

# **Dinámica del Poblamiento de las Comunidades Garífunas de la Costa Atlántica Hondureña Determinada Mediante el Análisis de los Apellidos más Frecuentes**

**Edwin Francisco Herrera Paz**

**Filiación: Universidad Católica de Honduras, Campus San Pedro y San Pablo, San Pedro Sula, Honduras.**

## **RESUMEN**

Los apellidos y sus frecuencias en un determinado territorio son utilizados con frecuencia para determinar la estructura genética y la dinámica de las poblaciones humanas, ya que se heredan patrilinealmente de manera similar a los marcadores hemiciotos del cromosoma Y. En el presente estudio se calculó las frecuencias de los apellidos en 26 comunidades habitadas por la etnia Garífuna ubicadas en la costa atlántica de Honduras utilizando como fuente los datos del Tribunal Supremo Electoral de Honduras. Se estimó la distancia genética de Slatkin entre pares de comunidades a partir de las proporciones de los diez apellidos más frecuentes en cada comunidad. A partir de la matriz de distancias, se construyeron árboles filogenéticos mediante los métodos de agrupamiento "Neighbor Joining" y "UPGMA", y un árbol consenso de ambos. La longitud de las ramas representa la distancia genética entre dos comunidades, y el patrón del árbol revela el patrón de poblamiento de las comunidades a partir del sitio de llegada de los primeros garífunas a Honduras.

## **ABSTRACT**

Surnames and their frequencies in a given territory are often used to determine the genetic structure and dynamics of human populations, as they are patrilineally inherited similarly to chromosome Y hemizygous markers. In the present study the frequencies of surnames in 26 communities inhabited by the Garifuna ethnic group, located on the Atlantic coast of Honduras, using as source the data provided by the Supreme Electoral Tribunal of Honduras, were calculated. Slatkin genetic distances between pairs of communities were estimated from the proportions of the ten most frequent surnames in each community. From the distance matrix, phylogenetic trees were constructed using "Neighbor Joining" and "UPGMA" as clustering methods, as well as a consensus tree from both. The branch length represents the genetic distance between two communities and the tree pattern reveals the pattern of settlement of the communities from the site of arrival of the first Garifuna inhabitants in Honduras.

**Palabras Clave:** Apellidos, Garífuna, Genética de Poblaciones, Honduras

## **INTRODUCCIÓN**

Los primeros apellidos de los habitantes de un determinado territorio, en la mayoría de los países, son heredados del padre de manera similar a los marcadores patrilineales, exclusivamente, a los loci hemiciotos del cromosoma Y. Este hecho ha sido aprovechado por muchos autores para dilucidar la estructura genética de las poblaciones mediante el análisis de los apellidos utilizando las mismas

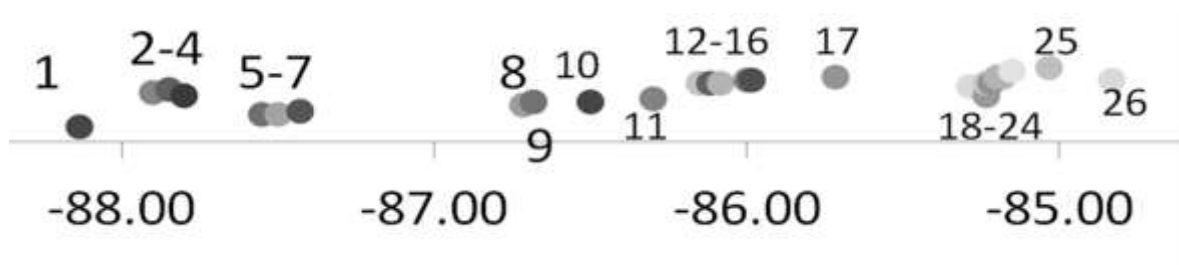
herramientas estadísticas aplicadas en la genética de poblaciones (1-6). Más aun, el conocimiento de la estructura poblacional ha tomado importancia en los últimos años debido al auge de los estudios de asociación genómica en la búsqueda de genes de susceptibilidad en las enfermedades multifactoriales (7-9).

La Garífuna está constituida por una mezcla entre africanos e indoamericanos. Su historia comienza en la isla caribeña de San Vicente donde encallaron dos buques cargados de esclavos provenientes de África del Oeste. Los sobrevivientes se mezclaron con la población de Caribes Rojos que vivían en ese entonces en la isla, formando la nueva población de Caribes Negros, también llamados Garífunas (10-11). Posteriormente fueron deportados por los ingleses hacia Islas de la Bahía, Honduras. Desde esa ubicación fueron transportados por los españoles a costas continentales fundando las comunidades de Cristales y Río Negro, en Trujillo. Posteriormente se extendieron a lo largo de toda la costa hondureña hacia el oeste, hasta Masca, y hacia el este, hasta Plaplaya.

En artículos anteriores hemos intentado reconstruir el patrón de poblamiento, la estructura genética y la dinámica de las comunidades a lo largo de la costa del Caribe de Honduras mediante las frecuencias alélicas de marcadores microsatélites utilizados en genética forense (12,13). En el presente trabajo intento describir el patrón de poblamiento de los primeros pobladores garífunas de las comunidades utilizando la frecuencia de los primeros apellidos. Anteriormente hemos descrito la estructura de las comunidades miskitas de Honduras mediante el análisis de frecuencia de apellidos, técnica denominada isonimia (14). Las frecuencias de apellidos utilizadas en el presente trabajo, así como los valores de isonimia y los parámetros más frecuentemente relacionados con estos serán publicados en otro lado.

## POBLACIÓN Y MÉTODOS

Para los cálculos del presente estudio se utilizó la última base de datos de apellidos del Tribunal Supremo Electoral de Honduras (recopilada para las elecciones de 2009) para 26 comunidades Garífunas de la costa Atlántica (Figura 1).



**Figura 1. Ubicación geográfica y coordenadas longitudinales de las comunidades estudiadas distribuidas a lo largo de la costa Atlántica de Honduras. De oeste a este: 1.Masca, 2.Travesía, 3.Bajamar, 4.Saraguayna, 5.Tornabé, 6.San Juan, 7.Triunfo de la Cruz, 8.Corozal, 9.Sambo Creek, 10.Nueva Armenia, 11.Río Esteban, 12.Guadalupe, 13.San Antonio, 14.Santa fe, 15.Cristales, 16.Río Negro, 17.Santa Rosa de Aguán, 18.Punta de Piedra, 19.Cusuna, 20.Ciriboya, 21.Iriona Puerto, 22.Iriona Viejo, 23.San José de la Punta, 24.Sangrelaya, 25.Bataya, 26.Plaplaya**

Se calculó la proporción de cada apellido en cada comunidad. Con la información sobre la proporción de los diez apellidos más frecuentes en cada comunidad se calculó la distancia genética de Slatkin, utilizada frecuentemente para marcadores microsatélites, entre pares de comunidades.

Brevemente, la distancia genética de Slatkin  $M$  entre dos comunidades será igual a  $(1/F_{st} - 1)/4$ , donde  $F_{st}$  es el coeficiente de endogamia (15).

A partir de la matriz de distancias se construyeron dos árboles filogenéticos: Uno con el método de agrupamiento denominado *Neighbor Joining* (16) y otro mediante el método UPGMA (*Unweighted Pair Group Method*). La distancia de Slatkin fue estimada utilizando el software Arlequin, de libre distribución en internet en: <http://cmpg.unibe.ch/software/arlequin35> (17). Los árboles filogenéticos fueron construidos con la ayuda del software “*Neighbor*” y “*Consensus*”, ambos incluidos en el paquete PHYLIP (*Phylogeny Inference Package*) ver 3.5c (18).

## RESULTADOS

Los árboles filogenéticos construidos a partir de dos métodos de agrupamiento se muestran en la figura 2,

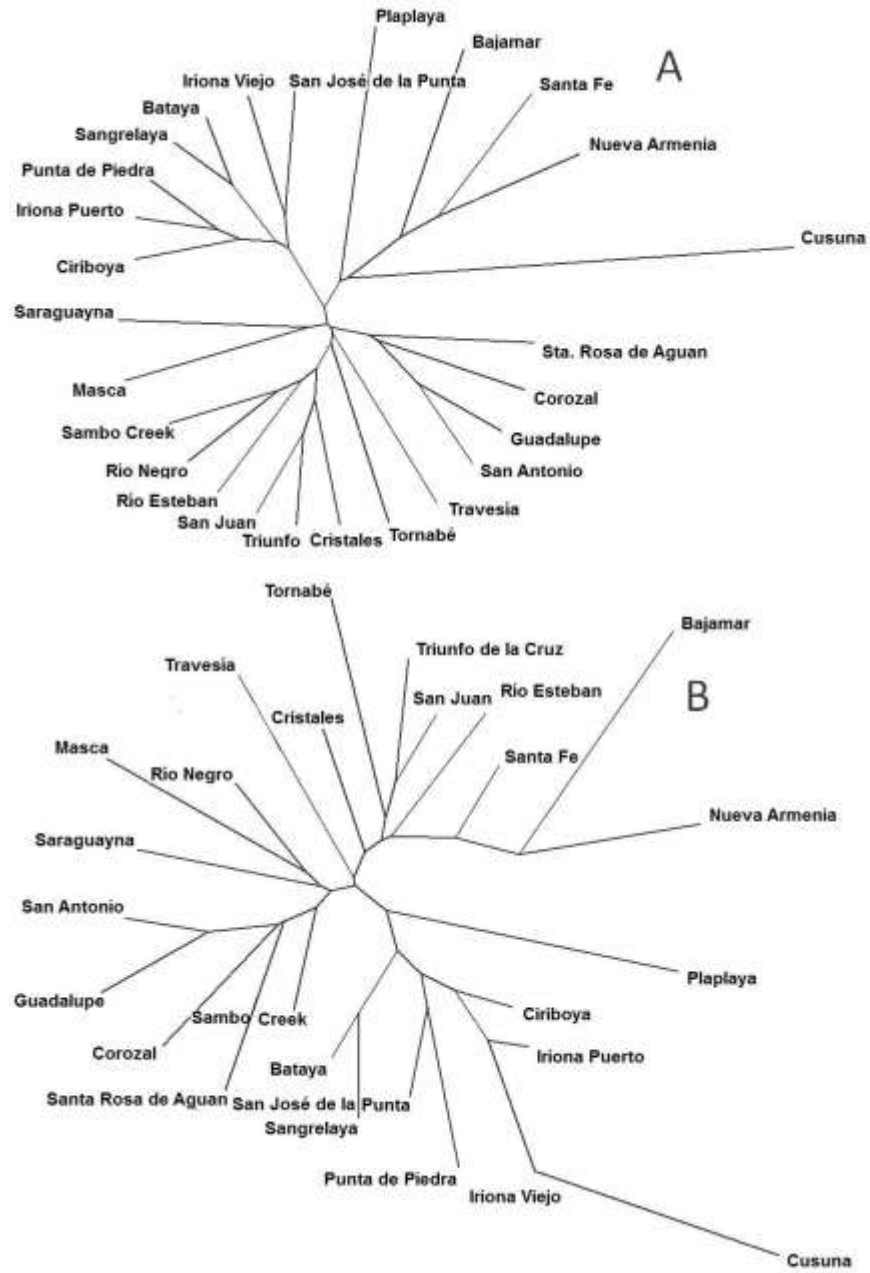


Figura 2: Árboles filogenéticos. A. UPGMA B. *Neighbor Joining*



**Figura 3: Árbol Consenso**

y un árbol consenso a partir de ambos en la figura 3. En todos los árboles las comunidades tienden a agruparse según su ubicación geográfica, lo que es compatible con el aislamiento por distancia encontrado en otros estudios (18). Sin embargo, según los resultados observados el poblamiento inicial de las comunidades garífunas costeras no fue completamente lineal.

En el árbol consenso se puede apreciar lo que al parecer son dos olas migratorias a partir de las comunidades fundadoras. Una parte de Río Negro hacia el oeste a las comunidades de Masca y Saraguayna en el departamento de Cortés, y luego desde aquí a las comunidades de Corozal, San Antonio y Guadalupe, cerca de la ciudad de la Ceiba. Así mismo, es Río Negro el origen principal de la población de Santa Rosa de Aguán, ubicada al este.

Por otro lado, la comunidad de Cristales parece ser la fuente migratoria principal de las comunidades de San Juan, Tornabé y Triunfo de la Cruz, ubicadas cerca del puerto de Tela en el departamento de Atlántida. De aquí, la ola migratoria parece haber continuado hacia el oeste, hasta la comunidad de Bajamar, pero también de regreso hacia el este fundando las comunidades de Nueva Armenia, Santa Fe y Río Esteban.

En general, el poblamiento de las comunidades ubicadas al oeste de las poblaciones fundadoras de Cristales y Río Negro parece seguir un patrón: ondas migratorias importantes hacia núcleos urbanos de desarrollo en los departamentos de Atlántida y Cortés, y de aquí hacia atrás fundando pequeñas comunidades intermedias.

Sobre el poblamiento inicial de las comunidades ubicadas al este de Cristales y Río Negro parecen haber surgido paulatinamente a partir de ambas poblaciones fundadoras, esto, evidenciado por su agrupamiento a partir de un nodo común (con la excepción de Santa Rosa de Aguán). Es llamativo el hecho de que las ramas que conectan estas comunidades son largas, lo que evidencia un proceso de diferenciación inicial debido a efectos fundadores, o alternativamente, a un proceso gradual de diferenciación por una fuerte deriva génica que podría tener su génesis en el aislamiento por falta de adecuadas vías de comunicación.

## DISCUSIÓN

La determinación de la estructura genética y la dinámica de las poblaciones a partir de la teoría isonímica (y del análisis de apellidos en general) parte de varias suposiciones que raramente se cumplen, como el origen monofilético de los apellidos, y la ausencia de cambios en los apellidos debido a errores en el registro. Los apellidos en la población Garífuna son de origen español y adquiridos después de su llegada a Honduras (12), y los errores en el registro que simulan tasas altas de mutación parecen ser abundantes (datos no mostrados). Estos, son factores limitantes para la aproximación de la verdadera estructura genética, que se ve también afectada por factores no detectados en el estudio de apellidos, como los porcentajes de contribución de las poblaciones mezcladas a partir de poblaciones continentales parentales, que en este caso específico comparten los mismos apellidos adoptados de los españoles (20,21).

Los factores que modifican la estructura genética y de apellidos de una población son diversos. Los efectos fundadores, llamados también “cuellos de botella”, determinan una disminución de la diversidad genética y diferenciación de una pequeña población fundadora a partir de una población de origen, más grande y diversa. A partir de este momento y si la población se mantiene en aislamiento, una diferenciación subsecuente se llevará a cabo en cada generación por el mecanismo de deriva génica. Por el contrario, la diferenciación entre poblaciones se verá disminuida y la diversidad genética aumentada si la migración entre los dos poblados es alta (22-24).

Las migraciones recientes tienden a verse reflejadas en los alelos (o apellidos en el caso que nos compete) raros, de muy baja ocurrencia, traídos a una población por los recién llegados. Esto se debe a que el alelo “extranjero” no ha tenido el tiempo suficiente para dispersarse en la población. Bajo este mismo razonamiento se desprende que los alelos (o apellidos) que se observan con una alta frecuencia deben, con mucha probabilidad, haber sido heredados de los miembros más antiguos de una población, es decir, de sus fundadores.

En estudios anteriores hemos demostrado unívocamente en los garífunas la presencia de altas tasas de migración reciente (especialmente masculinas) de este a oeste a partir de las comunidades fundadoras de Río Negro y Cristales a lo largo de la costa del Caribe Hondureño (13). Por ello, para eliminar en gran medida el “ruido” producido por la acción de factores de diferenciación más recientes, como la deriva génica y las migraciones, para la construcción de la matriz de distancias

entre comunidades en este estudio se utilizó únicamente los diez apellidos más frecuentes en cada comunidad, que corresponden más probablemente a los fundadores. Es probable que el patrón de poblamiento determinado en este estudio no sea exacto debido a la incierta contribución de los factores mencionados *ut supra*, por lo que debe ser completado mediante el análisis de matrices migratorias.

## AGRADECIMIENTOS

El autor agradece al Abogado Carlos Humberto Arita Mejía por haber puesto a disposición la base de datos de apellidos del Tribunal Supremo Electoral de Honduras.

## BIBLIOGRAFÍA

- 1) Crow JF, Mange A. 1965. Measurements of inbreeding from the frequency of marriages between persons of the same surnames. *Eugen Quart.* 12:199–203.
- 2) Pinto-Cisternas J, Pineda L, Barraí I. 1985. Estimation of inbreeding by isonymy in Iberoamerican populations: an extension of the method of Crow and Mange. *Am J Hum Genet* 37:373–385.
- 3) Jorde LB, Morgan K. 1987 Genetic structure of the Utah Mormons: isonymy analysis. *Am J Phys Anthropol* 72:403–412.
- 4) Pinto-Cisternas J, Rodríguez-Larralde A, Castro de Guerra D. 1990. Comparison of two Venezuelan populations using the coefficient of relationship by isonymy. *Hum Biol* 62:413–419.
- 5) Barraí I, Rodríguez-Larralde A, Mamolini E, Manni F, Scapoli C. 2001. Isonymy structure of USA population. *Am J Phys Anthropol* 114:109–123.
- 6) Barraí I, Rodríguez-Larralde A, Dipierri J, Alfaro E, Acevedo N, Mamolini E, Sandri M, Carrieri A, Scapoli C. 2012. Surnames in Chile: a study of the population of Chile through isonymy. *Am J Phys Anthropol.* 147(3):380-8.
- 7) Bonilla C, Parra EJ, PfaV CL, Dios S, Marshall JA, Hamman RF, Ferrell RE, Hoggart CL, McKeigue PM, Shriver MD. 2004. Admixture in the Hispanics of the San Luis Valley, Colorado, and its implications for complex trait gene mapping. *Ann Hum Genet.* 68:139–153.
- 8) Bonilla C, Shriver MD, Parra EJ, Jones A, Fernandez JR. 2004b. Ancestral proportions and their association with skin pigmentation and bone mineral density in Puerto Rican women from New York city. *Hum Genet* 115:57–68.
- 9) Vergara C, Caraballo L, Mercado D, Jimenez S, Rojas W, Rafaels N, Hand T, Campbell M, Tsai YJ, Gao L, Duque C, Lopez S, Bedoya G, Ruiz-Linares A, Barnes KC. 2009. African ancestry is associated with risk of asthma and high total serum IgE in a population from the Caribbean Coast of Colombia. *Hum Genet.* 125(5-6):565-79.
- 10) Andrade-Coelho RG. 1955. The Black Carib of Honduras: a study in acculturation. PhD. dissertation in Anthropology. Illinois: Northwestern University Press.
- 11) Andrade-Coelho RG. 2002. Los Negros Caribes de Honduras, 2nd ed. Tegucigalpa: Editorial Guaymuras.
- 12) Herrera-Paz EF, García LF, Aragón-Nieto I, Paredes M. 2008. Allele frequencies distributions for 13 autosomal STR loci in 3 Black Carib (Garífuna) populations of the Honduran Caribbean coasts. *Forensic Sci Int Genet* 3:e5–e10.

- 13) Herrera-Paz EF, Matamoros M, Carracedo A. 2010. The Garífuna (Black Carib) people of the Atlantic coasts of Honduras: Population dynamics, structure, and phylogenetic relations inferred from genetic data, migration matrices, and isonymy. *Am J Hum Biol* 22(1):36-44.
- 14) Herrera-Paz EF, Mejía Mejía DA. 2011. Apellidos en Gracias a Dios: Estructura poblacional y patrones de residencia inferidos por el método de isonimia. Documento de libre acceso en el internet en: <http://lahondurasvaliente.blogspot.com/2011/11/apellidos-en-gracias-dios.html>.
- 15) Slatkin M. 1995. A measure of population subdivision based on microsatellite allele frequencies. *Genetics* 139(1):457-62.
- 16) Saitou N, Nei M. 1987. The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Mol Biol Evol* 4(4):406-25.
- 17) Excoffier L, Lischer HEL. 2010. Arlequin suite ver 3.5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Mol Ecol Res* 10: 564-567.
- 18) Felsenstein J. 1993. PHYLIP (Phylogeny Inference Package) version 3.5c. Distribuido por el autor. Departamento de Genética, Universidad de Washington, Seattle.
- 19) Wright S. 1943. Isolation by distance. *Genetics* 28:114–138.
- 20) Seielstad M. 2000. Asymmetries in the maternal and paternal genetic histories of Colombian populations. *Am J Hum Genet.* 67(5), 1062–1066.
- 21) Mesa NR, Mondragón MC, Soto ID, Parra MV, Duque C, Ortíz-Barrientos D, García LF, Iván D. Velez ID, Bravo ML, Múnera JG, Bedoya G, Bortolini MC, Ruiz-Linares A. 2000. Autosomal, mtDNA, and Y-chromosome diversity in Amerinds: Pre- and post-Columbian patterns of gene flow in South America. *Am J Hum Genet.* 67(5), 1277–1286.
- 22) Carvajal-Carmona LG, Soto ID, Pineda N, Ortíz-Barrientos D, Duque C, Ospina-Duque J, McCarthy M, Montoya P, Alvarez VM, Bedoya G, Ruiz-Linares A. 2000. Strong Amerind/white sex bias and a possible Sephardic contribution among the founders of a population in northwest Colombia. *Am J Hum Genet.* 67(5), 1287–1295.
- 23) Handley LJ, Manica LJ, Goudet AJ, Balloux F. 2007. Going the distance: Human population genetics in a clinal world. *Trends Genet* 23:432–439.
- 24) Ramachandran S, Deshpande O, Roseman CC, Rosenberg NA, Feldman MW, Cavalli-Sforza LL. 2005. Support from the relationship of genetic and geographic distance in human populations for a serial founder effect originating in Africa. *Proc Natl Acad Sci U S A.* 102:15942–15947.