremos se encuentran las poblaciones de Aruba y Perú

Para realizar una comparación considerando únicamente al componente Amerindio, que resultó ser el más importante, y que puede proporcionar información

sobre las poblaciones indígenas fundadoras. Se compararon las distancias genéticas de las poblaciones considerando únicamente los haplogrupos A, B, C y D.

Las poblaciones correspondientes para este análisis son, de **Venezuela**: Monagas (Quero, 2006); Nueva Esparta (González, 2006); Caracas 1 (estrato social Alto) y Caracas 2 (estrato social Bajo) [Castro de Guerra y col., 2007]; San Antonio de los Altos y San Diego de los Altos (Castro de Guerra y col., 2005); Yukpa y Barí (Zambrano, 2003); Guahibos (Vona y col., 2005); Makiritare (Lewis y col., 2004); y de **América y el Caribe**: Cuba (Pinar del Río) [Torroni y col., 1995a]; Puerto Rico 1 (diversas regiones) [Martínez-Cruzado y col., 2005] y Puerto Rico 2 (Añasco, Indiera Alta, Indiera Baja, Maricao, Miraflores y el Sector el Treinta) [Martínez-Cruzado y col., 2001]; Aruba (Oranjestad) [Toro-Labrador y col., 2003]; Norte de América (grupos étnicos: Acoma, Arapahoe, Cherokee, Cheyenne, Comanche, Hopi, Navajo, Zapotec, entre otros.) [Lorenz y Smith, 1996]; Centro de América, Sur de América y Colombia (Chimila, Coreguaje, Curripaco, Embera [Cauca], Guahibo-Sikuani, Guambiano, Guane-Butaregua, Guayabero, Huitoto, Ijka-Arhuaco, Ingano, Kogui; Murui-Muinane, Nukak, Paez, Pasto, Piaroa, Siona, Tucano, Tule-Cuna, Waunana, Wayuu, Wiwa, Yuco-Yukpa, Zenu) [Keyeux y col., 2002]; Norte de Amazonas, Sur de Amazonas y Andes (Rodríguez-Delfín y col., 2001); Bolivia (grupos Aymara, Chimane, Ignaciano, Mositén, Movida, Quechua, Trinitario, Yuacare) [Bert y col., 2001].

Se evidenció que las poblaciones que presentaron menos diferencias genéticas (en rojo) con respecto a Sucre (tabla 8) fueron: la población de San Diego de los Altos (-0,00418), Monagas (-0,02204) y San Antonio de los Altos (-0,01148); mientras que la más distante Sucre fue los Barí (0,48055) y un poco menos distantes que la anterior se hallan los Makiritare (0,15504), los Yukpa (0,11935) y los Guahibos (0,11695). Por otro lado, para Araya la más distante fue los Barí (0,75848) y las más cercanas fueron Caracas 1 (-0,00001), Nueva Esparta (-0,04060) y San Antonio (-0,04183).

Tabla 8
Distancias genéticas (Fst) entre Sucre y Araya con otras poblaciones de Venezuela, estimadas a partir del análisis de cuatro haplogrupos de ADNmt

Poblaciones	Distancias Genéticas (Fst)*	
	Sucre	Araya
Sucre	-	0,06121
Araya	0,06121	-
Nueva Esparta	0,03344	-0,04060
Monagas	-0,02204	0,03838
Caracas 1	0,01993	-0,00001
Caracas 2	0,02790	0,02458
San Diego	-0,00418	0,03770
San Antonio	-0,01148	-0,04183
Yukpa	0,11935	0,28910
Barí	0,48055	0,75848
Guahibos	0,11695	0,17818
Makiritare	0,26159	0,31939

* Diferencias significativas ($p < 0,050$)

A continuación se muestra el dendrograma en el que se representa la comparación de Sucre y Araya con otras poblaciones de Venezuela, a partir del análisis de cuatro haplogrupos (fig. 16):

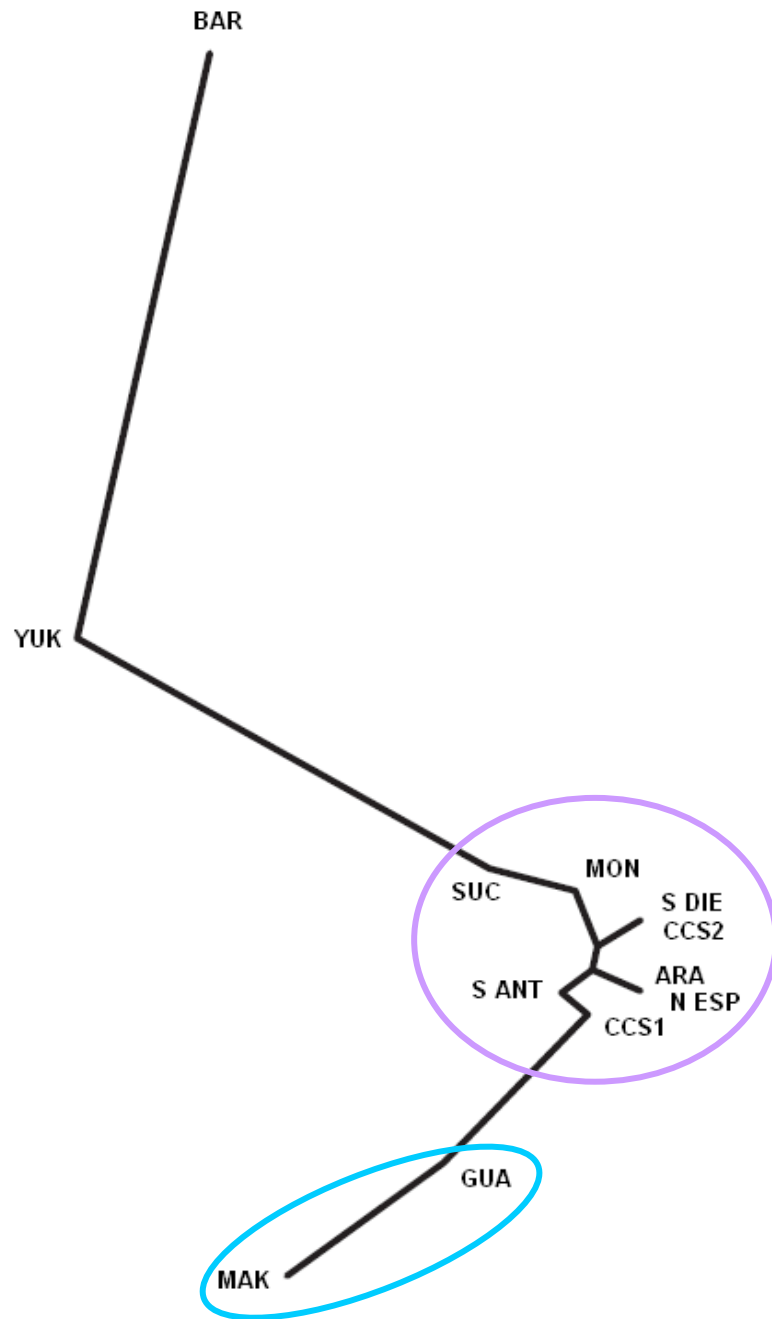


Figura 16.- Árbol de afinidad genética entre Sucre, Araya y otras poblaciones de Venezuela, realizado a partir del análisis de cuatro haplogrupos del ADNmt

Leyenda: **BAR:** Barí; **YUK:** Yukpa; **SUC:** Sucre; **MON:** Monagas; **S DIE:** San Diego de los Altos; **CCS 2:** Caracas 2 (estrato social bajo); **ARA:** Araya; **N ESP:** Nueva Esparta; **S ANT:** San Antonio de los Altos; **CCS 1:** Caracas 1 (estrato social alto); **GUA:** Guahibo y **MAK:** Makiritare.

En el dendrograma para este análisis se observan claramente dos agrupaciones:

- ⊕ La primera (señalada en lila), en la que se encuentran: Sucre, Monagas, San Diego de los Altos, Caracas 2, Araya, Nueva Esparta, San Antonio de los Altos y Caracas 1.
- ⊕ En la segunda agrupación (señalada en azul), se encuentran los grupos étnicos: Makiritare y Guahibos.
- ⊕ Por último, se pueden apreciar dos poblaciones aisladas del resto; esta son las etnias Yukpa y Barí.

Cuando se compara únicamente el aporte amerindio con América y el Caribe (tabla 9), se observa que las más cercanas a Sucre (en rojo) corresponden a las poblaciones del Centro de América (-0,00482), seguidas de Norte de América (0,00557) y Puerto Rico 1 (0,00573), mientras que para Araya fue Sucre (0,06121). Y las mayores distancias (en azul) de Sucre se encontraron con Aruba (Oranjestad) (0,33963), seguido de los Andes (0,25587); mientras que para Araya lo fueron Los Andes (0,37992) y Bolivia (0,27971).

Tabla 9
Distancias genéticas (Fst) entre Sucre y Araya y otras poblaciones de América, estimadas a partir del análisis de cuatro haplogrupos de ADNmt

Poblaciones	Distancias Genéticas (Fst) *	
	Sucre	Araya
Sucre	-	0,06121
Araya	0,06121	-
Cuba	0,11644	0,24322
Puerto Rico 1	0,00573	0,12214
Puerto Rico 2	0,07572	0,13318
Aruba	0,33963	0,25136
Norte de América	0,00557	0,09910
Centro de América	-0,00482	0,09599
Sur de América	0,18615	0,21281
Norte de Amazonas	0,17371	0,19318
Sur de Amazonas	0,1400	0,20989
Colombia	0,04713	0,14262
Los Andes	0,25587	0,37992
Bolivia	0,12946	0,27971

* Diferencias significativas (p<0,050)

Seguidamente se presenta el dendrograma, de la comparación de Sucre y Araya con otras poblaciones América y el Caribe a partir del análisis de cuatro haplogrupos (fig. 15):

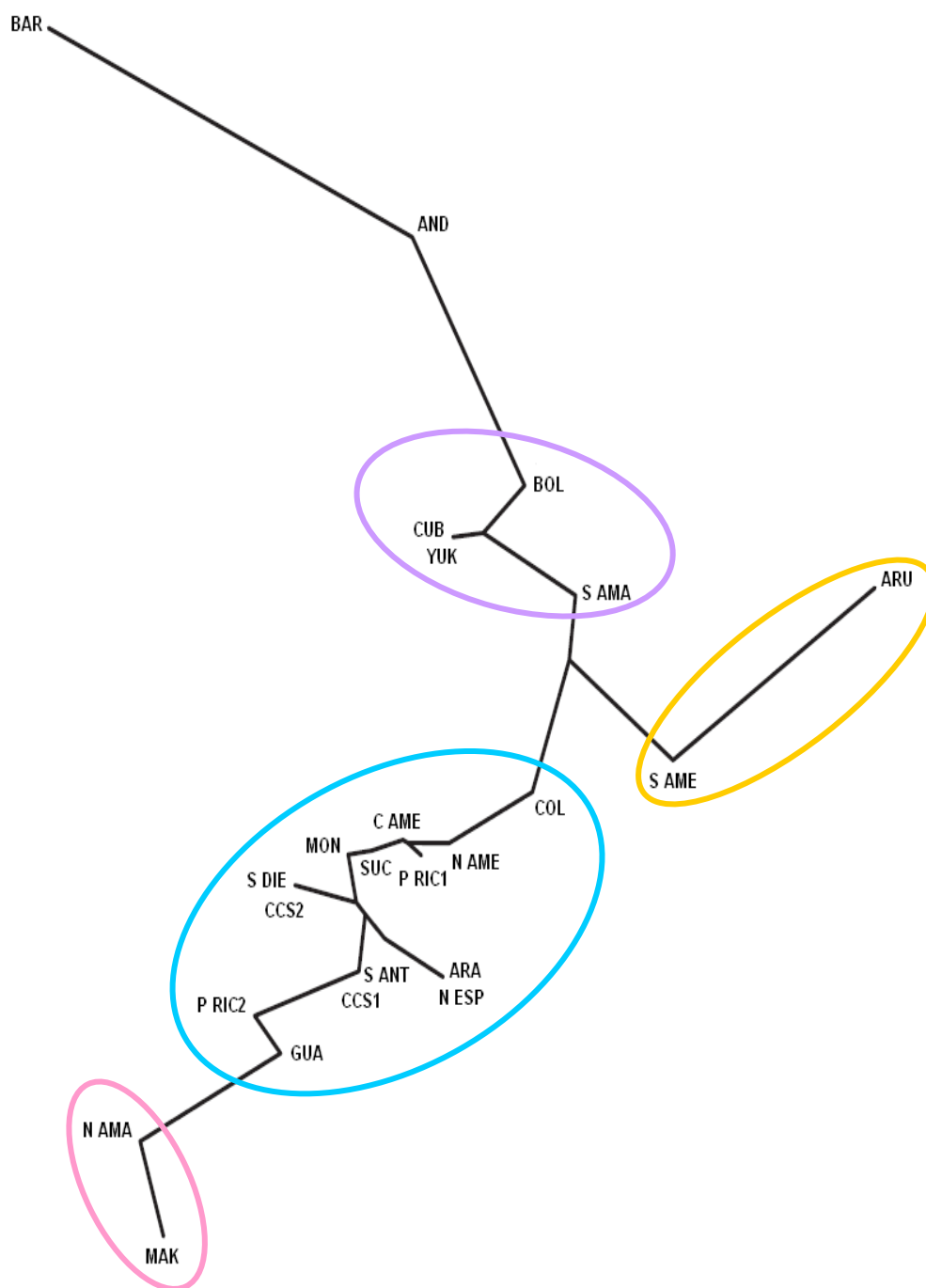


Figura 17.- Árbol de afinidad genética entre Sucre, Araya y otras poblaciones de Venezuela, América y el Caribe; realizado a partir del análisis de cuatro haplogrupos del ADNmt

Leyenda: **BAR**: Bari; **AND**: Los Andes; **BOL**: Bolivia; **CUB**: Cuba; **YUK**: Yukpa; **S AMA**: Sur de Amazonas; **S AME**: Sur América; **ARU**: Aruba; **COL**: Colombia; **N AME**: Norte América; **C AME**: Centro América; **P RIC 1**: Puerto Rico 1; **SUC**: Sucre; **MON**: Monagas; **S DIE**: San Diego de los Altos; **CCS 2**: Caracas 2 (estrato social bajo); **ARA**: Araya; **N ESP**: Nueva Esparta; **S ANT**: San Antonio de los Altos; **CCS 1**: Caracas 1 (estrato social alto); **P RIC 2**: Puerto Rico 2; **GUA**: Guahibo; **N AMA**: Norte de Amazonas y **MAK**: Makiritare.

Se observan cuatro conjuntos entre las poblaciones:

- ✚ En el primer conjunto o agrupación (señalado en azul) se encuentran catorce poblaciones: en primer lugar se aprecia Colombia, luego Norte de América, Centro de América y Puerto Rico 1; Sucre muy cercana a Monagas; San Diego de los Altos y Caracas 2 (estrato social Bajo); Araya igualmente muy cerca de Nueva Esparta; luego están San Antonio de los Altos y Caracas 1 (estrato social Alto); y por último Puerto Rico 2 y los Guahibos.
- ✚ En el segundo conjunto (señalado en amarillo), las poblaciones de Aruba y el Sur de América.
- ✚ En el tercero (señalado en rosa) se encuentran el Norte de Amazonas y los Makiritare.
- ✚ El cuarto (señalado en lila) presenta a las poblaciones de Bolivia, Cuba cercano a los Yukpa y Sur de América.
- ✚ Por último, de nuevo se encuentran las poblaciones de Los Andes y los Barí alejadas del resto.

CAPITULO VI

DISCUSIÓN

Mediante el estudio de los polimorfismos del ADNmt es posible reconstruir la historia de las poblaciones a través de linajes femeninos. Partiendo de la identificación de haplogrupos que son específicos continentales se puede rastrear de forma retrospectiva en las poblaciones actuales, la presencia genética de poblaciones ancestrales. Además, si se comparan los resultados de estudios de linajes femeninos con estudios de linajes masculinos, se obtiene información útil sobre la manera como ocurrieron las uniones entre hombres y mujeres de diferentes orígenes genéticos. Asimismo, se logra establecer el origen geográfico de los haplotipos fundadores que paulatinamente fueron conformando la población en estudio, lo que proporciona información detallada sobre el grado y tipo de mestizaje presente en la misma.

Varios estudios de polimorfismos clásicos y moleculares en Sucre, han proporcionado información significativa sobre su conformación genética. Rodríguez-Larralde y col. (2001) a partir del análisis de grupos sanguíneos (ABO y Rh) en la Región Oriental (Anzoátegui, Bolívar, Monagas, Sucre y Nueva Esparta), reportaron la mayor proporción para el componente europeo con 42,3 %, un 33 % para el amerindio y el menor porcentaje para el aporte de origen africano con 24,7 %. En otro estudio realizado a partir del análisis grupos sanguíneos (ABO y Rh) y tres marcadores de tipo STR en la Región Nororiental (Sucre y Nueva Esparta), también resultó ser la fracción europea la más frecuente con un 56,4 %, seguida de la

amerindia con 24% y el restante 19,6 % corresponde a la fracción africana (Vívenes y col., 2004). De los resultados obtenidos para ambos estudios, se puede apreciar la importante presencia del componente europeo en la estructura genética de la población del Oriente de Venezuela, con valores cercanos al 50%, que indican un importante flujo migratorio desde Europa hacia esta región.

En el caso específico de Sucre, partiendo del análisis de los grupos sanguíneos ABO y el factor Rh, se reportaron resultados concordantes para la Región Oriental en general. En Sucre el aporte de origen europeo resultó ser igualmente el más importante, sólo que con un porcentaje considerablemente mayor, de 89%. La fracción de origen africano representó un 9 % del total superando por tres al componente amerindio (6 %) (Vívenes y col., 2008).

Los polimorfismos utilizados en los trabajos mencionados son de herencia biparental, se segregan a la descendencia de acuerdo a las Leyes de Mendel, es decir, que de los dos alelos heredados de los progenitores, uno proviene de la madre y el otro del padre. En tal sentido, estos polimorfismos reflejan el mestizaje en general de la población acumulado en los autosomas, sin establecer algún tipo de distinción por sexo; por ello, el ADNmt ofrece una ayuda importante al permitir identificar la contribución de las mujeres en el proceso de mestizaje.

Tanto en Sucre como en Araya, el haplogrupo más frecuente es el A, con 40,48 % y 53,33 % respectivamente, conociéndose que las más altas frecuencias para

este haplogrupo han sido reportadas entre los indígenas del Norte y Centro América (Torroni y col., 1993). En Sucre el segundo en frecuencia es el L (13,09 %), que es característico de las poblaciones africanas no estando presente en Araya . Por el contrario, en Araya el segundo haplogrupo más frecuente es el D (26,66 %) (nativos suramericanos/Chile y Argentina); (Rodríguez-Delfín y col., 2001). Ésta distribución de haplogrupos le confiere a cada población una constitución genética específica que responde a sus particulares procesos de conformación histórica; por ello, Araya siendo una población de Sucre se diferencia de ésta en su estructura genética.

Es posible que la presencia tan elevada de la fracción amerindia en la población de Sucre y Araya se deba a la tardía ocupación de estas tierras por parte de los españoles. Sucre a pesar de ser el primer lugar de tierra firme explorado por los colonos y de poseer uno de los principales puertos marítimos, presentaba difícil acceso debido a la abundancia de caños y tierras inundadas, unido a esto se encontraba la presencia en la zona de los indígenas llamados Caribes, los cuales eran considerados como muy peligrosos y hostiles (Pérez, 1998; Chacón, 1995; Arellano, 1986; Ojer, 1966).

Además, existió por algún tiempo un interés por parte de la Corona española de proteger a los indígenas de estas tierras, demostrado a través de la emisión de diversas *Cedulas Reales* que prohibían a los españoles acercarse o tener algún tipo de contacto con grupos indígenas que se encontraran en poblados ya establecidos. En 1542, por la insistente intervención de Fray Bartolomé de Las Casas, fueron

promulgadas las conocidas *Leyes Nuevas de Indias*, a través de las cuales la Corona prohibía la esclavitud indígena y el otorgamiento de nuevas encomiendas. En tal sentido, según los datos históricos se sabe que la población de Cumaná surge como producto del proceso de evangelización y pasa a ser un asiento de la población indígena y no un poblado de españoles propiamente dicho (Fundación Polar, 1989; Gómez, 1981).

En Sucre, con mucha menor frecuencia que la fracción amerindia pero con valores muy cercanos, se encuentran la europea y la africana (13,09 %). Sin embargo en Araya, aunque el aporte europeo presenta valores cercanos a los encontrados en Sucre (13,33 %), llama particularmente la atención la ausencia de aporte africano.

El aporte europeo, tanto en Sucre como en Araya, fue inferior al reportado en estudios de polimorfismos clásicos y de ADN nuclear en la Región Oriental y Sucre, los cuales indicaron una importante presencia europea en la zona, pero que no puede ser explicada por vía femenina. En tal sentido, estudios no publicados de *Cromosoma Y* en Sucre, indican un predominio de haplogrupos europeos masculinos (González, 2008). Se puede inferir entonces, que la superioridad de linajes genéticos femeninos amerindios responde a un patrón de unión preferencial entre hombres europeos y mujeres indígenas y africanas ocurrido durante el período de conquista y colonización, siendo esto consistente con la información histórica y genética

reportada para América en general (Alves-Silva y col., 2000, Mesa y col., 2000; Castro de Guerra y col., 2006)

El patrón de mestizaje descrito puede ser explicado por diversas causas. Primero, debido a la poca presencia de mujeres europeas durante los primeros años de la conquista, recordando que la misma fue una empresa masculina. Posteriormente, fueron surgiendo otros elementos que favorecían las uniones entre mujeres indígenas y hombres europeos, como por ejemplo, el grado de prestigio alcanzado por las indígenas y sus descendientes al vincularse con el hombre europeo, quien por su posición social, se permitía mantener relaciones con esclavas, tanto indígenas como africanas, sin que esto perjudicara su reputación o su condición dominante de jefe; no siendo así en el caso contrario (mujeres europeas y hombres esclavos). Por otro lado, se conoce que las mujeres indígenas eran obsequiadas a los conquistadores en los tratados de paz como garantía de los mismos (Fundación Polar, 1989; Gumilla, 1944).

Es probable que la ausencia de linajes mitocondriales africanos en la Península de Araya tenga su origen en el escaso interés por parte de España hacia esta zona. La importancia histórica de Araya radica principalmente en sus salinas. Las mismas fueron explotadas por indígenas y holandeses, ya que la península ibérica poseía sus propias salinas y por tanto no le concedió gran importancia a las encontradas en Araya (Fundación Polar, 1989, Humboldt, tr. 1985).

Humboldt también aclara que en el siglo XVI era poca la presencia de población fija en esta zona (pequeños poblados indígenas, y presencia de algunos esclavos, mestizos, europeos y criollos), hecho que favoreció precisamente la incursión ilegal de potencias marítimas como Holanda. En general, las salinas fueron explotadas por pobladores indígenas de la zona (principalmente los Guaiqueríes), lo cual puede explicar también la elevada contribución amerindia en esta población (Humboldt, tr. 1985).

Es bien conocido que la entrada de los esclavos provenientes de África se debió principalmente a su empleo como mano de obra, principalmente en las labores de agricultura, en virtud de la supuesta debilidad de los indígenas. Por ello, al no ser explotadas con mayor importancia las salinas por parte de los españoles, y no presentar la zona cultivos importantes, sobre todo cacaoteros, no debió ser mucha la población de esclavos negros en esta zona específica aún cuando se tiene conocimiento de su presencia.

Sin embargo, es preciso recordar que los resultados de esta investigación se refieren al aporte femenino únicamente, lo cual hace más lógico el suponer que dada la escasa presencia de poblados europeos en la zona, no se requiriese del trabajo de las esclavas negras, cuya labor primordial consistía en el servicio doméstico y mantenimiento de la casa de los amos (Acosta Saignes, 1978); además, otra de las funciones de las esclavas de origen africano, consistía en realizar labores de

recolección y en vista de la escasa actividad agrícola en la zona también se explicaría su relativa ausencia.

La muestra de Araya analizada en este estudio es pequeña (quince individuos) y por ello, puede que no sea representativa y los datos arrojados no sean concluyentes. Además, por la diferencia estadísticamente significativa entre Sucre y Araya ($p=0,015$), se recomienda un estudio mucho más extenso, que incluya un mayor número de individuos y que pueda arrojar mayor información sobre la constitución genética de la Península de Araya.

Por otro lado, al asociar los haplogrupos según su procedencia étnico/geográfica, los haplogrupos A, B, C y D, que corresponden al aporte Amerindio, resultaron ser notoriamente los más frecuentes en Sucre y Araya con un 72,62 % y 86,67 % respectivamente; sin embargo, la distribución de los haplogrupos presenta diferencias importantes entre ambas.

En ambas poblaciones, como ya se mencionó, el haplogrupo A es el más frecuente. En Sucre, el segundo es el B (16,67 %) que se encuentra ausente en Araya y ha sido reportado con frecuencias elevadas en los Andes (61,5 %); mientras que en Araya el segundo es el D (26,66 %) que presentó en Sucre baja frecuencia (3,57 %), y los valores más elevados se han reportado entre los nativos suramericanos (Chile y Argentina) y al norte del Río Amazonas (Rodríguez-Delfín y col., 2001). La distribución de haplogrupos en Sucre se corresponde con la encontrada en Norte y

Centro América, donde el haplogrupo A es el más frecuente y el D el menos frecuente (Martínez-Cruzado, 2005; 2002; Green y col., 2000).

En la actualidad, visitar la Península de Araya por vía marítima se lleva aproximadamente treinta minutos de viaje desde Cumaná; en cambio, por vía terrestre puede llegar a ser un viaje de hasta tres horas o más. En tal sentido, es lógico suponer que este mismo recorrido en épocas anteriores haya resultado mucho más difícil y largo, debido a la ausencia de vías y de automóviles. Por ello es probable, que por ser una localidad semiaislada de difícil acceso por vía terrestre, no haya sido afectada por importantes flujos migratorios, manteniéndose estable en su conformación genética original.

En resumen, podemos decir que tanto en Sucre como en Araya el origen de los linajes genéticos femeninos, es amerindio, aún cuando se registra también presencia de aportes europeo y africano.

Partiendo de las frecuencias observadas de los diferentes haplogrupos en Sucre y Araya, fue posible estimar el índice de diversidad genética a partir de linajes femeninos que presenta cada una de ellas. Es necesario aclarar que la posible semejanza entre estos valores no implica necesariamente una similitud entre las poblaciones, ya que éste muestra el grado de variabilidad existente en la estructura genética de las mismas; establece una relación de la cantidad de individuos que

pertenecen a cada haplogrupo estudiado y cuan equitativa es la distribución de ellos entre los diferentes haplogrupos.

Las poblaciones con valor alto para el índice de diversidad genética reflejan la presencia de diversos haplogrupos con una distribución más o menos equitativa entre los individuos. Cuando existen diferencias notables entre las frecuencias, es decir, que predomine uno o pocos de los haplogrupos, menor será el índice de diversidad genética de la misma, informando que la población es más homogénea en cuanto a su estructura genética. En tal sentido, los valores que se acercan a 0 representan poblaciones homogéneas y los que se acercan a 1, poblaciones heterogéneas.

Para la población de Sucre se obtuvo un índice de diversidad de 0,7631, mientras que para Araya fue de 0,6667, cuando se consideraron todos los haplogrupos. Estos índices presentan valores relativamente altos lo que indica, según lo antes expuesto, la presencia de diferentes haplogrupos con frecuencias no despreciables, en tal sentido, ambas poblaciones son bastante heterogéneas. Debido a la gran contribución amerindia encontrada, se podría pensar que la población es homogénea; no obstante, el aporte indígena se encuentra distribuido entre los cuatro haplogrupos amerindios, los que unidos a los haplogrupos europeos y africano le confieren tal heterogeneidad a las poblaciones.

Al tomar sólo los haplogrupos considerados como Amerindios (A, B, C y D), se observa una lógica disminución de la heterogeneidad en ambas, con un índice de 0,6148 para Sucre y de 0,5641 para Araya. El descenso de los valores del índice de diversidad genética se debe también a que en ambas poblaciones, el haplogrupo, A presenta una frecuencia elevada y si se quiere un poco alejada de las frecuencias de los otros tres (B, C y D).

En cuanto a la diferencia entre los valores de diversidad de Sucre y Araya, el índice en Araya está por debajo del calculado para Sucre, en ambas comparaciones. Cuando se consideraron todos los haplogrupos, el L, el B y la categoría que agrupa a I, J, K se encuentran ausentes en Araya, pero no en Sucre; asimismo, en la distribución de las frecuencias en Araya, el 80 % de individuos se concentran en los haplogrupos A y D, esto hace que la distribución sea menos diversa que la encontrada en Sucre, y por ello, el índice es menor.

Al comparar los índices de diversidad genética obtenidos de Sucre y Araya con otras poblaciones de Venezuela, América y el Caribe, considerando los seis haplogrupos (datos no mostrados), se observa que en general existe heterogeneidad en la mayoría (valores entre 0,5393 y 0,7631), señalando una distribución de frecuencias regular entre los diversos haplogrupos; con algunas excepciones como lo son las poblaciones de Venezuela: San Antonio de los Altos (0,4822) y especialmente Hoyo de la Cumbre (0,1800), que al mantenerse con cierto grado de

aislamiento incurrieron en relaciones de endogamia, haciendo prevalecer a un haplogrupo sobre los demás, lo cual explica su homogeneidad (Figuera, 2002; Castro de Guerra y Zambrano, 1997; 2000).

Un suceso en especial vincula históricamente a las poblaciones de América y el Caribe, este es el proceso de Conquista y Colonización, el cual causó inevitablemente un cambio en la estructura genética original de los pueblos americanos, en la medida que introdujo a su acervo genético las fracciones de origen europeo y africano, produciendo con el tiempo poblaciones genética y culturalmente diversas. Sin embargo a pesar de esto, todas las poblaciones poseen su particular proceso de conformación que les proporciona una distribución de frecuencias específica (aunque en ocasiones puedan ser similares) y que ha sido producto de numerosos estudios. Es por ello que se realizó la comparación de las frecuencias obtenidas para Sucre y Araya con las de otras poblaciones de Venezuela, América y el Caribe, para así poder establecer semejanzas y diferencias entre ellas.

Estas comparaciones se pueden realizar a partir del análisis de la matriz de distancias genéticas pairwise (F_{st}), calculada partiendo de las frecuencias de los haplogrupos del ADNmt. Para dichas comparaciones se seguirá el esquema de análisis propuesto en el capítulo anterior, comparando Sucre y Araya con distintas poblaciones de Venezuela, América y el Caribe; tomando en consideración primero,

los seis haplogrupos del ADNmt y luego, únicamente los cuatro correspondientes a la fracción amerindia.

En general al comparar las distancias genéticas (F_{st}) de Sucre y Araya con otras poblaciones de Venezuela (tabla 6), tomando en cuenta los seis haplogrupos, se aprecia una importante cercanía, por un lado, entre Sucre y Monagas (-0,00629), y por otro, Araya y Nueva Esparta (-0,02912). Las poblaciones de Sucre y Monagas, al igual que las de Araya y Nueva Esparta, presentaron un elevado aporte amerindio en su constitución genética, aproximadamente 71 y 86 %, y de estos porcentajes el haplogrupo A fue el que obtuvo notablemente una mayor frecuencia, lo cual justifica la cercanía encontrada entre ellas y que puede ser observado gráficamente el dendrograma correspondiente (fig. 14).

En el caso de Araya y Nueva Esparta, además de la gran semejanza en la distribución de frecuencias de la fracción amerindia, se aprecia una escasa presencia de haplogrupos europeos y africanos (éste último ausente en Araya), lo cual también explica la cercanía entre estas dos poblaciones. La escasa presencia de haplogrupos europeos por vía femenina puede deberse al hecho de que la conquista fue una empresa principalmente masculina (no se conoce una afluencia importante de mujeres de origen europeo durante este período).

Por otro lado, se sabe que la entrada de los esclavos provenientes de África se debió a su empleo como mano de obra, principalmente para las labores de agricultura, siendo la recolección una de las funciones primordiales de las esclavas de origen africano. Durante el período Colonial, no hubo ni en Nueva Esparta ni en Araya una importante explotación agrícola, por esta razón, no debió ser mucha la población de esclavos de origen africano. La actividad económica más importante para ese momento en Nueva Esparta fue la extracción de perlas, mientras que en Araya fue la explotación de las salinas, y para ello, los indígenas en carácter de esclavos eran los encargados de aportar la mano de obra necesaria (Fundación Polar, 1988; Humboldt, tr. 1985; González, 2006).

Por su parte, en la misma agrupación pero algo alejada de Sucre y Araya, está Caracas 2 (estrato social bajo) que además de un aporte amerindio elevado (58 %), presenta también un aporte de la fracción europea considerable (34 %), por esta razón en el dendrograma se aleja un poco de las poblaciones anteriores.

En cuanto a la distancia de Sucre y Araya con San Diego de los Altos, San Antonio de los Altos y Hoyo de la Cumbre, se tiene que estas tres al ser poblaciones fundadas por los españoles, presentan altas frecuencias de haplogrupos europeos, que han sido mantenidos durante generaciones debido a su grado de aislamiento que motivó las uniones endogámicas entre sus habitantes (Castro de Guerra y Zambrano,

1997; 2000; Figuera, 2002). Este hecho las diferencia de la conformación de Sucre y Araya, y explica la separación entre ellas en el respectivo dendrograma (fig. 14).

Cuando se analizan las distancias de Sucre y Araya con otras poblaciones de América y el Caribe tomando en cuenta los seis haplogrupos (tabla 7), se observa que cercanas a ellas, en especial de Sucre, están Puerto Rico 1 y México, el resto de las poblaciones presentan distancias estadísticamente significativas a ambas. En el dendrograma se puede apreciar aún mejor la cercanía entre estas cuatro poblaciones (fig. 15).

Por su parte en México, que se encuentra cercana a Sucre (0,02061) y Araya (0,08310), las poblaciones estudiadas (Juárez y Ojinaga) presentan un elevado porcentaje amerindio (90 %) lo cual, explica en cierta forma la cercanía con las poblaciones venezolanas. Además de esto, reportó también bajas frecuencias para los haplogrupos de origen europeo (0,0543) y africano (0,0452) lo cual la acerca a las poblaciones en estudio.

Según la historia de México, a finales del siglo XVI y principios del XVII debido a la drástica reducción de la población nativa Americana, un gran número de esclavos africanos fueron llevados como mano de obra, para esa misma fecha datos históricos sugieren que la población esclava era mayor que en cualquier otro país de

América, lo que lleva a pensar que para ese momento la mayoría de los esclavos eran de origen africano. Sin embargo, al igual que en Sucre y Araya, las frecuencias de los linajes femeninos africanos son bajas, por ello, Green y col. (2000) sugieren que la mayor proporción de esclavos africanos en México fueron hombres en lugar de mujeres.

En Puerto Rico 1, los haplogrupos de origen amerindio también son los más frecuentes (61%). La fracción europea (12,5%) se asemejan mucho a las de Sucre y Araya, sin embargo, hay diferencias en las correspondientes a la fracción africana que es más elevada en Puerto Rico (26,37%). Es probable que por la cercanía geográfica de la Isla de Puerto Rico con la costa de Venezuela, haya existido durante la colonia un intercambio entre ellas no sólo comercial, sino también poblacional.

Al estudiar por separado el aporte amerindio (haplogrupos A, B, C y D) entre poblaciones venezolanas, se aprecia que las distancias disminuyen (Tabla 8). Las más cercanas a Sucre y Araya corresponden a poblaciones urbanas (Monagas, Nueva Esparta, Caracas, San Antonio y San Diego); por el contrario, las distancias más grandes son con las diferentes etnias indígenas estudiadas (Yukpa, Barí, Guahibo y Makiritare), éstas son distancias estadísticamente significativas. Las poblaciones de San Antonio y Caracas 1 que anteriormente se hallaban distantes de Sucre y Araya, ahora se encuentra bastante cerca de las mismas con una distancia de $-0,01148$ y $0,01993$ respectivamente. Esto puede deberse a que el origen y conformación de

estas poblaciones fue similar en cuanto a su estructura genética, y que por ello, al excluir el aporte europeo y africano, se presenten los haplogrupos existentes desde un principio en poblaciones como Caracas y San Antonio.

Por otro lado, esta cercanía podría deberse a la movilización de indígenas durante y posterior a la conquista, bien sea por las misiones o la esclavización de los mismos. Las misiones se constituyeron como pueblos indígenas mestizos en los que aquellos que no participaban por medio de la conversión al cristianismo eran esclavizados, en ambos casos poco importaba el origen o grupo cultural al que pertenecieran los indígenas; más bien, se buscaba reunir en ellas indígenas de diferentes etnias que no hablaran el mismo idioma, así se verían obligados a aprender el castellano para poder comunicarse entre sí, facilitando la enseñanza y conversión al cristianismo (Mörner, 1999). Además los indígenas eran regalados como esclavos como garantía en los procesos de paz. Por ello, es posible que a través de esta movilización y separación de los indígenas de sus grupos originarios y su consecuente mezcla, al considerar únicamente la distribución de los haplogrupos amerindios, exista una mayor cercanía de entre ciertas poblaciones en las que al estudiar los seis haplogrupos no pudo apreciarse.

Es muy probable que la cercanía entre Araya y Nueva Esparta se deba a los indígenas presentes en cada una de ellas. En tal sentido, la etnia de los Guaiqueríes era la más predominante en Nueva Esparta y se conoce históricamente que los

primeros en poblar la Península de Araya fueron precisamente los Guaiqueríes (Puche, 2006). Por otro lado, Sucre y Monagas presentaron frecuencias casi iguales para los haplogrupos amerindios. Sucre limita al Sur con Monagas y dada la cercanía, pudieron ocurrir flujos migratorios constantes entre ellas, haciendo que su constitución genética sea muy similar.

Como ya se mencionó, Sucre a pesar de presentar un elevado aporte de la fracción amerindia, se haya lejos en cuanto a distancias genéticas (Tabla 8) y en el dendrograma (fig. 16) de algunos grupos indígenas de Venezuela como son los Yukpa, Barí, Guahibos y Makiritares. Esta distancia se debe a la desigual distribución de los haplogrupos de origen amerindio entre ellas. Así por ejemplo, los Barí presentaron frecuencias altas del haplogrupo B y ninguna frecuencia para los haplogrupos C y D y los Makiritare no muestran alguna frecuencia para el C. El único grupo que al igual que Sucre presenta un alto porcentaje del haplogrupo son los Guahibos, pero los mismos también tienen un elevado porcentaje del haplogrupo C y nada para el D. Todo esto evidencia la desigual distribución entre estos grupos indígenas y la población de Sucre, lo cual las distancia a unas de otras.

Los Guahibos y los Makiritare (de filiación lingüística Arawak y Caribe respectivamente), se encuentran ubicados al Sur de Venezuela, en el estado Amazonas; los Yukpa y los Barí (de filiación lingüística Caribe y Chibcha respectivamente) al Norte y Sur de la Sierra de Perijá, cerca de la frontera colombo

venezolana, estas poblaciones se han mantenido relativamente aisladas, por ello, se encuentran prácticamente poco influenciados por otros grupos y con pocas alteraciones en su estructura genética y su cultura, lo que las diferencia de poblaciones como Sucre y Araya, en las cuales sí hubo modificaciones producto de diversos movimientos poblacionales, especialmente durante la Conquista.

Cuando se comparan las distancias genéticas de Sucre y Araya con otras poblaciones de América y el Caribe (tabla 9), se aprecia mayor cercanía entre éstas y las poblaciones de Centro y Norte América, Puerto Rico y Colombia, alejándose de las del Sur del continente, Norte y Sur de Amazonas, Los Andes y Bolivia. Esta agrupación se hace evidente en el dendrograma respectivo (fig. 17). Su relación con las poblaciones del Norte se explica en primera instancia por reportar altas frecuencias para el haplogrupo A que van de un 32 a 77 %.

La distribución en general de los haplogrupos amerindios en Puerto Rico es muy similar a la encontrada en Sucre donde luego del haplogrupo A se encuentran, en orden descendiente, los haplogrupos B, C y D. Fuentes históricas sostienen que a Puerto Rico llegaron numerosos esclavos indígenas provenientes de diversas localidades cercanas, entre ellas, Margarita y las costas de Venezuela, principalmente de los indígenas Caribes del Oriente de Venezuela (Rodríguez-Delfín y col., 1999; Sanoja y Vargas, 1999; Lalueza-Fox y col., 2001), por lo cual sus distancias podrían ser tan cercanas.

Según Sanoja y Vargas (1999), a comienzos del Holoceno (10.000 años a.p.) el nivel del mar se encontraba 100 m bajo el nivel actual, de esta forma,

“...las tierras que todavía se hallaban emergidas alrededor del arco insular que va desde Grenada hasta Borinquen (Puerto Rico) y las Islas Vírgenes y alrededor de Quisqueya (Dominica y Haití), podrían haber quizás establecido una plataforma insular relativamente continua, a través de, o a lo largo de la cual podían transitar los grupos humanos desde el continente hacia el arco insular o viceversa.” (Sanoja y Vargas, 1999:145).

Estos agrupamientos se corresponden con las teorías propuestas para el poblamiento del Sur de América y especialmente de Venezuela. En concreto con la llamada *Teoría de la H*, en la que por un lado el Oriente de Venezuela estaría vinculado con la cuenca Amazónica y las Antillas (trazo derecho de la *H*), y por otro, la posición geoestratégica que ocupa Venezuela (barra central de la *H*) que propició que ocurrieran una serie de interacciones entre las diversas migraciones y las vías de difusión e intercambio cultural interno. El trazo derecho de la *H*, estaría relacionado a la cultura Caribe. Así se tiene, que la expansión de los Caribes comienza desde las Guayanas (Guayana venezolana, Guyana y Guayana francesa) hacia el norte siguiendo las rutas de los principales ríos, hasta llegar al centro del país y las costas del Caribe (Tarble, 1985). Con esto se evidencia una vez más la importancia de los diversos procesos migratorios, en la conformación de la estructura genética de las poblaciones, a través del flujo genético.

El análisis de los resultados demuestra que en la población de Sucre y Araya, el aporte amerindio femenino proviene de la población autóctona que se encontraba en ellas antes de la llegada de los Colonizadores europeos, manteniéndose hasta nuestros días prácticamente en su estado original. A estos haplogrupos, producto del mismo proceso histórico, se le fueron sumando en menor medida, los de origen europeo y africano modificando un poco la frecuencia de los haplogrupos amerindios.

Así mismo, estos resultados que revelan una alta contribución amerindia por vía femenina en la población de Sucre y Araya, se muestran consistentes con la información histórica que señala un patrón de unión preferencial entre hombres europeos y mujeres indígenas, durante el proceso de conquista.

Este estudio representa un valioso aporte para el conocimiento de la conformación, origen y evolución de la población de Sucre y Araya, así como de Venezuela en general. Se convierte en una herramienta para los estudios antropológicos que buscan comprender y estudiar al hombre de una forma integral, vinculando aspectos biológicos, evolutivos, sociales e históricos con técnicas de caracterización genético molecular asociadas a patrones migracionales propios en las poblaciones humanas.

CAPÍTULO VII

CONCLUSIONES

1.- Estudiar los polimorfismos del ADNmt permitió identificar tanto el origen genético de los grupos fundadores, como la proporción de mestizaje en las poblaciones de Sucre y Araya. En tal sentido, se evidencia un importante aporte a la conformación genética de Sucre y Araya por vía femenina de la fracción amerindia (A, B, C y D), siendo éste de 71,43% en Sucre y 86,67% en Araya. Seguido se encontró en Sucre, la fracción europea (H, I, J, K, T, U, V, W y X) con un 15,48 % y por último, la africana (L) con 13,09 %. Mientras que en Araya el restante 13,33 % corresponde al componente europeo, no encontrándose presente el africano (L).

2.- Estos resultados que revelaron una alta contribución amerindia por vía femenina, y conociéndose que por línea masculina el principal aporte es de origen europeo, se muestran consistentes con la información histórica que señala un patrón de unión preferencial entre hombres europeos y mujeres indígenas, durante el proceso de conquista.

3.- Se encontraron diferencias estadísticamente significativas entre Sucre y Araya, que podrían tener su origen en el relativo aislamiento que presenta la Península de Araya debido al difícil acceso por vía terrestre, lo que pudo evitar el

paso de importantes flujos migratorios, manteniéndose estable en su conformación genética original.

4.- Tanto Sucre como Araya presentaron valores relativamente elevados para el índice de diversidad genética, lo que indica la presencia de diferentes haplogrupos con frecuencias no despreciables, en tal sentido, ambas poblaciones resultaron ser bastante heterogéneas. Sin embargo, al compararlos índices de Sucre y Araya hubo diferencias debido a que en la distribución de las frecuencias en Araya, el 80 % de individuos se concentran en los haplogrupos A y D, esto hace que la distribución sea menos diversa que la encontrada en Sucre, y por ello, el índice es menor.

5.- Las distancias genéticas F_{st} y los dendrogramas empleados para la comparación de la distribución de haplogrupos del ADNmt entre Sucre y Araya con otras poblaciones de Venezuela, América y el Caribe, revelaron la gran semejanza existente entre Sucre y Monagas por un lado y por otro, Araya y Nueva Esparta. Además de la cercanía con algunas poblaciones del Caribe (Puerto Rico) y Mesoamérica (México).

6.- La importante cercanía entre Sucre con Monagas, y Araya con Nueva Esparta, responde a la gran semejanza en la distribución de frecuencias que presentaron. Debido a la cercanía geográfica, pudieron ocurrir flujos migratorios

constantes entre ellas (Sucre/ Monagas, Araya/ Nueva Esparta), que hicieron que su constitución genética sea tan similar.

7.- En la comparación únicamente de la fracción de origen amerindio, se evidenció que tanto para Sucre como Araya las más cercanas correspondieron a poblaciones mestizas urbanas (Monagas, Nueva Esparta, Caracas, San Antonio y San Diego) principalmente relacionadas por presentar altas frecuencias para el haplogrupo “A”; y con poblaciones de Centro y Norte América, Puerto Rico y Colombia, alejándose de las etnias indígenas venezolanas (Yukpa, Barí, Guahibo y Makiritare) y de las poblaciones del Sur del continente. En el caso de Araya y Nueva Esparta, los Guaiqueríes eran la etnia más predominante en Nueva Esparta y se conoce históricamente que los primeros en poblar la Península de Araya fueron precisamente los Guaiqueríes, lo que evidentemente las acerca (Puche, 2006; Humboldt, tr. 1985).

8.- La correlación entre los datos obtenidos en la investigación y la información histórica conocida para la población de Sucre y Araya, reafirman la importancia del estudio de marcadores genéticos mitocondriales como complemento informativo sobre el origen étnico/geográfico y la conformación de las poblaciones. Representa un valioso aporte desde la genética molecular para los estudios de Antropología que buscan comprender y estudiar al hombre de una forma *integral*, vinculando aspectos biológicos, evolutivos, sociales e históricos con técnicas de caracterización genético molecular asociadas a patrones migracionales propios en las poblaciones humanas.

BIBLIOGRAFÍA

- ACOSTA LOYO, M. (2002): Caracterización genética y composición étnica de la población de Churuguara, Estado Falcón, mediante los polimorfismos genéticos: ABO, Rh, Vwa, FES/Fps y F13A01. Tesis de pre-grado. Escuela de Antropología. Universidad Central de Venezuela (UCV). Caracas, Venezuela.
- ACOSTA SAIGNES, M. (1984): Vida de los esclavos negros en Venezuela. Vadell Hermanos Editores. Valencia, Venezuela.
- ACOSTA SAIGNES, M. (1978): Vida de los esclavos negros en Venezuela. Vadell Hermanos Editores. Valencia, Venezuela.
- ACOSTA SAIGNES, M. A. (1988a): Las culturas prehispánicas de Venezuela. En: Conocer Venezuela. Historia 1. SALVAT EDITORES VENEZOLANA, S. A., Caracas, Venezuela.
- ACOSTA SAIGNES, M. A. (1988b): Procedencia de los africanos. En: Conocer Venezuela. Historia 2. SALVAT EDITORES VENEZOLANA, S. A., Caracas, Venezuela.
- AMODIO, E. (2000): La vida cotidiana en Cumaná durante el siglo XVIII. Tesis. Escuela de Antropología. Facultad de Ciencias Económicas y Sociales. Caracas, Venezuela.
- ANDERSON, S.; BANKIER, A. T.; BARRELL, B. G.; DE BRUIJN, M. H.; COULSON, A. R.; DROUIN, J.; EPERON, I. C.; NIERLICH, D.P.; ROE, B. A.; SANGER, F.; SCHREIER, P. H.; SMITH, A. J.; STADEN, R.; YOUNG, I. G. (1981): Sequence and DNA organization of human mitochondrial genome. Nature. 290: 457-465 pp.
- ARECHABALETA, G.; MANCERA, A. (1973): Historia de la Antropología Física en Venezuela. División de publicaciones de la Universidad Central de Venezuela (UCV). Caracas, Venezuela.

- ARELLANO, F. (1986): Una introducción a la Venezuela Prehispánica: culturas de las naciones indígenas venezolanas. Universidad Católica Andrés Bello (UCAB). Caracas, Venezuela.
- ARIAS, F. (2004): El proyecto de investigación. Introducción a la metodología científica. Editorial Espisteme. 4ª edición. Caracas, Venezuela.
- ARROYO, E. (2001): Contribución masculina europea-canaria en tres poblaciones venezolanas, inferida a partir de 3 STR del cromosoma Y. Su importancia antropológica. Tesis de pre-grado. Escuela de Antropología. Universidad Central de Venezuela (UCV). Caracas, Venezuela.
- ARSUAGA, J. L.; MARTÍNEZ, I. (1998): La especie elegida: La larga marcha de la evolución humana: Del Proyecto Atapuerca. Ediciones Temas de Hoy, S. A. Madrid, España.
- ARVELO, F. (2002): Mitocondria y apoptosis. Acta Científica Venezolana, 53: 297–306 pp.
- BATISTA DOS SANTOS, S. E.; RODRIGUES, J. D.; RIBEIRO DOS SANTOS, A. K.; ZAGO, M. A. (1999): Differential contribution of indigenous men and women to the formation of urban population in the Amazon region as revealed by mtDNA and YDNA. American Journal of Physical Anthropology. 109: 175-180 pp.
- BERT, F.; CORELLA, A.; GENÉ, M.; PÉREZ-PÉREZ, A.; TURBÓN, D. (2001): Major mitochondrial DNA haplotype heterogeneity in Highland and Lowland Amerindian populations from Bolivia. Human Biology. 73: 1-16 pp.
- BONATTO, S. L.; SALZANO, F. M. (1997a): A single and early migration for the peopling of the Americas supported by mitochondrial DNA sequence data. Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA (PNAS). 94: 1866-1871 pp.
- BONATTO, S. L.; SALZANO, F. M. (1997b): Diversity and age of the four major mtDNA Haplogroups, and their implications for the Peopling of the New World. American Journal of Human Genetics. 61: 1413-1423 pp.

- BRAVI, C. M.; SANS, M.; BAILLIET, G.; MARTÍNEZ, M. V.; PORTAS, M.; BARRETO, I.; BONILLA, C.; BIANCHI, N. O. (1997): Characterization of mitochondrial DNA and Y-chromosome haplotypes in Uruguayan population of African ancestors. Human Biology. 69:641-652 pp.
- BRYAN, A. (1999): El poblamiento originario. Organización de las Naciones Unidas para la educación, la ciencia y la cultura. UNESCO. Trotta, París.
- BUETTNER-JANUSCH, J. (1979): Antropología Física. Editorial Limusa. México D. F., México.
- CANN, R.; STONEKING, M.; WILSON, A.C. (1987): Mitochondrial DNA and human evolution. Nature. 325:31-36 pp.
- CASTRO DE GUERRA, D. (1991): Factores condicionantes de la estructura genética en dos poblaciones negras venezolanas. Tesis de Doctorado. Centro de Estudios Avanzados (CEA), Instituto Venezolano de Investigaciones Científicas (IVIC). Caracas, Venezuela.
- CASTRO DE GUERRA, D. y ZAMBRANO, O. (1997): Los canarios de San Antonio de Los Altos, Edo. Miranda, Venezuela. Aislamiento y uniones matrimoniales entre los años 1900 a 1981. Acta Científica Venezolana. 48: 167-172 pp.
- CASTRO DE GUERRA, D. y ZAMBRANO, O. (2000): Aporte génico español canario en tres poblaciones semiaisladas venezolanas; estimaciones hechas a partir de los sistemas ABO, RH y α -1antitripsina. Revista Española de Antropología Biológica. 21: 111-118 pp.
- CASTRO DE GUERRA, D.; IZAGUIRRE, M.; MARTÍNEZ, H.; RODRÍGUEZ-LARRALDE, A. (2004): Asimetría sexual en los patrones de unión europeo/amerindio y conservación del genoma ancestral en las poblaciones de Caracas. VII Congreso de la Asociación Latinoamericana de Antropología Biológica (ALAB). Caracas, Venezuela.
- CASTRO DE GUERRA, D.; IZAGUIRRE, M.; RODRÍGUEZ-LARRALDE, A. (2005): Origen de los linajes masculino y femenino de la población venezolana. IX Congreso Venezolano de Genética. Caracas, Venezuela.

- CASTRO DE GUERRA, D.; IZAGUIRRE, M.; RODRÍGUEZ-LARRALDE, A. (2006): Heterogeneidad genética y dirección del flujo génico en la población venezolana. IX Congreso de la Asociación Latinoamericana de Antropología Biológica (ALAB). Ouro Preto, Brasil.
- CAVALLI-SFORZA, L. L.; BODMER, W. F. (1981): Genética de las Poblaciones Humanas. Ediciones Omega. Barcelona, España.
- CAVALLI-SFORZA, L. L. (2000): Genes, pueblos y lenguas. Biblioteca de bolsillo. Crítica. Barcelona, España.
- CHEN, Y-S.; TORRONI, A.; EXCOFFIER, L.; SANTACHIARA-BENERECETTI, A. S.; WALLACE, D. C. (1995): Analysis of mtDNA variation in African populations reveals the most ancient of all human continent specific haplogroup. American Journal of Human Genetics. 57: 133-149 pp.
- CORREA, R. (2005): África Occidental o la ruta de la esclavitud. [Artículo en línea] Disponible en:
http://www.caribenet.info/oltre_05_correa_wilson_africa.asp?l=
[Consulta: 2008, Marzo 28].
- CUNILL-GRAU, P. (1987): Geografía del poblamiento de Venezuela en el siglo XIX. Ediciones de la Presidencia de la República. TomoI-III. Caracas, Venezuela.
- DARWIN, C. (2001): El origen de las especies. Edicomunicación, S. A. Barcelona, España.
- DÍAZ UNGRÍA, A. G. (1993): Historia de la Antropología Física en Venezuela. En: Emanuele Amodio (Eds.). Historia de la Antropología en Venezuela. Dirección de Cultura de la Universidad del Zulia (LUZ). Maracaibo, Venezuela.
- EGUIARTE, L. E.; SOUZA, V.; XITLALI, A. E. (Compiladores) (2007): Ecología Molecular. Semanrant, Conabio, Instituto de Ecología. Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM). D. F., México.

- ENTRALA, C. (2000): Técnicas de análisis del ADN en genética forense. Laboratorio de ADN forense, Departamento de Medicina Legal. Universidad de Granada. Granada, España. [Artículo en línea] Disponible en: [http:// www.urg.es/~eianez/Biotecnologia/forensetec.htm](http://www.urg.es/~eianez/Biotecnologia/forensetec.htm) [Consulta: 2006, julio 3].
- FELSENSTEIN, J. (2004): PHYLIP (Phylogeny Inference Package) version 3.6. Distributed by the author. Department of Genomic Sciences, University of Washington, Seattle, WA.
- FIGUERA, C. (2002): Diversidad genética de la población de San Antonio de los Altos, a través de haplogrupos del ADN mitocondrial: Un aislado genético de origen canario en Venezuela. Tesis de pre-grado. Escuela de Antropología. Universidad Central de Venezuela (UCV). Caracas, Venezuela.
- FUNDACION POLAR. (1988): Diccionario de historia de Venezuela. Editorial Ex Libris. Caracas, Venezuela.
- GÓMEZ, J. M. (1981): Historia del Estado Sucre. Ediciones de la Presidencia de la República. Caracas, Venezuela.
- GONZÁLEZ-HALPHEN, D.; PÉREZ, X.; FUNES, S.; REYES, A.; SANTILLÁN, J. L. (2003): La migración de genes de la mitocondria al núcleo y la evolución de los genomas mitocondriales. Mensaje Bioquímico, Vol XXVII. Departamento de Bioquímica, Facultad de Medicina, Universidad Nacional Autónoma de México. [Publicación electrónica] Disponible en: <http://bq.unam.mx/mensajebioquimico>. [Consulta: 2008, Mayo 15].
- GONZÁLEZ, S. (2006): Origen y variabilidad genética de la población actual del Estado Nueva Esparta (Venezuela), estimado a través del análisis de marcadores del cromosoma Y y del ADN mitocondrial. Tesis de pre-grado. Escuela de Antropología. Universidad Central de Venezuela (UCV). Caracas, Venezuela.

- GREEN, L. D.; DERR, J. N.; KNIGHT, A. (2000): mtDNA affinities of the peoples of North-central Mexico. American Journal of Human Genetics. 66: 989-998 pp.
- GRIFFITHS, A. (1998): Introducción al análisis genético. Mc Graw-Hill. Madrid, España.
- GUMILLA, J. (1944): El Orinoco ilustrado: historia natural, civil y geográfica de este gran río. Editorial ABC. Bogotá, Colombia. 2 t.
- HUMBOLDT, A. (1969): Por Tierras de Venezuela. Fundación Eugenio Mendoza. Caracas, Venezuela.
- HUMBOLDT, A. (1985): Viaje a las regiones equinocciales del Nuevo Continente. Hecho en 1799, 1800, 1801, 1802, 1803 y 1804 por A. De Humboldt y A. Bonpland. Traducción de Lisandro Alvarado. Monte Ávila Editores. Tomo II. Caracas, Venezuela.
- INSTITUTO DEL PATRIMONIO CULTURAL (2000): Sucre. Fundapatrimonio Sucre. Cuadernos del Patrimonio Cultural. Serie Inventarios, Venezuela.
- INSTITUTO NACIONAL DE ESTADÍSTICA (INE) (2005): Censo de población y vivienda 2001. Tomo I. Cuadernos Estadísticos. Caracas, Venezuela.
- KELSO, A. J. (1978): Antropología Física. Editorial Bellaterra. Barcelona, España.
- KEYEUX, G.; RODAS, C.; GELVEZ, N.; CARTER, D. (2002): possible migration routs into South America deduced from mitochondrial DNA studies in Colombian Amerindian populations. Human Biology. 74: 211-233 pp.
- KLUG, W. Y CUMMINGS, M. (1999): Conceptos de genética. Prentice Hall Iberia. Madrid, España.
- LAHIRI, D.K. y NURNBERGER, J. L. Jr. (1991): A rapid non-enzymatic method for the preparation of HMW DNA form blood for RFLP studies. Nucleid Acids Research, 19:5444 pp.
- LALUEZA-FOX, C.; LUNA CALDERÓN, F.; CALAFELL, F.; MORERA, B.; BERTRANPETIT, J. (2001): MtDNA from extinct Tainos and the peopling of the Caribbean. Annals of Human Genetics. 65: 137-151.

- LARIO, L. S.; LARIO, S. (2005): El origen de la célula eucariota. Revista de biologia.org. N° 20. [Revista electrónica] Disponible en: <http://www.biologia.org/?pid=5000&id=97&page=0> [Consulta: 2008, Junio 8].
- LEWIS, C. M.; TITO, R. Y.; LIZÁRRAGA, B.; STONE, A. C. (2004): Land, language, and loci: mtDNA in Native Americans and the genetic history of Peru. American Journal of Physical Anthropology. 127: 351-360 pp.
- LODISH, H.; BERK, A.; ZIPURSKY, S. L.; MATSUDAIRA, P.; BALTIMORE, D.; DARNELL, J. (2000): Biología celular y molecular. Editorial Médica Panamericana. Madrid, España.
- LORENTE, A. (2004): Aplicaciones y limitaciones del análisis genético en restos de interés antropológico. En: VIII Congreso de la Asociación Latinoamericana de Antropología Biológica (ALAB) 2004 [CD Room]. Compiladores: Vidal, M; Struck, A. y Castro de Guerra, D. Caracas, Venezuela.
- LORENZ, J. G.; SMITH, D. G. (1996): Distribution of four founding mtDNA haplogroups among Native North Americans. American Journal of Physical Anthropology. 101: 307-323 pp.
- LUQUE, J.; HERRÁEZ, A. (2002): Texto ilustrado de biología molecular e ingeniería genética: Conceptos, técnicas y aplicaciones en ciencias de la salud. Editorial Elsevier Science. Madrid, España.
- MACA-MEYER, N., GONZÁLEZ, A. M., LARRUGA, J. M., FLORES, C.; CABRERA, V. M., (2001): Major genomic mitochondrial lineages delineate early human expansions. BMC Genetics. 2:13
- MARTÍNEZ-CRUZADO, J. C.; TORO-LABRADOR, G.; HO-FUNG, V.; ESTÉVEZ-MONTERO, M.; LOBAINA-MANZANET, A.; PADOVANI-CLAUDIO, D. A.; SÁNCHEZ-CRUZ, H.; ORTIZ-BERMÚDEZ, P.; SÁNCHEZ-CRESPO, A. (2001): Mitochondrial DNA analysis reveals substantial Native American ancestry in Puerto Rico. Human Biology. 73: 491-511 pp.

- MARTÍNEZ-CRUZADO, J. C. (2002): El uso del ADN mitocondrial para descubrir las migraciones precolombinas al Caribe: Resultados para Puerto Rico y expectativas para la República Dominicana. *KACIKE: Revista de la historia y Antropología de los indígenas del Caribe* [Revista electrónica], Edición Especial, Lynne Guitar, redactora. Disponible en: <http://www.kacike.org/MartinezEspanol.html>. [Consulta: 2006, Octubre 24].
- MARTÍNEZ-CRUZADO, J. C.; TORO-LABRADOR, G.; VIERA-VERA, J.; RIVERA-VEGA, M. Y.; STARTEK, J.; LATORRE-ESTEVEZ, M.; ROMÁN-COLÓN, A.; RIVERA-TORRES, R.; NAVARRO-MILLÁN, I.; GÓMEZ-SÁNCHEZ, E.; CARO-GONZÁLEZ, H.; VALENCIA-RIVERA, P. (2005): Reconstructing the population history of Puerto Rico by means of mtDNA phylogeographic análisis. *American Journal of Physical Anthropology*. 128: 131-155 pp.
- MARTÍNEZ MARINAC, V. L.; BERTONI, B.; PARRA, E. J.; BIANCHI, N. O. (2004): Characterization of admixture in a urban sample from Buenos Aires, Argentina, using uniparentally and biparentally inherited genetic markers. *Human Biology*. 76: 543-557 pp.
- MELLAFE, R. (1964): *La esclavitud en Hispanoamérica*. Editorial Universitaria de Buenos Aires (EUDEBA). Buenos Aires, Argentina.
- MESA, N.; MONDRAGO, M.; SOTO, I.; PARRA, M.; DUQUE, C.; ORTÍZ-BARRIENTOS, D.; GARCÍA, L.; VELEZ, I.; BRAVO, M.; MÚNERA, J.; BEDOYA, G.; BORTOLINI, M.; RUIZ-LINARES, A. (2000): Autosomal, mtDNA, and Y-Chromosome Diversity in Amerinds: Pre- and Post-Columbian Patterns of Gene Flow in South America. *American Journal of Human Genetics*. 67:1277–1286.
- MÖRNER, M (1999): *La corona española y los foráneos en los pueblos de indios de América*. 2 ed. Cultura Hispánica. Agencia Española de Cooperación Internacional. Madrid, España.

- MOSONYI, E. E., (1988): Población indígena actual de Venezuela. En: Conocer Venezuela. Historia 2. SALVAT EDITORES VENEZOLANA, S. A., Caracas, Venezuela.
- NEI, M.; TAJIMA, F.; TATEMO, Y. (1983): Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data. Journal of Molecular Evolution. 19: 153-170 pp.
- OJER, P. (1966): La Formación del Oriente Venezolano. Universidad Católica Andrés Bello. Instituto de Investigaciones Históricas. Caracas, Venezuela.
- PARDO, G. (2003): Consideraciones generales sobre algunas de las teorías del envejecimiento. Revista Cubana de Investigaciones Biomédicas. Vol. 22, N° 1. [Artículo en línea] Disponible en:
http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0864-03002003000100008&lng=es&nrm=iso>. ISSN 0 864-0300.
[Consulta: 2008, Mayo 28].
- PÉREZ, L. (1998): Paria hoy o Ayer. Ediciones del Rectorado. Dirección de la Biblioteca Central de Venezuela. Universidad Central de Venezuela. Caracas.
- PLUMMER, D. T.; BARRERA, L. A.; CORREDOR, C. (1982): Bioquímica práctica. Mc Graw-Hill Latinoamericana, S.A. Bogotá, Colombia.
- POLLAK- ELTZ, A. (1976): Procedencia de los esclavos negros traídos a Venezuela. En: Vestigios africanos en la cultura del pueblo Venezolano. Caracas: Universidad Católica Andrés Bello, Instituto de investigaciones Históricas, 1972. p. 23 – 32.
- POLLAK-ELTZ, A. (1991): La negritud en Venezuela. Cuadernos Lagoven. Serie Milenio. Caracas, Venezuela.
- PRIETO, L. (2002): Estudio de polimorfismos de ADN en restos humanos antiguos y muestras forenses críticas: valoración de estrategias y resultados. Tesis de Doctorado. Universidad Complutense de Madrid. Facultad de Ciencias Biológicas. Departamento de Antropología. Madrid, España.
- PUCHE, A. (2006): Sal de Araya con sabor a pueblo oriental. Diario El Tiempo, Agosto 29, 2006 [Artículo en línea] Disponible en:
<http://www.burodevenezuela.com/newspub/story.cfm?ID=22592>

[Consulta: 2008, Octubre 04].

QUERO, C. L. (2006): Determinación de los haplogrupos fundadores del Estado Monagas. Tesis de pre-grado. Escuela de Antropología. Universidad Central de Venezuela (UCV). Caracas, Venezuela.

RIBEIRO DOS SANTOS, A. K.; PEREIRA, J. M.; LOBATO, M. R.; CARVALHO, B. M.; GUERREIRO, J. F.; BATISTA DOS SANTOS, S. E. (2002): Dissimilarities in the process of formation of Curiaú, a semi-isolated Afro-Brazilian population of the Amazon region. American Journal of Human Biology. 14: 440-447 pp.

RODRÍGUEZ-DELFÍN, L. A.; RUBIN-DE-CELIS, V. E.; ZAGO, M. A. (2001): Genetic diversity in an Andean population from Peru and regional migration patterns of Amerindians in South America: Data from Y chromosome and mitochondrial DNA. Human Heredity. 51: 97-106 pp.

RODRÍGUEZ, I. P.; BARRERA, H. A. (2004): La reacción en cadena de la polimerasa a dos décadas de su invención. Revista de difusión científica y tecnológica de la Universidad Autónoma de Nuevo León (UANL). [Revista en línea] Disponible en:

http://www.cienciauanl.uanl.mx/7-3/art_cadena.pdf

[Consulta: 2007, Noviembre 12].

RODRÍGUEZ-LARRALDE, A.; CASTRO DE GUERRA, D.; GONZÁLEZ-COIRA, M.; MORALES, J. (2001): Frecuencia génica y porcentaje de mezcla en diferentes áreas geográficas de Venezuela, de acuerdo a los grupos RH y ABO. Interciencia. 26: 8-12 pp.

SAITOU, N; NEI, M. (1987): The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. Molecular Biology and Evolution. 4:406pp.

SÁNCHEZ, P. (2002): Glosario de astronomía de los Caribe de Venezuela. KACIKE: Journal of Caribbean Amerindian History and Anthropology, ISSN 1562-5028. [Artículo en línea] Disponible en:

<http://www.kacike.org/DomingoSanchez.pdf>

[Consulta: 2008, Julio 14].

- SANOJA, M.; VARGAS, I. (1974): Antiguas formaciones y modos de producción venezolanos. Notas para el estudio de los procesos de integración de la sociedad venezolana 12.000 A.C.-1.900 D.C. Monte Ávila Editores. Caracas, Venezuela.
- SANOJA, M.; VARGAS, I. (1992): La Huella Asiática en el Poblamiento de Venezuela. Cuadernos Lagoven. Serie Medio Milenio. Caracas, Venezuela.
- SANOJA, M.; VARGAS, I. (1999): Orígenes de Venezuela. Fundación V Centenario de Venezuela. Caracas, Venezuela.
- SCHNEIDER, S.; ROESSLI, D.; EXCOFFIER, L. (2000): ARLEQUÍN Software version 2000: A Software for population genetic data analysis. [Artículo en línea] Disponible en: <http://anthro.unige.ch/arlequin/> [Consulta: 2008, Enero 16].
- SCHURR, T. G. (2000): Mitochondrial DNA and the peopling of the New World. American Scientist. 88: 246-253 pp.
- SCHURR, T. G. (2002): A molecular anthropological perspective on the peopling of the Americas. Athena Review. 3: 62-107 pp.
- TARBLE, K. (1985): Un nuevo modelo de expansión Caribe para la época prehispánica. Antropológica. 63-64: 45-81
- TORO-LABRADOR, G.; WEVER, O.; MARTÍNEZ-CRUZADO, J. C. (2003): Mitochondrial DNA analysis in Aruba: strong maternal ancestry of closely related Amerindians and implications for the peopling of Northwestern Venezuela. Caribbean Journal of Science. 39: 11-22 pp.
- TORRONI, A.; SCHURR, T.H.; CABELL, M.; BROWN, M.; NEEL, J.; LARSEN, M.; SNITH, D.; VULLO, C.; WALLACE, D. C. (1993): Asian affinities and continental radiation of the four founding Native American mtDNAs. American Journal of Human Genetics. 53:563-590 pp.
- TORRONI, A.; BROWN, M. D.; LOTT, M. T.; NEWMAN, N. J.; WALLACE, D. C. (1995): African, Native American and European mitochondrial DNA's in

Cubans from Pinar del Río Province and implications for the recent epidemic Neuropathy in Cuba. Human Mutation. 5: 310-317 pp.

TORRONI, A.; HUOPONEN, K.; FRANICALACCI, P.; PETROZZI, M.; MORELLI, L.; SCORZZARI, R.; OBINU, D.; SAVONTAUS, M-L.; WALLACE, D.; (1996): Classification of European mtDNAs from an analysis of three European population. Genetics. 144: 1835-1850 pp.

TROCONIS, E. (1969): Documentos para el estudio de los esclavos negros en Venezuela. Fuentes para la Historia Colonial de Venezuela. Biblioteca de la Academia Nacional de Historia. Caracas, Venezuela

VIDAL, M. (2003): Variabilidad genética en dos poblaciones del estado Falcón-Venezuela, estimada a través del análisis combinado de haplogrupos y haplotipos del cromosoma Y y su relación con indicadores de la estructura poblacional. Tesis de pre-grado. Escuela de Antropología. Universidad Central de Venezuela (UCV). Caracas, Venezuela.

VILA, M. A. (1965): Aspectos geográficos del Estado Sucre. Monografías Económicas Estadales. Corporación Venezolana de Fomento. Caracas, Venezuela.

VÍVENES, M.; CAMPOS, M.; RODRIGUEZ-LARRALDE, A.; CASTRO DE GUERRA, D. (2003): Estimación de mezcla en los estados Sucre, Monagas y Nueva Esparta en base a los grupos sanguíneos ABO y RH. LIII Convención Anual de la Asociación Venezolana para el Avance de las Ciencias (ASOVAC). Maracaibo, Venezuela.

VÍVENES, M.; RODRIGUEZ-LARRALDE, A.; CASTRO DE GUERRA, D. (2004): Estimación de mezcla en base a grupos sanguíneos (ABO, Rh) y 3 marcadores tipo STR en la Región Oriental de Venezuela. VII Congreso de la Asociación Latinoamericana de Antropología Biológica (ALAB). Caracas, Venezuela

VÍVENES, M.; RODRÍGUEZ-LARRALDE, A.; GUERRERO, B.; CASTRO, D. (2008): Ethnic/geographic variation of the Val34Leu polymorphism of coagulation Factor XIII and its distribution in American admixed populations. *The Internet Journal of Biological Anthropology* 2:1.
www.ispub.com/ostia/index.php.

VONA, G.; FALCHI, A.; MORAL, P.; CALÓ, C. L.; VARESI, L. (2005): Mitochondrial sequence variation in the Guahibo Amerindian population from Venezuela. *American Journal of Physical Anthropology*. 127: 361-369 pp.

WALLACE, D.; BROWN, M. D.; LOTT, M. T. (1999): Mitochondrial DNA variation in human evolution and disease. *Gene*. 238:211-230 pp.

ZAMBRANO, O. (1999): Estudio de la estructura genética de Hoyo de la Cumbre: un pueblo del Ávila. Tesis de pre-grado. Escuela de Antropología. Universidad Central de Venezuela (UCV). Caracas, Venezuela.

ZAMBRANO, O. (2003): Haplogrupos de herencia matrilineal en indígenas de filiación lingüística Caribe y Chibcha de la Región Nor-occidental de Venezuela. Tesis de Maestría. Centro de Estudios Avanzados (CEA). Instituto Venezolano de Investigaciones Científicas (IVIC). Caracas, Venezuela.

Páginas Web: <http://www.mipunto.com/venezuelavirtual>
<http://www.a-venezuela.com/.../html/estados/sucre.html>
<http://www.cumanaweb.com/historia.htm>
http://www.freehomepage.com/biblo/antro/y_chromosome_y_mtdna
<http://www.sciencephoto.com>
<http://www.edominguezlobato.org>
<http://www.fpolar.org.ve>

ANEXO 1

MÉTODO DE EXTRACCIÓN SALINO, PROPUESTO POR DE LAHIRI Y NURNBERGER (1991) CON ALGUNAS MODIFICACIONES REALIZADAS POR EL LABORATORIO DE GENÉTICA HUMANA DEL IVIC.

1. Se toman 2.5 ml de sangre con anticoagulante y se agrega 2.5 ml de reactivo TKM1 (10mM Tris/HCL pH.7.6; 10 mM KCL, 10mM MgCL², 2mM EDTA) y 150µl de Nonidet ® P-40 (Sigma), *usando 30 µl por cada ml de sangre original*. Luego se agita fuertemente en un vortex y se centrifuga a 2500 rpm por un tiempo de 15 minutos y se descarta el sobrenadante.
2. El precipitado se lava con 2.5 ml de TKM1, *igual volumen que el de sangre original*, tantas veces como fuese necesario (3 veces), hasta eliminar la hemoglobina.
3. Se resuspende el precipitado con 400 µl del reactivo TKM2 (10mM Tris/HCL pH.7.6; 10 mM KCL, 10mM MgCL², 2mM EDTA, 0.4 M NaCL), *usar 160 µl de TKM2 por cada ml de sangre original*, agitar fuertemente en un vortex.
4. Transferir el precipitado con una pipeta Pasteur a un vial Eppendorf de 1.5 ml que contenga 27.5 µl de SDS al 10% (Sodio Dodecil Sulfato), *usar 1 µl por cada ml de sangre original*, agitar suavemente en un vortex.
5. Se incuba a 60° por un lapso de tiempo de 10 minutos, se deja enfriar a temperatura ambiente y se agregan 150 µl de NaCL 3.5 M para precipitar las proteínas, *usar 60 µl de la solución por cada ml de sangre original*, agitar suavemente en un vortex y centrifugar a 12000 rpm por 5 minutos.

6. El sobrenadante se transfiere a dos tubos que contengan 1 ml de isopropanol o alcohol absoluto frío y se mezcla suavemente por inversión hasta que aparezca la malla de ADN.
7. Las mallas de ADN son capturadas y transferidas con una pipeta pasteur a dos viales Eppendorf de 1.5 ml que contengan 1 ml de etanol al 100 % (en el protocolo original el vial contiene etanol al 70% y no al 100%, pero de esa manera las mallas se hidratan y son más difíciles de disolver), se guarda a temperatura ambiente hasta el momento del uso.
8. Antes de usar el ADN se centrifuga en una microcentrífuga a 12000 rpm por 5 minutos, se elimina el etanol completamente. Se deja secar a temperatura ambiente para que se evapore el etanol. Al estar seca la malla puede ser resuspendida en 200 µl de buffer de lectura (Tris/HCL 10mM con 1mM de EDTA; ph.8.0). Este volumen puede variar de acuerdo a la malla obtenida. Luego se coloca en baño de maría a 65°C por 10 minutos para disolver el ADN.

ANEXO 2

TÉCNICAS DE BIOLOGÍA MOLECULAR APLICADAS EN ESTE TRABAJO DE INVESTIGACIÓN

A continuación se describen en detalle las técnicas de laboratorio tomadas de la Biología molecular que fueron empleadas para el análisis del ADNmt en esta investigación.

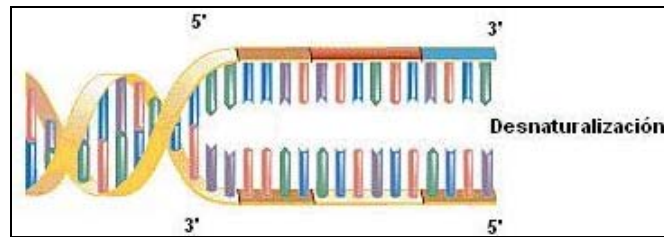
1.- Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR)

La Reacción en Cadena de la Polimerasa, conocida por sus siglas en inglés como PCR es una técnica de la biología molecular de ADN *in vitro*, descubierta por Kary Mullis en 1986, que permite amplificar segmentos directos de ADN específicos sin clonación celular a partir de cantidades infinitesimalmente pequeñas (Klug y Cummings, 1999; Rodríguez y col., 2004).

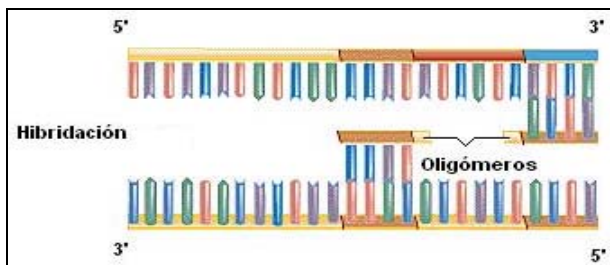
Esta técnica copia la forma natural en la que se replica el ADN en el interior de cada célula. Se divide en tres pasos fundamentales: la desnaturalización, la hibridación y por último, la elongación o replicación (Klug y Cummings, 1999; Luque y Herráez, 2000).

Cada etapa de la PCR debe adaptarse experimentalmente a las características del fragmento de ADN a amplificar, de los cebadores y de las enzimas de la reacción. A continuación se explica el principio general de cada uno de los pasos fundamentales de la PCR (op cit):

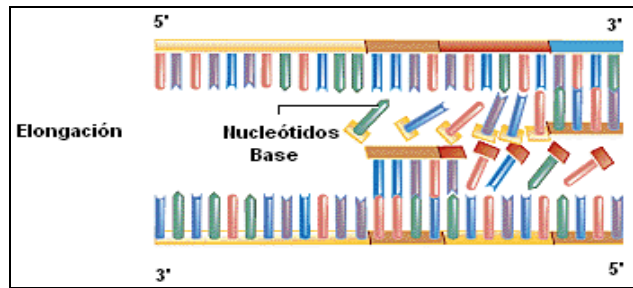
1. **Desnaturalización:** el ADN que se quiere amplificar se desnaturaliza en cadenas sencillas por calor (90°C). Se debe mantener esta temperatura por cinco minutos aproximadamente (fig. 5).



2. **Hibridación:** a esta fase se le conoce como emparejamiento. Luego de la desnaturalización del ADN se procede a disminuir la temperatura hasta llegar a un punto entre los 40°C y 60°C para conseguir que los *cebadores* u *oligonucleótidos* empleados se unan a las secuencias flanqueantes del segmento que se desea amplificar. Para que se dé esta hibridación los *cebadores* deben ser complementarios a las secuencias flanqueantes, por esto es necesario conocer la constitución de nucleótidos. La necesidad de utilizar *cebadores* es que la enzima encargada de la elongación de la cadena de ADN requiere de un extremo 3'-OH libre para poder agregar los nucleótidos.



3. **Elongación o replicación:** se coloca una ADN *polimerasa* resistente al calor, conocida como *Taq Polimerasa*, ella extiende los cebadores en la dirección 5'-3' guiándose por el ADN de la cadena sencilla unida al cebador. La temperatura debe estar entre los 72°C y 75°C para que la *Taq Polimerasa* logre alcanzar su máxima actividad.



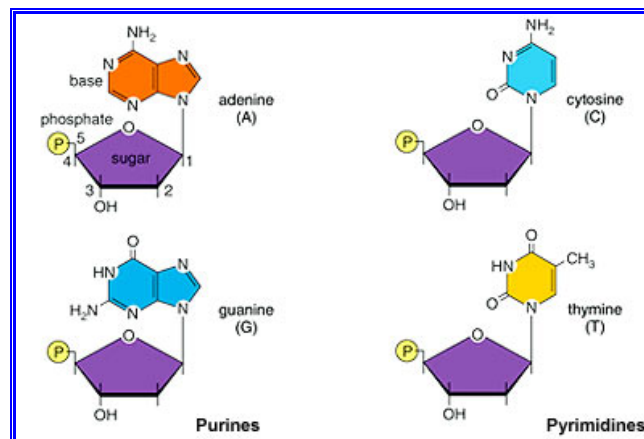
A estos tres pasos se les conoce como *ciclo* y deben completarse entre 25 a 35 de estos ciclos para lograr un alto número de copias (en teoría 30 de estos ciclos producirán cerca de mil millones de copias y la cantidad debe determinarse de forma empírica) (Klug y Cummings, 1999; Luque y Herráez, 2000; Prieto, 2002 y Rodríguez y col., 2004). En la actualidad todo esto se lleva a cabo en un aparato denominado *termociclador*. Este es un aparato que posee un termostato que permite realizar rápidamente los cambios de temperatura en los momentos necesarios, así como la cantidad de ciclos deseados; y en su interior son colocadas las muestras a amplificar.

Componentes de la PCR

Para llevar a cabo la amplificación del ADN es necesario colocar dentro de unos tubos especiales (que transmitan rápidamente los cambios de temperatura) una serie de elementos, sin los cuales no sería posible la misma. Estos son (Entrala, 2000; Prieto, 2002 y Rodríguez y col., 2004):

- ⊕ **ADN molde:** es el ADN que se desea amplificar y que la Taq polimerasa utilizará como modelo para las nuevas cadenas polinucleotídicas.
- ⊕ **Solución amortiguadora:** por lo general se utiliza Tris-HCl (pH 8.4), KCl y $MgCl_2$.

- ⊕ **Magnesio:** generalmente se añade como $MgCl_2$ y es indispensable para la reacción, pues actúa como cofactor de la enzima Taq polimerasa. Forma complejos solubles con los dNTPs (nucleótidos) para producir un sustrato reconocible por la polimerasa. Es necesaria una concentración óptima de magnesio (que puede variar entre 0,5 mM y 2.5 mM), ya que, bajas concentraciones se traducen en un bajo rendimiento y por el contrario, altas concentraciones ocasionan amplificaciones inespecíficas.
- ⊕ **Desoxinucleótidos trifosfatos (dNTPs):** son los nucleótidos sueltos (dATP, dTTP, dCTP y dGTP) que formarán las nuevas cadenas de ADN. La cantidad a utilizar de cada uno, dependerá de la longitud que posea el fragmento a amplificar procurando siempre, mantener la misma concentración de cada uno al final para evitar errores al momento de copiar. La concentración de los dNTPs va directamente relacionada con la del magnesio, ya que los mismos, pueden capturar iones de magnesio disminuyendo así la concentración de éste; lo aconsejable es que la concentración del magnesio sea 0,5 a 1 mM mayor a la de los dNTPs.



Bases nitrogenadas. Son de cuatro tipos diferentes; dos *purinas* (con estructura en doble anillo): la adenina (A) y la guanina (G); las otras dos son *pirimidinas* (con estructura en anillo simple): la citosina (C) y la timina (T). Siempre se aparean una purina con una pirimidina.

- ⊕ **Cebadores:** indican la zona correcta a multiplicar, son diseñados para ser complementarios a la cadena de ADN molde. Ellos aportan un extremo 3'-OH libre, a través del cual la polimerasa comienza a trabajar. La longitud recomendada está entre 18 y 30 nucleótidos (a mayor longitud; mayor especificidad); la relación entre las bases púricas y las pirimidínicas debe ser de 1:1, y la concentración recomendada debe estar entre 0,5 y 1.5 μM .
- ⊕ **Enzima TAQ- polimerasa:** termoestable; aislada de la bacteria termófila *Thermus aquaticus* (de la que proviene el nombre *Taq*). Esta enzima puede soportar las elevadas temperaturas necesarias para el proceso de amplificación, manteniendo su actividad estable. Existen otras enzimas capaces de actuar a elevadas temperaturas, sin embargo, la *Taq* es la de uso más común. Posee una sola cadena polipeptídica con un peso molecular de 95 kDa y una actividad exonucleasa 5'→3'.

2.- Digestión con enzimas de restricción

En la década de 1970, ocurren una serie de descubrimientos tecnológicos que entrañaron avances significativos en el campo de la biología molecular. A dichos avances se les conoce con el nombre de *tecnologías del ADN recombinante*, cuya principal función consiste en la manipulación de macromoléculas, especialmente del ADN. El descubrimiento de dos tipos de enzimas forman parte importante de estos avances. Por un lado, se hayan las *enzimas de restricción* y por el otro, las llamadas *ADN ligasas*, el uso de ambos tipos de enzimas permitió la clonación del ADN, muy usada en la actualidad (Klug y Cummings, 1999, Lodish y col., 2002).

Las enzimas de restricción fueron descubiertas en el año 1975 por los microbiólogos Daniel Nathans y Werner Arber, y el médico Hamilton O. Smith, lo

que les valió el Premio Nóbel de Fisiología o Medicina en el año de 1978 (Klug y Cummings, 1999).

Estas enzimas son propias de distintas bacterias y su función es digerir o cortar selectivamente el ADN en secuencias específicas (entre 4 y 8 pares de base) a las que se les conoce como *sitios de restricción o de reconocimiento*, de allí su gran importancia para la ciencia. Los sitios de restricción son palindrómicos, es decir, que pueden ser leídos en ambas direcciones ($5' \rightarrow 3'$). Estas enzimas también son conocidas como *endonucleasas de restricción*, ya que, cortan el ADN dentro de la molécula, a diferencia de las exonucleasa que cortan el ADN a partir de un extremo (Klug y Cummings, 1999, Lodish y col., 2002).

Las enzimas o endonucleasas de restricción, actúan dentro de las bacterias como un mecanismo de defensa contra el ADN extraño, realizando escisiones en los sitios de restricción del ADN, degradando el ácido nucleico del invasor para prevenir así infecciones víricas (*ibidem*).

El nombre de las enzimas proviene de la abreviatura de las cepas bacterianas en las que fueron descubiertas y aisladas, tomando 3 letras de su nombre científico, seguidas de un número romano que indica la prioridad del descubrimiento, en caso de haberse aislado más de una endonucleasa de la misma cepa (*ibidem*). En la tabla 4, se muestra la nomenclatura de las enzimas utilizadas en esta investigación.

3.- Electroforesis, PAGE (electroforesis en gel de poliacrilamida).

Para verificar y analizar los fragmentos obtenidos según su tamaño y peso molecular, tanto del producto de PCR como de la digestión enzimática, se emplea la técnica denominada *Electroforesis en geles de poliacrilamida (PAGE)*.

Esta técnica permite determinar el tamaño y peso molecular de los fragmentos de ADN y mide su patrón de movilidad electroforética, es decir, el desplazamiento o tasa de migración de moléculas cargadas eléctricamente en un medio de líquido (amortiguador) con un pH diferente al de ellas, cuando se le es aplicado un campo eléctrico al mismo. Las moléculas más pequeñas presentan una mayor migración a través del gel que las grandes. Con lo cual, esta técnica permite la separación del ADN en función del tamaño que posea el fragmento (Klug y Cummings, 1999; Plummer, 1981).

Para conocer el tamaño de los fragmentos corridos es necesario colocar en uno de los carriles un *patrón* de pares de base de ADN, esto es, un conjunto de fragmentos marcados que tienen tamaños conocidos y son usados como referencia (ibidem).

Para la electroforesis se emplearon geles de poliacrilamida al 8% de estructura porosa. El tamaño del poro depende de las proporciones de acrilamida y bisacrilamida en la mezcla de polimerización (diámetro estimado 0,6 a 4mm) (Wildmer, 2000). Así se consigue el ordenamiento de los fragmentos de acuerdo a su tamaño en un patrón de bandas o huella característica de cada organismo.

Preparación del gel de poliacrilamida

- ✚ Se tomaron dos vidrios (14cm x 16cm) previamente lavados con alcohol. Entre ellos se colocaron tres separadores de 0,8mm de espesor, dos a los lados y uno en la parte inferior. A los separadores laterales se les untó un poco de vaselina por los lados que dan hacia fuera. Los vidrios fueron sujetos a los lados con ganchos.
- ✚ Luego se preparó la solución para un gel al 8%: 12,6ml de acrilamida-bisacrilamida (29:1) al 12%; 6,4ml de amortiguador tris acetato de pH 8,1 (Tris 0,045 M, EDTA 1 mM); 160 µl de persulfato de amonio al 10%

(volumen variable de acuerdo a la hidratación del persulfato) y 10 µl de TEMED, todo esto para un volumen total de 19 ml de solución.

- ✚ De inmediato, se dispensó la solución dentro de los vidrios previamente unidos, tratando de mantener un flujo constante para evitar la formación de burbujas, ya que las mismas interfieren en la corrida. En la parte superior se introdujo un peine que marcó en el gel los 23 pozos donde fueron colocadas las muestras. Se esperaron 30 minutos aproximadamente hasta que polimerice.

Corrida electroforética

Luego de gelificado, el gel se llevó a una cámara de electroforesis. La misma contiene bandejas en la parte superior e inferior con los electrodos negativo y positivo respectivamente. Estas se mantienen en contacto constante con el gel y al conectar la cámara a una fuente de poder permiten un flujo de corriente continuo lo que produce la migración de las muestras. Para mantener la conexión constante entre ambos polos (+ y -) se debe colocar en ambas bandejas una cantidad suficiente de amortiguador, que en esta investigación fue el tris acetato (Tris 0,045 M, EDTA 1 mM). (TAE) con pH 8,1.

Seguidamente se colocaron las muestras de ADN en los pozos dejados por el peine. Las muestras se prepararon con 2 µl de colorante azul de bromuro y 2 µl de ADN en el caso del producto de PCR; y 3 µl de colorante y 7,5 µl de ADN en el resultante de la digestión. Así mismo, se colocó en un pozo un patrón de ADN de base molecular conocida, de nombre pBR -322 digerido por *MspI* de consumo comercial (a partir del cual se pudo estimar el tamaño de las diferentes bandas, consideradas como alelos).

La fuente eléctrica se colocó a un amperaje constante de 20 miliampers y el voltaje que correspondía para este amperaje no excedió los 150 Voltios. Se mantuvo

la corrida electroforética hasta que el colorante migró unos 6 ó 7 cm. aproximadamente. Pasado este tiempo se retiró el gel de la cámara y de los vidrios, se colocó en una bandeja y se prosiguió con el revelado.

Revelado del gel

Se llevó a cabo a través de los siguientes pasos:

- ✦ Fase de fijación: se impregnó el gel por un tiempo aproximado de 10 minutos con 50ml de una solución fijadora (110ml de etanol técnico al 10%, 5ml de ácido glacial al 0,5%, se completa el volumen a 1000ml con H₂O desionizada). Transcurrido dicho tiempo se procedió a lavar el gel con H₂O desionizada.
- ✦ Fase de tinción: se sumergió el gel en 50ml de nitrato de plata (0,3 gr. de AgNO₃, se completa el volumen a 1000ml con H₂O desionizada) por 10 minutos, variando dicho tiempo en razón de cuantas veces se haya usado el AgNO₃. Igualmente al finalizar el tiempo se lavó con H₂O desionizada.
- ✦ Fase de revelado: por último, se le colocó al gel 50ml de solución preparada con hidróxido de sodio (15 gr. de NaOH, se completa el volumen a 1000ml con H₂O desionizada) y formaldehído (al 0,4 %) durante 10 minutos, o hasta obtener las bandas con cierta nitidez, sobre una lámpara de luz blanca. Luego de esto se lavó el gel con H₂O común las veces necesarias para eliminar completamente dicha solución.

ANEXO 3
COMPARACIÓN DE FRECUENCIAS DE ADNMT ENTRE SUCRE Y
ARAYA CON OTRAS POBLACIONES DE VENEZUELA, AMÉRICA Y EL
CARIBE EN BASE A SEIS HAPLOGRUPOS

Población	Nº	Haplogrupos						Referencia
		L	H,I,J,K, T, U, V, W y X	A	B	C	D	
Sucre	84	0,1309	0,1428	0,4048	0,1667	0,1072	0,0357	Tesis Katherine
Península de Araya	15	0,0000	0,1334	0,5333	0,0000	0,0667	0,2666	Tesis Katherine
Monagas	41	0,0200	0,2000	0,4600	0,1700	0,1000	0,0500	Tesis Clarisa
Nueva Esparta	50	0,0800	0,0800	0,4800	0,0600	0,1000	0,2000	Tesis Suan
Caracas 1 (Estrato Alto)	51	0,0392	0,5294	0,2353	0,0196	0,1176	0,0588	Castro de Guerra y col. (2004) VII ALAB
Caracas 2 (Estrato Bajo)	50	0,0800	0,3400	0,3800	0,0200	0,1400	0,0400	Castro de Guerra y col. (2004) VII ALAB
Hoyo de la Cumbre	42	0,0714	0,9048	0,0238	0,0000	0,0000	0,0000	Castro de Guerra y col. (2005) IX Congreso Vzln Genet
San Antonio de los Altos	58	0,1379	0,7069	0,0690	0,0172	0,0345	0,0345	Castro de Guerra y col. (2005) IX Congreso Vzln Genet
San Diego de los Altos	24	0,1250	0,5000	0,2917	0,0417	0,0417	0,0000	Castro de Guerra y col. (2005) IX Congreso Vzln Genet
Argentina (La Plata)	71	0,0141	0,4366	0,0986	0,1408	0,1690	0,1408	Martínez Marignac y col. (2004) Hum Biol 76:543-557
Cuba (Pinar del Río)	134	0,4627	0,5000	0,0075	0,0224	0,0000	0,0075	Torroni y col. (1995) Am J Hum Genet 53:563-590
Puerto Rico 1	800	0,2637	0,1250	0,3187	0,2188	0,0525	0,0213	Martínez -Cruzado y col. (2005) Am J Phys Anthropol 128:131-155
Brasil 1 (Belém)	155	0,0258	0,3871	0,2194	0,1161	0,1871	0,0645	Batista dos Santos y col. (1999) Am J Phy Anthropol 109:175-180
Brasil 2 (Cariáú)	45	0,5333	0,0000	0,4440	0,1333	0,1333	0,1556	Ribeiro dos Santos y col. (2002) Am J Hum Biol 14:440-447
Uruguay (Melo)	38	0,5263	0,1316	0,1053	0,1316	0,1053	0,0000	Bravi y col. (1997) Hum Biol 69:641-652
México (Juárez y Ojiganaga)	221	0,0452	0,0543	0,3394	0,2670	0,2353	0,0588	Grenn y col. (2000) Am J Hum Genet 66:989-998
Perú (Pasco y Lima)	52	0,0192	0,0385	0,0385	0,5385	0,1731	0,1923	Rodríguez-Delfín y col. (2001) Hum Here 51:97-106
Aruba (Oranjestad)	16	0,1875	0,0000	0,0625	0,0625	0,1250	0,5625	Toro-Labrador y col. (2003) Carib J Scie 39:11-22

ANEXO 4

COMPARACIÓN DE FRECUENCIAS DE ADNMT ENTRE SUCRE Y ARAYA CON OTRAS POBLACIONES DE VENEZUELA, AMÉRICA Y EL CARIBE EN BASE A CUATRO HAPLOGRUPOS

<i>Poblacion</i>	<i>Muestra</i>	<i>Frecuencia Haplogrupos</i>			
		A	B	C	D
Sucre	61	0,5574	0,2459	0,1475	0,0492
Península de Araya	13	0,6154	0,0000	0,0769	0,3077
Monagas	32	0,5937	0,2187	0,1250	0,0625
Nueva Esparta	42	0,5714	0,0714	0,1190	0,2381
Caracas 1 (Estrato Alto)	22	0,5455	0,0455	0,2727	0,1364
Caracas 2 (Estrato Bajo)	29	0,6552	0,0345	0,2414	0,0690
San Diego de los Altos	9	0,7778	0,1111	0,1111	0,0000
San Antonio de los Altos	9	0,4444	0,1111	0,2222	0,2222
Yukpa	34	0,2941	0,5882	0,0882	0,0294
Barí	40	0,0500	0,9500	0,0000	0,0000
Guahibos	59	0,4746	0,0339	0,4915	0,0000
Makiritare	10	0,2000	0,6000	0,0000	0,2000
Cuba (Pinar del Río)	5	0,2000	0,6000	0,0000	0,2000
Puerto Rico 1	489	0,5215	0,3579	0,0859	0,0348
Puerto Rico 2	25	0,5200	0,0400	0,4400	0,0000
Aruba (Oranjestad)	13	0,0769	0,0769	0,1538	0,6923
Norte de América	779	0,4442	0,3209	0,1682	0,0668
Sur de Amazonas	374	0,5053	0,2995	0,1604	0,0348
Colombia (nativos)	660	0,3227	0,3152	0,2939	0,0682
Andes	240	0,0708	0,6333	0,1333	0,1625
Bolivia (nativos)	227	0,2247	0,5330	0,2115	0,0308