

¿Dónde están los genomas de los mexicanos afrodescendientes?

Raúl Cuauhtémoc Baptista Rosas* / Alma Aurora Arreola Cruz** /

Ana Sofía Torres Menchaca*** / Citlalli Quecha Reyna****

ISSN: 2007-6851

p. 59-p. 81

Fecha de recepción del artículo: julio de 2018

Fecha de publicación: diciembre de 2018

Título del artículo en inglés: *Where Are the Genomes of Afro-Mexicans?*

Resumen

Se estima que en América Latina 24 de cada cien individuos son afrodescendientes. En México se calcula que viven cerca de 1 381 853 personas de este grupo poblacional, lo que representa 1.2% de la población total. Su distribución varía en las diferentes regiones geográficas del país, agrupándose principalmente en el Estado de México, Veracruz, Guerrero, Oaxaca y Jalisco, donde se concentra la mayor parte, con cerca de 80% de la población afrodescendiente. Sin embargo, estas estadísticas no se ven reflejadas en los acervos de información biológica públicos de libre acceso. La disponibilidad de secuencias completas de genoma mitocondrial de la población mexicodescendiente recabados de la base de datos Genbank del Nucleotide del National Center for Biotechnology Information (NCBI), hace evidente que existe una pobre representación de afrodescendientes, lo cual no responde a la muestra poblacional de un país que cuenta con extensas regiones geográficas con grandes concentraciones de este grupo humano en particular. En este trabajo se discute esta problemática e hipótesis para explicar el fenómeno y algunos de sus impactos potenciales. La discrepancia observada puede ser producto de patrones migratorios característicos recientes, o bien representar evidencia física de un mestizaje asimétrico relacionado con la organización social durante la época virreinal, caracterizada predominantemente por varones afrodescendientes con mujeres indígenas o de otros grupos poblacionales, sin descartar la posibilidad de sesgos metodológicos (voluntarios o involuntarios) que limitan la investigación y la inclusión de estos grupos en las políticas de salud pública. De esta manera, con una historia claramente marcada por las diferencias y la desigualdad entre distintos grupos humanos, el presente artículo busca hacer una aproximación a la realidad mexicana, considerando cómo estos antecedentes de injusticia social del pasado pudieran relacionarse con sesgos en la investigación y en el desarrollo de la agenda en temas de salud poblacional y políticas públicas del país.

Palabras clave: genoma mitocondrial, afrodescendientes, mestizaje.

Abstract

In Latin America it is currently estimated that 24 of every 100 individuals are of African descent. In Mexico, it is estimated that about 1,381,853 people are Afro-Mexican, which represents 1.2% of the total population. Their distribution varies in the different geographic regions of the country, mainly in the State of Mexico, Veracruz, Guerrero, Oaxaca, and Jalisco, where about 80% of the Afro-Mexican population is concentrated. However, these demographic statistics are not reflected in freely accessible public biological data collections. The availability of complete mitochondrial genome sequences of the Afro-Mexican population collected from the Nucleotide database of the National Center for Biotechnology Information (NCBI) makes it clear that Afro-Mexicans are poorly represented, which does not respond to the population sample of a country that has extensive geographic regions with large concentrations of this particular human group. In this paper we discuss this issue and offer hypotheses to explain this phenomenon and some of its potential impacts. This discrepancy may be the result of recent characteristic migration patterns or represent physical evidence of asymmetric miscegenation (mestizaje) related to social organization during the viceregal period, characterized predominantly by Afro-Mexican men with indigenous women or of other castes, without ruling out the possibility of (voluntary or involuntary) methodological biases that limit research and the inclusion of these groups in public health policies. Thus, with a history clearly marked by differences and inequality between different human groups, this article seeks to gain insight into the Mexican reality, considering how this background of past social injustice could be related to biases in research and in the development of the country's agenda on population health issues and public policies.

Keywords: mitochondrial genome, Afro-Mexicans, miscegenation.

* Centro Universitario de Tonalá, Universidad de Guadalajara (raul.baptista@cutonala.udg.mx).

** Escuela de Ciencias de la Salud, Universidad Autónoma de Baja California (aurora.arreola@uabc.edu.mx).

*** Departamento de Estudios Sociopolíticos y Jurídicos, Instituto Tecnológico y de Estudios Superiores de Occidente (anasofia@iteso.mx).

**** Instituto de Investigaciones Antropológicas, UNAM (quechary@unam.mx).

Los mexicanos son, como la mayor parte de poblaciones latinoamericanas, descendientes de una mezcla de indígenas, europeos, y en menor proporción, africanos. En estudios iniciales, las estimaciones identifican la variación genética indígena, europea y afrodescendiente en todas las regiones y grupos humanos del territorio mexicano analizados (Lisker *et al.*, 1996). Sin embargo, a diferencia de otras regiones del mundo donde el colonialismo europeo dio lugar a una disminución significativa (o en algunos casos total) de la población nativa, en México la población indígena y afrodescendiente no sólo contribuyeron en grandes proporciones al proceso de mestizaje, sino que constituyen un segmento importante del total de habitantes hoy en día (Bryc *et al.*, 2010).

Más adelante, usando marcadores mitocondriales en poblaciones residentes en el norte de la República mexicana, 89% de los individuos muestreados están asociados a haplotipos nativos americanos, 5% se identificaron como europeos y 4.5% como afrodescendientes (Green *et al.*, 2000). En otros trabajos empleando polimorfismos de un solo nucleótido, los mexicanos muestran los niveles más bajos en Latinoamérica de descendencia africana, con 6% de la población estudiada con una desviación estándar de 2%; así como los porcentajes más altos de ancestría asociada a nativos americanos, con 50.1% de la población con una desviación estándar 13% (Bryc *et al.*, 2010). Más recientemente, con el esfuerzo coordinado interinstitucional, además de emplear marcadores moleculares más robustos y una estrategia de muestreo con mayor cobertura, aunque insuficiente para representar la complejidad del genoma mexicano, los porcentajes reportados alcanzaron 59% de origen europeo, 31% de origen asiático relacionado con los grupos indígenas y sólo menos de 10% de origen africano (Silva-Zolezzi *et al.*, 2009; López Beltrán y Vergara, 2011).

La manera de explicar esta divergencia de porcentajes es que depende del tipo de marcador molecular empleado y del lugar geográfico donde los diferentes grupos humanos son muestreados. La tendencia es que hacia el norte del país la proporción de descendencia europea se incrementa y disminuye gradualmente al desplazarse hacia el sur, y la descendencia indígena se encuentra concentrada en el sur y centro del país y disminuye gradualmente al desplazarse hacia el norte (Rangel *et al.*, 2008; Rangel *et al.*, 2009; Martínez Cortés *et al.*, 2012; Martínez Cortés *et al.*, 2013; Moreno *et al.*, 2014).

De la misma manera, los valores de descendencia africana, a pesar de ser constantemente menores, se encuentran en mayores proporciones en estados costeros como Veracruz, Guerrero y Oaxaca, donde, dependiendo de la fuente consultada, las poblaciones alcanzan hasta 20 y 30% de ancestría africana (Silva-Solezzi *et al.*, 2009; Moreno y Sandoval, 2013; Moreno *et al.*, 2014). Sin embargo, dado que el componente africano es relativamente constante a lo largo de casi todas las regiones (por debajo de 1% de la población), son el componente indígena y el europeo los que dictan los principales patrones de mestizaje en nuestro país.

Dentro de los linajes de descendencia indígena, el haplogrupo A se mantiene con mayor frecuencia, con una distribución que, de acuerdo con la proporción relacionada con los otros haplogrupos, va desde 33 hasta 53% en población mestiza, y hasta cerca de 60% en algunos gru-

pos indígenas; el haplogrupo B de 20.0 a 33.3%; el haplogrupo C de 6.7 a 23.3% y por último el haplogrupo D de 2.9 a 5.8% (Guardado *et al.*, 2008), e información que apoya estudios empleando otros marcadores moleculares diferentes a los obtenidos de mitocondria (Buentello *et al.*, 2008). Estudios genéticos en restos humanos precolombinos originarios de México central reportan con mayor frecuencia el subclado A2 entre 40 y 48%, principalmente asociado a poblaciones descendientes de aztecas (Torrioni *et al.*, 1992, Torrioni *et al.*, 1996, Mahli *et al.*, 2003, Mata-Míguez *et al.*, 2012, Kemp *et al.*, 2005, 2010).

Los haplogrupos no indígenas cuyo porcentaje es menor a 10%, corresponden al flujo genético materno inmigrante dentro de la población mexicana (Green *et al.*, 2000; Martínez Marignac *et al.*; 2007). Una de las fuentes de este flujo genético corresponde a España, donde el haplogrupo H es el más común, con frecuencias por arriba de 40% en ese país (Torrioni *et al.*, 1996). También podemos encontrar otros orígenes europeos con frecuencias menores como los haplogrupos K, J, V, U; y los de origen africano, representado por los haplogrupos L1 y L2, cuya frecuencia en el África subsahariana es de 70 hasta 100% (Guardado *et al.*, 2008). De acuerdo con Ngou-Mve (1994) y Aguirre Beltrán (2005), la mayor parte de esclavos africanos traídos a la Nueva España durante la Colonia provenían en una primera etapa de Mauritania al final del siglo XV; durante la mayor parte del siglo XVI procedían de Nigeria y Ghana, a los cuales los portugueses y españoles llamaban inadecuadamente “sudaneses”. Frederic Mauro, en su libro *Le Portugal l' et Atlantic au XVIIe. Siecle 1570-1670*, menciona que los africanos traídos a América eran llamados “sudaneses” (Navarrete, 2005). La tercera y última ola migratoria se estableció a partir del siglo XVII, conformada por grupos de habla bantú procedentes del norte de Camerún (Schroeder *et al.*, 2015).

En general, el tráfico de esclavos se concentró para su embarque hacia las costas de América desde África, en lo que se conoce como el área cultural de la costa de Guinea. Es por tal razón que a esta región se le llamó entonces como la Nigricia, y actualmente contempla una vasta región de África central que comprende la región occidental de Senegal, el Congo hacia el sur y Guinea hacia la costa del Atlántico. Esto complica la interpretación del análisis del genoma mitocondrial, ya que estos grupos humanos tienen una gran diversidad y podrían dificultar la interpretación de resultados.

Con esto en mente, decidimos explorar la presencia de individuos de origen mexicano y la estructura de la población usando genomas mitocondriales completos disponibles en base de datos públicas de libre acceso. Se decidió emplear Genbank de la National Center of Biotechnology Information (NCBI por sus siglas en inglés) <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide>>, trabajando en el diseño de la estrategia de búsqueda de las secuencias disponibles. Se llevó a cabo la recopilación de secuencias completas de cromosomas mitocondriales sin tomar en consideración fragmentos menores a 15 400 pares de bases de nucleótidos, y debido a que la mayor parte de trabajos previos sobre el tema sólo amplifican la región control del cromosoma mitocondrial con tamaños menores a mil pares de bases, por lo que la mayor parte de información en

las bases de datos sólo contienen estos fragmentos de ADN mitocondrial y no secuencias del cromosoma mitocondrial completo.

Para la búsqueda de información se tomaron en cuenta cinco consideraciones: la primera, definiendo el tamaño de las secuencias de interés (*SLEN* de acuerdo con el comando empleando en el buscador: *Sequence LENgt*), comprendidas entre 15 400 y 16 700 nucleótidos (el ADN del cromosoma mitocondrial completo tiene 16 569 bases); la segunda consideración, delimitando el organismo de interés la especie *Homo sapiens* empleando el comando [*Organism*]; la tercera consideración, empleando el comando [*FILT*] para seleccionar sólo el término *mitochondrion* en los metadatos de los archivos; la cuarta, delimitando la búsqueda mediante el empleo de booleanos *NOT* y *OR*, descartando en la búsqueda restos humanos antiguos (*ancient human remains*), y confusores como *New Mexico*; y, finalmente, la quinta consideración, empleando *AND* para las palabras clave *Mexico* o *Mexican*.

De acuerdo con esta estrategia, se introdujo la solicitud en el buscador de la base de datos de siguiente manera:

```
(015400[SLEN]:016700[SLEN]) AND Homo [Organism] AND mitochondrion [FILT]
AND Homo NOT (ancient human remains OR New Mexico) AND (Mexico OR Mexican).
```

Una vez identificadas las secuencias en la base de datos, se procedió a revisar la información en los metadatos acompañantes en cada una de ellas, con dos objetivos principales como criterios de selección: el primero, para validar el lugar de origen del individuo a partir del cual se obtuvo la información, descartando las secuencias que correspondían a grupos humanos del pasado o no especificar el grupo étnico. Por otro lado, el segundo objetivo de esta revisión fue la conformación de los grupos de análisis indígenas y mestizos.

De las secuencias seleccionadas se obtuvo la referencia de la cita del trabajo para evaluar el fin del muestreo y sus objetivos en el diseño experimental de cada trabajo en particular y se descargaron en archivos en formato FASTA. Con estos archivos como insumo, se exploraron las secuencias en conjunto empleando el navegador genómico de la Universidad de California Santa Cruz, el cual puede consultarse en <<http://genome.ucsc.edu/>> tomando como referencia la secuencia *Revised Cambridge Reference Sequence* (rCRS) con la última versión disponible (*GRCh38/hg38 Assembly*). Este paso nos permite identificar, mediante una interfase gráfica, los polimorfismos en las secuencias analizadas con respecto a la secuencia de referencia.

A partir de los archivos en formato FASTA se llevó a cabo la haplotipificación de las secuencias obtenidas empleando la aplicación *MITOMASTER*,¹ construyendo una base de datos en una hoja de cálculo .xlsx (Excel Microsoft) para su tabulación y análisis estadístico de las frecuencias.

1. Consultar: <<https://www.mitomap.org/foswiki/bin/view/MITOMASTER>>.

Tabla 1. Resumen de los principales haplogrupos encontrados en la población mexicana contemporánea

Haplogrupo	Frecuencia	%
A2	90	36.0
B2	65	26.0
C1	68	27.2
D	19	7.6
I5a	1	0.4
L2d	1	0.4
T2e	4	1.6
U6a	2	0.8
<i>Total</i>	250	100

Los criterios para clasificación de los diferentes haplogrupos pueden encontrarse en la base de datos *Phylotree*² (Van Oven y Kayser, 2009). Para mayores detalles técnicos puede consultarse el trabajo de Baptista *et al.* (2019).

A partir de esta estrategia de trabajo se obtuvieron 226 secuencias de mestizos y 42 secuencias de indígenas mexicanos contemporáneos para su análisis, quedando finalmente sólo 250 secuencias después de evaluar y seleccionar conforme a los criterios de selección antes mencionados. Los resultados del haplotipado demostraron 113 diferentes clados y subclados distribuidos de manera general en ocho haplogrupos, donde el grupo dominante es el haplogrupo A representando 36%, seguido del haplogrupo B representando 26% del muestreo. Los haplogrupos L asociados a población afrodescendiente sólo se encontraron en dos individuos, contribuyendo únicamente con 0.8% (tabla 1), el cual constituye el haplogrupo menos representado en el universo estudiado, al tomar en cuenta la gran proporción de población afrodescendiente que actualmente radica en México. Marcadores asociados a poblaciones europeas no fueron encontrados en el análisis. Una explicación de este hallazgo es que históricamente el varón europeo engendraba hijos con la mujer indígena, la mayor parte de la evidencia genómica de este mestizaje se encuentra en el cromosoma Y que se transmite exclusivamente por vía paterna y no por el cromosoma mitocondrial, que es de transmisión exclusivamente materna.

¿Dónde están los que deberían estar?

Grandes extensiones del territorio mexicano, principalmente en las costas del sureste del Pacífico y el Golfo de México están habitadas por individuos con un marcado fenotipo afrodescendiente, lo que

2. La base de datos *Phylotree* puede consultarse en <<http://www.phylotree.org/>>.

habla de la falta de cobertura en los estudios poblacionales hasta ahora realizados. Las secuencias que pudieron identificarse en el acervo de la base de datos consultada se han obtenido de poblaciones de mexicoamericanos en California y Texas, con alguna cobertura de población mestiza del centro, occidente y norte del país, y algunos grupos indígenas. Es evidente que, tal como mencionan autores previos, las poblaciones afrodescendientes en México han sido poco exploradas (Green *et al.*, 2000).

En los primeros estudios del Proyecto Genoma Mexicano, explorando otros marcadores moleculares basados en polimorfismos puntuales para construir mapas de haplotipos, se incluyeron en el análisis dos de los estados con altas prevalencias de población afrodescendiente entre la población mestiza: Veracruz y Guerrero (Silva-Zolezzi *et al.*, 2009; Moreno *et al.*, 2014). Aunque de manera general estos trabajos mostraron que la contribución ancestral afrodescendiente es menor a 10% y en su mayoría homogénea entre las subpoblaciones, se observó la presencia de individuos con una contribución ancestral afrodescendiente particularmente alta en los estados distribuidos en las costas del Pacífico y del Golfo de México. Esto se apega a los registros históricos que señalan a Veracruz y a Guerrero como el principal lugar de residencia de afrodescendientes desde la época colonial (Aguirre Beltrán, 1946).

Algunas hipótesis que planteamos para explicar este fenómeno en el que los grupos afrodescendientes están por debajo de las frecuencias esperadas son las siguientes:

- 1) Al muestrear poblaciones en regiones con alta prevalencia de grupos afrodescendientes, el diseño de muestreo sesga (voluntaria o involuntariamente) a estos grupos humanos. Por ejemplo, la mayor parte de los estudios están enfocados a indígenas, evitando obtener muestras biológicas en grupos mestizos y/o afrodescendientes.
- 2) La mayor parte de los estudios bioantropológicos realizados en México no suben su información a bases de datos públicas, por lo que no se refleja la realidad del estado del arte en esta área del conocimiento.
- 3) La mayor parte de las secuencias de genomas mitocondriales analizadas proviene de grupos descendientes de mexicanos radicados en Estados Unidos de América, por lo que probablemente se relacionan con patrones de migración característicos. De 268 secuencias empleadas en el estudio, el origen de 215 fueron individuos mexicoamericanos radicados en California y Texas (Kumar *et al.*, 2011). De acuerdo con la Encuesta Nacional de Ocupación y Empleo presentada por el Instituto Nacional de Estadística y Geografía (INEGI), la pérdida de población en el bienio 2014-2015 en los estados de la República mexicana que aportan migrantes con mayor proporción son predominantemente ocupados por poblaciones mestizas, con una proporción de grupos afrodescendientes por debajo de la media nacional de 1.2% (tabla 2), por lo que se infiere que los estados en nuestro país con mayores tasas de migración tienen una pobre representación de grupos afrodescendientes. Por otro lado, en otras regiones de Estados Unidos se puede observar que la población afro-

Tabla 2. Tabla comparativa entre las tasas de migración en estados con mayor pérdida de población en el bienio 2014-2015 y la proporción de población afrodescendiente

<i>Estado de la República</i>	<i>Tasa de migración por 100 000 habitantes</i>	<i>Porcentaje de afrodescendientes por entidad federativa</i>
Michoacán	136.1	0.1
Zacatecas	115.8	0
Guanajuato	108.0	0
Durango	108.8	0
Baja California	75.5	0.2
Tamaulipas	72.9	0.3
Aguascalientes	60.4	0

Fuentes: Encuesta Nacional de Ocupación y Empleo 2017 y Encuesta Intercensal 2015 realizadas por el INEGI

descendiente tiene una movilidad muy similar a la de la población mestiza no afrodescendiente y quizá hasta ligeramente superior (Quiroz, 2001; Barnett, 2011). La característica que destaca en la población afrodescendiente es un mayor arraigo a su entidad de origen, ya que las tasas de retorno igualan o superan a las de salida (Fernández y Melesio, 2016). En conclusión, una posibilidad es que los mestizos migran más que los afrodescendientes debido a que estos últimos probablemente, pero no necesariamente, están más arraigados a su cultura y sociedad local, contribuyendo a una menor proporción por debajo de lo esperado en la muestra analizada. Sin embargo, recientemente la región de la Costa Chica de Guerrero y Oaxaca se ha convertido en zona de migración internacional, y más que por apego, su poca movilidad se debe a que los flujos migratorios se iniciaron con mayor solidez en los noventa, y con la crisis económica de 2008, las salidas se detuvieron y el retorno de individuos a México aumentó, lo que también podría explicar la baja prevalencia de grupos afrodescendientes en la muestra estudiada.

- 4) De manera similar al mestizaje asimétrico entre europeos e indígenas, el patrón dominante en este caso es el mestizaje entre individuos varones africanos y mujeres autóctonas mexicanas, por lo que la evidencia deberá explorarse en los haplogrupos de cromosoma Y, ya que en genoma mitocondrial predomina la herencia indígena.
- 5) Los grupos africanos traídos durante la Colonia son muy diversos, por lo que podrían pasar desapercibidos en estudios de población con muestras pequeñas de universos de estudio poblacionales. Por ejemplo, investigaciones del genoma mitocondrial en la costa occidental de África contemporánea han encontrado que existe una gran diversidad (Fendt *et al.*, 2012) acorde con poblaciones afrodescendientes estudiadas tanto en Norteamérica como en el Caribe (Ely *et al.*, 2006; Johnson *et al.*, 2015; Schroeder *et al.*, 2015). Si tomamos esto en consideración, en nuestro estudio tendríamos, además del haplogrupo de origen africano L2d, el haplogrupo U6 originario del norte de África y distribuido en hasta

17% de individuos procedentes de Mauritania (González *et al.*, 2006), el área geográfica de procedencia de la primera ola de esclavos durante el final del siglo XVI (Ngou-Mve, 1994; Aguirre Beltrán, 2005). Este mismo haplogrupo U6 se distribuye en España hasta la costa occidental de África y el Cercano Oriente donde tiene su mayor diversidad (Behar *et al.*, 2012). Este haplogrupo exótico en nuestra población se puede interpretar como una probable evidencia de los rastros de hibridación de los europeos de la Península Ibérica colonizados por grupos musulmanes del norte de África y Medio Oriente durante cerca de siete siglos, es en realidad de origen africano. De ser esto cierto, la suma de los porcentajes de los haplogrupos L2d y U6a representa 1.2% de la muestra estudiada, prácticamente la proporción media de la población afrodescendiente en México (tabla 1). Análisis recientes muestran que cuando se emplean otros marcadores moleculares diferentes al genoma mitocondrial o cromosoma Y, el análisis centrado en las poblaciones de la cuenca del mediterráneo muestra que los primeros habitantes de los países del norte de África y el sur de Europa —específicamente España y la Bretaña francesa— tienen un acervo paterno y materno común (Arnaiz-Villena *et al.*, 2017; Hajje *et al.*, 2018). Esta información es evidencia física de una relación prehistórica estrecha entre el oeste del Mediterráneo, África y la Península arábiga, donde los individuos están relacionados genéticamente, complicando la interpretación de un solo marcador como es el caso de nuestro análisis.

Afrodescendientes en México: ¿dónde están y cuántos son?

Históricamente la proporción de población afrodescendiente no se conoce del todo y se basa en gran medida en estimaciones obtenidas a partir de estudios censales periódicos realizados en el pasado. Aunque de acuerdo con investigaciones como las emprendidas por Gonzalo Aguirre Beltrán, se ha calculado que ingresaron alrededor de 250 000 personas de origen africano por Acapulco, Campeche y Veracruz, y desde estos sitios se distribuyeron en diversos puntos geográficos del entonces territorio novohispano. Es importante señalar que en diferentes momentos históricos de la etapa virreinal la población de origen africano ocupó el segundo lugar en densidad de población, y que “en 1570 del total de la población 98.7% era indígena, 0.2% europea y 0.6 africana. Hacia mediados del siglo XVIII las personas indígenas representaban un 74.6%, las africanas y sus descendientes el 2% mientras que los europeos el 0.8%” (Velázquez, 2006: 30). Algunos autores señalan que durante la segunda mitad del siglo XVI y aún a principios del siglo XVII, la población africana en México era la más grande de todo el continente americano (Palmer, 1976; Palmer, 2005).

Otros investigadores señalan que entre 1580 y 1640 ingresaron casi 70 000 esclavos de origen africano, hombres y mujeres (Vila, 1977; Ngou-Mve, 1994). El primer censo documentado se llevó a cabo durante el virreinato en 1753, cuando por instrucciones del primer conde de

Revillagigedo, Juan Francisco de Güemes, se levantó el censo de población en la Ciudad de México, proporcionando información por sexo, estado civil, etnia y tipo de vivienda. Posteriormente, en 1789, el visitador del virrey, José Menéndez Valdés, inicia la *Descripción y censo general de la intendencia de Guadalajara, 1789-1793*; y para 1791 tiene lugar la recolección de información del primer Censo de Población de la Nueva España, o de Revillagigedo, y que al concluirse contabiliza 4 636 074 habitantes (INEGI, 2009). Datos disponibles sobre la época muestran que los grupos afrodescendientes representaron inicialmente 0.1 % de la población colonial y las estimaciones señalan que el número de los introducidos por la trata de esclavos no fue mayor a 250 000 individuos en el curso de tres siglos (Vázquez, 2008). Para 1646, al término de la etapa de la unión dinástica de España y Portugal —de auge de la trata transatlántica—, el número de africanos en la Nueva España era de 2% del total de la población, el doble del número de españoles radicados en el virreinato, que apenas sumaba 0.8% de la población, por lo que consideramos que este grupo contribuyó de manera definitiva a la integración de una nueva sociedad (Aguirre Beltrán, 1946).

En cambio, los mestizos producto de las diferentes castas, tanto de “negros” como de españoles, sí fueron considerables, ya que al finalizar la dominación extranjera en México representaban 40% de la población, y de esa proporción, 10% era considerado como “afromestizo” (Rojas, 1996). Sin embargo, este tópico aún es motivo de discusiones metodológicas debido a la dudosa calidad de los censos y la manera de clasificar los diferentes grupos humanos “de color” (Vinson y Restall, 2009; Velázquez, 2011a). Los descendientes de estos grupos, aunque tuvieron variaciones con el paso del tiempo, dieron origen a las actuales poblaciones que se encuentran distribuidas en todo el territorio nacional ubicadas sobre todo en las principales ciudades del país, lo cual es un rasgo característico compartido con el resto de la población latinoamericana (CEPAL, 2017). Antes de 2015, en los censos poblacionales en la República mexicana no preguntaban sobre origen afrodescendiente, por lo que no existía información oficial respecto a este grupo poblacional (Castro, 2008). De acuerdo con la información oficial disponible hasta el momento, se contabilizan cerca de 1 381 853 personas autoadscritas como afrodescendientes en México, poco más de 1.2% de la población (INEGI, 2015). Sin embargo, consideramos que estas cifras son subvaloradas, ya que históricamente este grupo ha sido invisible tanto para la sociedad en general como para ellos mismos (Velázquez, 2011b); inclusive, al cuestionar a la población muchos de ellos no se autoadscriben como afrodescendientes o utilizan otros términos para identificarse (Suárez, 1999; García, 2011; Castillo, 2016).

Otro problema que subvalora la verdadera proporción de población afromexicana es el diseño de los censos en México. Para poner esto en perspectiva, planteamos el ejemplo de los censos de Costa Rica: en el año 2001 el censo arrojó que 1.9% de la población era afrodescendiente; y para el año 2011 la cifra era de casi 8%. ¿Aumentó seis puntos en una década? No. Lo que cambió fue la manera de preguntar. En 2001 sólo había una pregunta sobre si era afrodescendiente o indígena, con posibles respuestas “sí” o “no”. Diez años después, se ofreció a los entrevistados una serie

Tabla 3. Estados de la República mexicana con mayor proporción de población afrodescendiente

<i>Estado de la República</i>	<i>Afrodescendientes (%)</i>
México	22.0
Veracruz de Ignacio de la Llave	19.3
Guerrero	16.6
Oaxaca	14.2
Jalisco	6.6
Puebla	5.2
Resto de los estados	60.5
<i>Total</i>	100

Fuente: CEPAL, 2017. *Situación de las personas afrodescendientes en América Latina y desafíos de políticas* (pp. 189). Santiago: ONU.

de opciones en las que podían incluirse: blanco, mestizo, indígena, afro o asiático. El 95% de la población se identificó con algún grupo y el número de los que se reconocieron afrodescendientes se incrementó de manera notable. De ahí la importancia de registrar las autoadscripciones étnicas en esos instrumentos.

A pesar de esto, y tomando en cuenta la información oficial disponible hasta el momento, sólo cuatro estados de la República agrupan más de 70% de la población afrodescendiente en México (tabla 3). Aunque el Estado de México y Veracruz tienen las mayores poblaciones (304 274 y 266 163 individuos, respectivamente), la mayor proporción con respecto a sus habitantes se encuentra en los estados de Oaxaca y Guerrero (6.5 y 4.9%, respectivamente). Esta distribución coincide con los indicadores de pobreza extrema y marginación (Fernández y Mellesio, 2016; CEPAL, 2017), por lo que más de dos tercios de los hogares afrodescendientes de México reciben ingresos monetarios por programas como Prospera u Oportunidades (INEGI, 2017). La situación de marginación en este grupo es muy similar a otros grupos afrodescendientes de Latinoamérica (CELADE/CEPAL, 2013), lo cual puede atribuirse a la invisibilidad de los afrodescendientes en las políticas públicas y en la agenda de México como nación (Domínguez, 2011; Weltman-Cisneros y Méndez, 2013). Por tanto, es necesario combatir la invisibilidad estadística que afecta las formas de vida de las poblaciones de origen africano.

La problemática histórica de la segregación de una minoría

Las poblaciones afrodescendientes mexicanas son consideradas como una *minoría*, entendiendo como *minoría* no aquellos grupos humanos que serían forzosamente menores en número, sino más bien aquellos que en una sociedad están en estado de menor poder, sea este poder económico, jurídico, político y genético (Colette, 2016; González Martín, 2002). Es importante aclarar aquí que el poder genético hace referencia a los individuos con un fenotipo definido que dominan una población determinada, mantienen su genotipo sin mezclarse con otros genotipos dife-

rentes, y donde las poblaciones dominadas son usualmente minorías. Este fenómeno se observa a lo largo de la historia en las diversas formas de segregación.

En el texto de los “Derechos colectivos y reconocimiento constitucional de las poblaciones afromexicanas” se sugiere que:

[...] en la mayoría de los casos de la región, las poblaciones afrodescendientes cumplen con los criterios para ser consideradas una minoría étnica. Son un grupo numéricamente menor que el resto de la población, generalmente se encuentran en una posición no dominante, comparten características étnicas y preservan su cultura e identidad, por lo que se encontrarían en condiciones de exigir los derechos consagrados en la Declaración sobre los Derechos de las Personas Pertenecientes a Minorías Nacionales o Étnicas, Religiosas y Lingüísticas, así como la protección de su existencia, de la no exclusión, de la no discriminación y de su no asimilación. En México, las poblaciones afrodescendientes cumplen con los elementos para ser consideradas como minorías, ya que algunas personas pertenecientes a esta población se autoidentifican como tales. Adicionalmente, las características étnicas y la conservación de la cultura de la población afrodescendiente son diferentes a las características sociales de la demás población (Conapred, 2015: 85).

Desde los primeros tratados internacionales de derechos humanos, firmados y ratificados por los estados miembros de la Organización de las Naciones Unidas, incluido México, se ha consagrado como principio y derecho la igualdad y no discriminación de las personas, particularmente protegiendo las diferencias por etnia, color, sexo, idioma, religión, opinión política o de cualquier otra índole, origen nacional o social, posición económica, nacimiento o cualquier otra condición (ONU, 1948a, 1948b, 1966).

Además, se han adoptado instrumentos internacionales específicos para erradicar la discriminación racial y pugnar por la inclusión de las diferencias, como es la Convención para la Prevención y la Sanción del Delito de Genocidio, la Declaración de las Naciones Unidas sobre la eliminación de todas las formas de discriminación racial, la Convención Internacional sobre la Eliminación de Todas las Formas de Discriminación Racial, la Convención sobre la Eliminación de Todas las Formas de la Discriminación contra la Mujer, o la Convención sobre los Derechos del Niño (ONU, 1948a, 1948b, 1963, 1965, 1979, 1989).

Tanto la Declaración de las Naciones Unidas sobre la eliminación de todas las formas de discriminación racial, como la Convención Internacional sobre la Eliminación de todas las Formas de Discriminación Racial tienen como propósito la condena del colonialismo y todas las prácticas de segregación y discriminación que lo acompañan, así como destacar que “toda doctrina de diferenciación o superioridad racial es científicamente falsa, moralmente condenable, socialmente injusta y peligrosa, y que nada permite justificar la discriminación racial, ni en la teoría ni en la práctica” (ONU, 1963, 1965).

La Convención Internacional sobre la Eliminación de todas las Formas de Discriminación Racial define como “discriminación racial” toda distinción, exclusión, restricción o preferencia basada en motivos de raza, color, linaje u origen nacional o étnico que tenga por objeto o por resultado anular o menoscabar el reconocimiento, goce o ejercicio, en condiciones de igualdad, de los derechos humanos y libertades fundamentales en las esferas política, económica, social, cultural o en cualquier otro ámbito de la vida pública (ONU, 1965).

En 1977, Francesco Capotorti, relator especial de la Subcomisión de Prevención de Discriminaciones y Protección a las Minorías, señaló que una minoría es un grupo numéricamente inferior al resto de la población de un Estado, que se encuentra en una posición no dominante y cuyos miembros, que son nacionales del Estado, poseen características étnicas, religiosas o lingüísticas diferentes de las del resto de la población y manifiestan, aunque sólo sea implícitamente, un sentimiento de solidaridad para preservar su cultura, sus tradiciones, su religión o su idioma (OHCHR, 2010).

En 1992, la Asamblea General de la ONU aprobó la resolución 47/135 que contiene la Declaración sobre los Derechos de las Personas Pertencientes a Minorías Nacionales o Étnicas, Religiosas y Lingüísticas (OHCHR, 1992). En ella se destaca la importancia de reconocer la protección e identidad de las minorías, cuyos derechos incluyen participar en la vida cultural, religiosa, social, económica y pública, sin sufrir ninguna desventaja, por ejemplo, por su origen étnico. Sin embargo, no existe ninguna definición internacionalmente acordada sobre qué grupos constituyen minorías (OHCHR, 2010).

Cabe destacar, como se indica en el Manual de los Derechos de las Minorías de Naciones Unidas (OHCHR, 2010), que la mayoría de veces un grupo minoritario constituirá una minoría numérica, pero en otros una mayoría numérica puede encontrarse en una posición similar a la de una minoría o en una posición no dominante, como ocurrió con los afrodescendientes en el régimen de *apartheid* en Sudáfrica. En algunas situaciones, un grupo que constituye una mayoría en el Estado puede encontrarse en una posición no dominante dentro de una región dada del Estado de que se trate (OHCHR, 2010). En atención a ello, actualmente, a las minorías —que muchas veces no lo son— se les ha denominado también “grupos en situación de vulnerabilidad” o “vulnerabilizados”, precisamente a partir de los impactos que generan las múltiples discriminaciones de las que son objeto por encontrarse en una posición no dominante.

En el caso que nos ocupa, los sesgos —voluntarios o involuntarios— en el muestreo de información en relación con los grupos afrodescendientes en México ocasionan la invisibilización de este grupo humano, lo que a su vez acarrea consecuencias en términos de las políticas públicas y de la agenda pública con enfoques diferenciados, lo cual a su vez tiene un impacto en la protección y garantía de derechos de este grupo humano, así como en múltiples discriminaciones que les pueden colocar en situación de vulnerabilidad.

En estas circunstancias, y de acuerdo con el artículo 7 de la Declaración Internacional sobre los Datos Genéticos Humanos, debe garantizarse que los datos genéticos humanos incorporen la

diversidad humana, a efecto de no discriminar y generar una situación de vulnerabilidad en algún grupo humano en particular, ya que la segregación de una persona, una familia, un grupo o comunidades, derivada de las conclusiones de los estudios de genética de poblaciones y sus interpretaciones, acarrea importantes consecuencias para el respeto de sus derechos humanos y las libertades fundamentales.

En atención a la discriminación histórica, así como a la vulneración de derechos de los grupos minoritarios o en situación de vulnerabilidad, se comienza a observar en diversos ordenamientos nacionales e internacionales la tendencia a regular los avances genéticos no como un mecanismo para impedir el desarrollo de la investigación científica, sino para prevenir que dicho desarrollo pueda vulnerar derechos fundamentales y producir nuevos fenómenos de discriminación.

Junto a la inclusión de estos nuevos criterios, como son las características genéticas, es fundamental considerar dos temas importantes que todavía no figuran explícitamente en el texto de la Constitución mexicana y que sin embargo sin duda gravitan en el debate contemporáneo sobre la igualdad y la no discriminación: los temas de la *discriminación indirecta* e *igualdad sustancial*. Ambos temas están incluidos de forma indirecta mediante el bloque de constitucionalidad. El artículo 1 constitucional, en su párrafo quinto así lo dispone: “Queda prohibida toda discriminación motivada por origen étnico o nacional, el género, la edad, las discapacidades, la condición social, las condiciones de salud, la religión, las opiniones, las preferencias sexuales, el estado civil o cualquier otra que atente contra la dignidad humana y que tenga por objeto anular o menoscabar los derechos y libertades de las personas”.

Los principales tratados internacionales en materia de derechos humanos, que son parte integral de la Constitución Política de los Estados Unidos Mexicanos, de conformidad con el bloque de constitucionalidad establecido en el artículo primero, son coincidentes en establecer el principio de igualdad y no discriminación, cuyo alcance incluye la igualdad de las personas ante la ley, que no debe permitir discriminación alguna. Precisamente, uno de los principales aportes del derecho internacional de los derechos humanos a los sistemas jurídicos contemporáneos fue la incorporación del principio de igualdad y no discriminación, como una actualización del principio de igualdad impulsado en la Ilustración. Verónica Martínez Marignac (2007) señala que los conceptos de igualdad y de no discriminación están estrechamente vinculados, pero no son idénticos.

El Protocolo para Juzgar con Perspectiva de Género de la Suprema Corte de Justicia de la Nación (SCJN, 2013) indica que la igualdad concentra las luchas reivindicatorias por la titularidad universal de los derechos y el acceso real a los bienes considerados indispensables para el diseño y ejecución del proyecto de vida de las personas. En ese mismo sentido, la igualdad puede ser entendida como principio y como derecho. Como principio en tanto fundamenta y da sentido a todo el andamiaje jurídico, como derecho en tanto es una herramienta para acceder a la justicia, pues otorga a los titulares de derechos la posibilidad de reclamar la realización efectiva de la igualdad en el ejercicio de los derechos (SCJN, 2013).

Bajo la óptica de nuestro caso de estudio, las condiciones de igualdad con que se realicen los muestreos de información en relación con los grupos afrodescendientes en México permitirán la igualdad en el ejercicio de derechos derivados del aprovechamiento de los beneficios resultantes de la utilización de datos genéticos, genómicos y/o proteómicos humanos obtenidos a partir de muestras biológicas obtenidas con fines de investigación médica y científica.

De acuerdo con el artículo 19 de la Declaración Internacional sobre los Datos Genéticos Humanos (UNESCO, 2003), dichos beneficios deben compartirse con la sociedad en su conjunto y con la comunidad internacional, de conformidad con la legislación o la política interna y con los acuerdos internacionales. Estos beneficios pueden traducirse en la asistencia especial a las personas y los grupos que hayan tomado parte de la investigación, el acceso a la atención médica, nuevos diagnósticos, instalaciones y servicios para dispensar nuevos tratamientos o medicamentos obtenidos gracias a la investigación, apoyo a los servicios de salud, instalaciones y servicios destinados a reforzar las capacidades de investigación, incremento y fortalecimiento de la capacidad de los países en desarrollo de obtener y tratar datos genéticos humanos, tomando en consideración sus problemas específicos. Ello, a su vez, se traduce en la protección y garantía de derecho, en particular el derecho a la salud, a la vida y al acceso a la justicia.

La idea de la “igualdad sustancial” parte de la afirmación de Aristóteles en el sentido de que la justicia consiste en tratar igual a los iguales y desigual a los desiguales. Es decir, no sería justo tratar como iguales a quienes no lo son y no lo pueden ser porque carecen de las posibilidades para alcanzar una situación igualitaria (Carbonell, 2009). Un enfoque jurídico o programático puramente formal no sería suficiente para lograr la igualdad de facto, o la mencionada “igualdad sustantiva”. Por tanto, es imperativo conseguir una “igualdad de resultados” mediante una estrategia eficaz y suficiente encaminada a corregir la representación insuficiente de una minoría, así como la redistribución de los recursos y el poder en favor de la protección y garantía de derechos para todas y todos (SCJN, 2013).

Podríamos suponer que los mestizos y las afrodescendientes son, en principio, iguales para el efecto de su tratamiento por la ley, pero si acudimos a las estadísticas comprobaremos que esa igualdad jurídica se materializa en severas desigualdades fácticas, lo cual significa, por ejemplo, que los afrodescendientes están relegados en muchos ámbitos no porque la ley les prohíba ingresar en ellos, sino porque las formas de convivencia social y muchos prejuicios se los impiden. Ello incluye los sesgos metodológicos, voluntarios o involuntarios, en el muestreo de información en relación con los grupos afrodescendientes en México.

Cualquier trato diferenciado que no sea objetivo y razonable constituye discriminación, la cual, como se ha dicho previamente, puede ser de tipo “racial”. Atendiendo al Protocolo para Juzgar con Perspectiva de Género, la discriminación es *directa* cuando tiene por objeto dar un trato diferenciado ilegítimo, en tanto que la *indirecta* se genera como resultado de leyes, políticas o prácticas que en apariencia son neutrales, pero que impactarán adversamente en el ejercicio de los de-

rechos de ciertas personas o grupos (SCJN, 2013), como es el caso de los grupos afrodescendientes en México en el muestreo de información de datos genéticos.

La Corte Interamericana de Derechos Humanos en el Caso Baldeón García vs. Perú (CoIDH, 2006) estableció que la presencia de condiciones de desigualdad real obliga a adoptar medidas de compensación que contribuyan a reducir o eliminar los obstáculos y deficiencias que impidan o reduzcan la defensa eficaz de los propios intereses. Si no existieran esos medios de compensación, difícilmente se podría decir que quienes se encuentran en condiciones de desventaja disfrutan de un verdadero acceso a la justicia en condiciones de igualdad con quienes no afrontan esas desventajas.

Aunado a lo anterior, en el caso Atala Riffo vs Chile, la CoIDH (2012) estableció que los estados deben abstenerse de realizar acciones que de cualquier manera vayan dirigidas, directa o indirectamente, a crear situaciones de desigualdad de derecho o de facto. Por tanto, los estados están obligados a adoptar medidas positivas para revertir o cambiar situaciones discriminatorias existentes en sus sociedades en perjuicio de determinado grupo de personas. Esto implica un deber especial de protección por parte del Estado respecto a las prácticas que terceros, bajo su tolerancia o aquiescencia, puedan crear, mantener o favorecer situaciones de discriminación.

En la legislación de nuestro país, en la Ley Federal para Prevenir y Eliminar la Discriminación, reformada el 20 de marzo de 2014, en su artículo 15 *Séptimus* se contempla que las acciones afirmativas son las medidas especiales, específicas y de carácter temporal a favor de personas o grupos en situación de discriminación, cuyo objetivo es corregir situaciones patentes de desigualdad en el disfrute o ejercicio de derechos y libertades, aplicables mientras subsistan dichas situaciones; entendiendo por acciones afirmativas las medidas para favorecer el acceso, permanencia y promoción de personas pertenecientes a grupos en situación de discriminación y subrepresentados en espacios educativos, laborales y cargos de elección popular a través del establecimiento de porcentajes o cuotas. La ley establece que estas acciones afirmativas serán prioritariamente aplicables a personas pertenecientes a grupos indígenas, además de mujeres, niñas, niños y adolescentes, personas con discapacidad, personas adultas mayores y, por supuesto, a los pueblos afrodescendientes.

En ese sentido, el Estado mexicano tiene la obligación de adoptar medidas de acción afirmativa para que por sí mismo, por conducto de sus propias autoridades, o mediante la actuación o práctica de terceros, proteja y garantice una igualdad de resultados para los grupos afrodescendientes en México; en particular mediante metodologías de investigación para la obtención de datos genéticos, así como el desarrollo de políticas de salud pública que incluyan a esos grupos. Ello les permitiría beneficiarse de la información genética, como lo prevé la Declaración Internacional sobre los Datos Genéticos Humanos (UNESCO, 2003), lo que también se traduce en la protección y garantía de derechos en particular, como el derecho a la salud, a la vida y al acceso a la justicia de las personas afrodescendientes en nuestro país.

Los problemas de la discriminación no se resolverán con los recursos de la tolerancia ni las libertades individuales porque son problemas que, desde el punto de vista jurídico y político, ponen en juego derechos colectivos, pero sobre todo porque plantean el problema clásico del acceso al poder y a la riqueza (González Martín, 2002). En términos generales, el problema surge cuando estos grupos tratan de definirse de acuerdo con criterios difíciles de conceptualizar y limitarse. Por ejemplo, aunque desde la perspectiva biológica el concepto de *raza* suele englobar grupos singularizados por características genéticas que son transmisibles mediante herencia, no existen en términos biológicos “razas humanas” y no puede establecerse una definición científica moderna aceptable de este concepto (Lipko y Di Pasquo, 2018; Sánchez, 2008), y hasta hoy en día es motivo de acalorados debates (Reich, 2018; Kahn *et al.*, 2018). Sin embargo, el método de relacionar las características genotípicas con la nacionalidad o el lugar de nacimiento es una herramienta usualmente empleada en estudios antropológicos y filogeográficos, ya que la información genética y genómica puede sustentar la conformación de grupos a los que puede correlacionarse una mayor prevalencia de determinado polimorfismo o variante genética (Feria, 2015).

Los principales estándares éticos para la aplicación de investigación genética en comunidades y poblaciones se basan en maximizar el beneficio, minimizar el daño, respetar la privacidad y la autonomía y garantizar la equidad (WHO, 1998 y 2006; Ten Kate *et al.*, 2010), además de contemplar los principios de justicia y autonomía de modo que se tenga en cuenta la asignación justa de los recursos públicos para que los servicios genéticos lleguen a todos los necesitados, así como el respeto por la diversidad humana, cultural y social (WHO, 2011).

Conclusiones

La genética y la genómica son ejemplos de disciplinas científicas de mayor desarrollo y que mayores dilemas bioéticos presenta (Beckwith, 2002; Penchaszadeh, 2006; Penchaszadeh, 2016). De acuerdo con la Organización Mundial de la Salud, el objetivo de la genética y la genómica en el campo de la salud es “ayudar a la gente con una desventaja de origen genético a vivir y reproducirse lo más normalmente posible” (WHO, 2003).

A nivel mundial se están desarrollando bases de datos genéticos y genómicos con fines en investigación, y es aquí donde los problemas éticos de esos proyectos están relacionados fundamentalmente con la obtención, contenido, propiedad y utilización de la información genética de los individuos y poblaciones incluidas en la base de datos. Existen cuestionamientos acerca de cómo y quién consiente ser incluido en una base de datos y qué tipo de consentimiento otorga.

Un segundo aspecto ético es que muchas poblaciones están subrepresentadas en los diversos repositorios de información, por lo que no es una problemática exclusiva de nuestra nación (Bustamante *et al.*, 2011; Popejoy y Fullerton, 2016). El tercer aspecto a destacar es que siempre

debe considerarse que en tales bases de datos existe el riesgo potencial de discriminación y estigmatización de individuos y comunidades por sus características genéticas, y en nuestro caso particular, la ausencia de su representación en las bases de datos públicas, ya sea por omisión consciente o inconsciente se genera una invisibilidad que repercute en beneficios en el diseño de estrategias preventivas, inclusión en los avances de la atención médica personalizada o en la planeación de políticas públicas de salud, por mencionar algunos aspectos relevantes. Para prevenir e impedir la discriminación es necesario respetar la privacidad de la información genética y promulgar medidas legislativas apropiadas (UNESCO, 2003). Sin embargo, aunque estas declaraciones proclaman que las bases de datos genéticos deben ser consideradas bienes públicos, no abordan explícitamente el problema de segregación de la información o, como es nuestro caso —y el principal tema en que pretendemos incidir con este trabajo—, la ausencia de información de minorías.

Finalmente, una vez que se incremente el esfuerzo de muestreo para establecer mayores coberturas a grupos humanos poco representados y mejores diseños experimentales para trabajo de campo de poblaciones representativas de diversos grupos indígenas, mestizos y afrodescendientes, tanto del pasado como contemporáneas, ello ofrecerá una mejor perspectiva al compararse con la información disponible hoy en día.

Bibliografía

- Aguirre Beltrán, Gonzalo (ed.) (1946). *La población negra de México. Estudio etnohistórico*. México: Fondo de Cultura Económica.
- Aguirre Beltrán, Gonzalo (2005). "La presencia del negro en México". *Revista del CESLA*, 7, pp. 351-367.
- Arnaiz-Villena et al. (2017). "HLA genes in Atlantic Celtic populations: are Celts Iberians?". *International Journal of Modern Anthropology*, 10, pp. 50-72.
- Baptista Rosas, Raúl Cuauhtémoc et al. (2019). "The Utility of Genomic Public Databases to Mitochondrial Haplotyping in Contemporary Mestizo Population of Mexican Origin." *Mitochondrial DNA Part A: DNA Mapping, Sequencing, and Analysis* 30(3), pp. 567-572.
- Barnett, Elizabeth (2011). "Somos costeños": Afro-Mexican Transnational Migration and Community Formation in Mexico and Winston-Salem, NC". History Honors Papers. Connecticut College, New London, Connecticut. Consultado en: <<https://digitalcommons.conncoll.edu/histhp/11>> el 2 de febrero de 2019.
- Beckwith, Jon (2002). "Geneticists in Society, Society in Genetics". En Alper J. S. et al., *The Double-Edged Helix. Social Implications in a Diverse Society* (pp. 39-57). Baltimore: The Johns Hopkins University Press.
- Behar, Doron M. et al. (2012). "A 'Copernican' Reassessment of the Human Mitochondrial DNA Tree from its Root". *American Journal of Human Genetics*, 90(4), pp. 675-684.
- Bryc, K., Véléz C. et al. (2010). "Genome-Wide Patterns of Population Structure and Admixture Among Hispanic/Latino populations". *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 107 (supl. 2), pp. 8954-8961.
- Buentello Malo, Leonor et al. (2008). "Genetic Admixture of Eight Mexican Indigenous Populations: Based on Five Polymarker, HLA-DQA1, ABO, and RH Loci". *American Journal of Human Biology*, 20 (6), pp. 647-650.
- Bustamante, Carlos et al. (2011) "Genomics for the world". *Nature*, 475, pp. 163-165.
- Carbonell, Miguel (2009). *La igualdad insuficiente. Propuesta de reforma constitucional en materia de no discriminación*. Instituto de Investigaciones Jurídicas-UNAM / Comisión Nacional de los Derechos Humanos / Consejo Nacional para Prevenir la Discriminación.
- Castillo Figueroa, Giovanni (2016). *Afrodescendencias plurales. Mirada etnográfica a las narrativas de la identidad afrodescendiente en la costa chica de Guerrero*. México: Trama.
- Castrí, Loredana et al. (2009). "mtDNA Variability in Two Bantu-Speaking Populations (Shona and Hutu) from Eastern Africa: Implications for Peopling and Migration Patterns in Sub-Saharan Africa". *American Journal of Physical Anthropology*, 140, pp. 302-311.
- Castro Lucic, Milka (2008). "América Latina y la diversidad cultural del siglo XXI". *Revista del CESLA*, 11, pp. 19-33.
- Colette, G. (2016). "Femmes et théories de la société: remarques sur les effets théoriques de la colère des opprimés". *Sexe, race et pratique du pouvoir*. París: Coté-femmens.
- Comisión Económica para América Latina y el Caribe (CEPAL) (2017). *Situación de las personas afrodescendientes en América Latina y desafíos de políticas para la garantía de sus derechos*. Santiago de Chile: CEPAL.

- Corte Interamericana de Derechos Humanos (CoIDH) (2006). Caso Baldeón García vs. Perú. Sentencia de 6 de abril de 2006. Párr. 202.
- ____ (2012) Caso Attala Rifo y niñas vs Chile. Sentencia de 24 de febrero de 2012. Párr. 80.
- Centro Latinoamericano y Caribeño de Demografía / CEPAL (2013). *La salud de los pueblos indígenas y afrodescendientes en América Latina*. Washington, D.C.: Organización Panamericana de la Salud.
- Consejo Nacional para Prevenir y Eliminar la Discriminación (Conapred) (2015). *Derechos colectivos y reconocimiento constitucional de las poblaciones afromexicanas* Colección Legislar sin Discriminación, tomo VII. México: Secretaría de Gobernación / Cámara de Diputados LXII legislatura / Conapred.
- Di Lipko, Paula y Pasquo, F. (2008). "De cómo la biología asume la existencia de razas en el siglo xx". *Scientiæ Zudia*, 6 (2), pp. 219-33.
- Domínguez Domínguez, Citlalli (2011). "El mestizaje y la 'invisibilidad' de los Afrodescendientes en Veracruz: Reflexiones desde la historia regional". En *Afrodescendencia: aproximaciones contemporáneas desde América Latina y el Caribe* (pp. 143-149). Ciudad de México: Centro de Información de las Naciones Unidas para México, Cuba y República Dominicana.
- Ely, Bert et al. (2006). "African-American mitochondrial DNAs often match mtDNAs found in multiple African ethnic groups". *BMC Biology*, 4: 34.
- Fendt, Liane et al. (2012). "Mtdna diversity of Ghana: a forensic and phylogeographic view". *Forensic Science International: Genetics*, 6 (2), pp. 244-249.
- Feria Basilio, Iluminada del Rocío (2015). "Antesala al tratamiento jurídico de la enfermedad como elemento diferenciador: la discriminación por causa genética". *Revista Internacional y Comparada de Relaciones Laborales y Derecho del Empleo*, 3 (1), pp. 2-30.
- Fernández Ham, Patricia, y Melesio Nolasco, Marisol (2016). *Estudio especial de la CNDH sobre la situación de la población afrodescendiente de México a través de la encuesta intercensal 2015*. México: Comisión Nacional de los Derechos Humanos.
- García Mundo, Octavio (2011). "La 'identidad negra' de habitantes de Coyolillo, Veracruz: aproximación inicial". En *Afrodescendencia: Aproximaciones contemporáneas desde América Latina y el Caribe* (pp. 166-175). México: Centro de Información de las Naciones Unidas para México, Cuba y República Dominicana.
- Green, Lance D. et al. (2000). "mtDNA affinities of the peoples of North-Central Mexico". *American Journal of Human Genetics*, 66, pp. 989-998.
- González Martín, N. (2002). "Igualdad y discriminación genética". En *Temas selectos de salud y derecho*. México: Instituto de Investigaciones Jurídicas-UNAM., pp. 139-151.
- González, Ana María et al. (2006). "Mitochondrial DNA Variation in Mauritania and Mali and their Genetic Relationship to Other Western Africa Populations." *Annals of Human Genetics*, 70, pp. 631-657.
- Guardado Estrada, Mariano et al. (2008). "A great diversity of Amerindian mitochondrial DNA ancestry is present in the Mexican mestizo population". *Journal of Human Genetics*, 54 (12), pp. 695-705.
- Hajje, Abdelhafidh et al. (2018). "The genetic heterogeneity of Arab populations as inferred from HLA genes." *Public Library of Science ONE (PLoS ONE)*, 13 (3), pp. e0192269.

- Instituto Nacional de Estadística y Geografía (INEGI) (2009). *Cronología de la estadística en México (1521-2008)*. México: INEGI.
- ____ (2015). *Encuesta intercensal 2015*. México: INEGI.
- ____ (2017). *Perfil sociodemográfico de la población afrodescendiente en México*. México: INEGI.
- Johnson, Derek et al. (2015). "Mitochondrial DNA diversity in the African American Population". *Mitochondrial DNA A: DNA Mapping, Sequencing, and Analysis*, 26 (3), pp. 445-451.
- Kahn, Jonathan et al. (2018) "How not to Talk about Race and Genetics". BuzzFeed News, 30 de marzo. Recuperado de: <https://www.buzzfeed.com/bfopinion/race-genetics-davidreich?utm_term=.sg2OO97pO#.lyDyyzmay>.
- Kemp, Brian M. et al. (2005). "An Analysis of Ancient Aztec mtDNA from Tlatelolco: Pre-Columbian Relations and the Spread of Uto-Aztecan". En *Biomolecular archaeology: genetic approaches to the past* (pp. 22-46). Reed D. M. (ed.) Carbondale: Center for Archaeological Investigations / Southern Illinois University.
- ____ (2010). "Evaluating the Farming/Language Dispersal Hypothesis with genetic variation exhibited by populations in the Southwest and Mesoamerica". *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 107 (15), pp. 6759-6764.
- Kumar, Satish et al. (2011). "Large scale mitochondrial sequencing in Mexican Americans suggests a reappraisal of Native American origins". *BMC Evolutionary Biology*, 11, p. 293.
- Lisker, R. et al. (1996). "Genetic Structure of Autochthonous Populations of Meso-America: Mexico". *Human Biology*, 68, pp. 395-404.
- López Beltrán, Carlos, y Vergara, Silva F. (2011). "Genómica nacional: el Inmegen y el genoma del mestizo". En López Beltrán, C. (coord.), *Genes (&) mestizos. Genómica y raza en la biomedicina mexicana* (pp. 9-142). México: Ficticia.
- Malhi, Ripan S. et al. (2003). "Native American mtDNA prehistory in the American Southwest". *American Journal of Physical Anthropology*, 120 (2), pp. 108-24.
- Mata-Míguez, Jaime et al. (2012) "The Genetic Impact of Aztec Imperialism: Ancient Mitochondrial DNA Evidence from Xaltocan, Mexico". *American Journal of Physical Anthropology*, 149, pp. 504-516.
- Martínez Cortés, Gabriela et al. (2012) "Admixture and population structure in Mexican-Mestizos based on paternal lineages." *Journal of Human Genetics*, 57(9), pp. 568-574.
- ____ (2013). "Maternal Admixture and Population Structure in Mexican-Mestizos Based on mtDNA Haplogroups". *American Journal of Physical Anthropology*, 151, pp. 526-537.
- Martínez Maignac, Verónica et al. (2007) "Admixture in Mexico City: Implications for admixture mapping of type 2 diabetes genetic risk factors". *Human Genetics*, 120 (6), pp. 807-819.
- Moreno, Andrés, y Sandoval K. (2013). "Diversidad genómica en México. Pasado indígena y mestizaje". *Cuicuilco*, 58, pp. 249-275.
- ____ et al. (2014). "The Genetics of Mexico Recapitulates Native American Substructure and Affects Biomedical Traits". *Science*, 344 (6189), pp. 1280-1285.
- Navarrete, María Cristina (2005). *Génesis y desarrollo de la esclavitud en Colombia siglos XVI y XVII*. Cali: Universidad del Valle.

- Ngou-Mve, Nicolás (1994). *El África bantú en la colonización de México (1595-1640)*, Madrid: Consejo Superior de Investigaciones Científicas / Agencia Española de Cooperación Internacional.
- Organización de las Naciones Unidas (ONU) (1948a). Declaración Universal de los Derechos Humanos. Resolución de la Asamblea General 217 A (III), 10 de diciembre de 1948.
- ____ (1948b). Convención para la Prevención y la Sanción del Delito de Genocidio. Resolución 260 (III) de la Asamblea General, 9 diciembre de 1948.
- ____ (1963). Declaración Universal de los Derechos Humanos. Resolución 1904 (XVIII) de la Asamblea General, 20 de noviembre de 1963.
- ____ (1965). Convención Internacional sobre la Eliminación de todas las Formas de Discriminación Racial. Resolución 2106 A (XX) de la Asamblea General, 21 de diciembre de 1965.
- ____ (1966). Pacto Internacional de Derechos Civiles y Políticos. Resolución 2200 A (XXI) de la Asamblea General, del 16 de diciembre de 1966.
- ____ (1979). Convención sobre la Eliminación de todas las formas de Discriminación contra la Mujer. Asamblea General, 18 de diciembre de 1979.
- ____ (1989). Convención sobre los Derechos del Niño. Resolución 44/25 de la Asamblea General, del 20 de noviembre de 1989.
- ____ (1993). Declaración sobre los derechos de las personas pertenecientes a minorías nacionales o étnicas, religiosas y lingüísticas. Resolución 47/135 del 18 de diciembre de 1992.
- ____ (2010). *Derechos de las minorías: Normas internacionales y orientaciones para su aplicación*. Nueva York / Ginebra: ONU.
- Osborne, Raquel (1997). "Grupos minoritarios y acción positiva: las mujeres y las políticas de igualdad". *Papers. Revista de Sociología*, 53, pp. 65-76.
- Oven, Mannis van, y Kayser, Manfred (2009). "Updated comprehensive phylogenetic tree of global human mitochondrial DNA variation". *Human Mutation*, 30, pp. E386-E394.
- Palmer, Colin A. (1976). *Slaves of the White God: Blacks in Mexico 1570-1650*, Cambridge: Harvard University.
- ____ (2005). "México y la diáspora africana: algunas consideraciones metodológicas". En *Poblaciones y culturas de origen africano en México* (pp. 65-84). México: INAH.
- Penchaszadeh, Víctor B. (2006). "Ética de la investigación en genética humana". En *Ética de la investigación en seres humanos y políticas de salud pública* (pp. 87-111). Bogotá: UNESCO / Universidad Nacional de Colombia.
- ____ (2016). "Bioética y tecnociencia". *Escritos*, 24 (53), pp. 447-466.
- Popejoy, Alice B., y Fullerton, S. M. (2016). "Genomics is failing on diversity". *Nature*, 13; 538 (7624), pp. 161-164.
- Quiroz Malca, Haydée (2001). "Las nuevas diásporas de los afromexicanos y algunos de sus efectos en las culturales locales". *Diásporas Afroamericanas. Memoria & Sociedad*, 7 (15), pp. 229-237.
- Rangel Villalobos, Héctor et al. (2008). "Genetic Admixture, Relatedness, and Structure Patterns Among Mexican Populations Revealed by the Y-Chromosome". *American Journal of Physical Anthropology*, 135 (4), pp. 448-461.

- ____ (2009). "South to North Increasing Gradient of Paternal European Ancestry throughout the Mexican Territory: Evidence of Y-linked short tandem repeats". *Forensic Science International: Genetics Supplement Series 2*, pp. 448-450.
- Reich, David (30 de marzo de 2018). "How to Talk About 'Race' and Genetics". *New York Times*. Recuperado de <<https://www.nytimes.com/2018/03/30/opinion/race-genetics.html>> el 1 abril de 2018.
- Rojas, D. (1996). "Los negros en México, investigación: Gonzalo Aguirre Beltrán hecha en 1948 y 1949". Recuperado de <www.folklorico.com/peoples/negros.html> el 9 julio de 2006. El vínculo no funciona
- Sánchez Arteaga, J. M. (2008). "La biología humana como ideología: el racismo biológico y las estructuras simbólicas de dominación racial a fines del siglo XIX". *Theoria*, 61, pp. 107-124.
- Schroeder H. et al. (2015). "Genome-wide Ancestry of 17th-Century Enslaved Africans from the Caribbean". *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 112 (12), pp. 3669-3673.
- Silva-Zolezzi, I. et al. (2009). "Analysis of Genomic Diversity in Mexican Mestizo Populations to Develop Genomic Medicine in Mexico." *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 106 (21), pp. 8611-8616.
- Suárez Blanch, Claudia (1999). "La reconstrucción de la identidad de los grupos negros de México: un recorrido histórico". *Dimensión Antropológica*, 16, pp. 127-168. Recuperado de <<http://www.dimensionantropologica.inah.gob.mx/?p=1211>> el 31 marzo 2018.
- Suprema Corte de Justicia de la Nación (SCJN) (2013). *Protocolo para juzgar con perspectiva de género. Haciendo realidad el derecho a la igualdad*. México: Suprema Corte de Justicia de la Nación.
- Ten Kate, Leo et al. (2010). "Community genetics. Its definition 2010". *Journal of Community Genetics* 1, pp. 19-22.
- Torroni, Antonio et al. (1992) "Native American mitochondrial DNA analysis indicates that the Amerind and the Nadene populations were founded by two independent migrations". *Genetics*, 130 (1), pp.153-162.
- ____ (1996). "Classification of European mtDNAs from an analysis of three European populations". *Genetics*, 144 (4), pp. 1835-1850.
- UNESCO (2003). Declaración Internacional sobre los Datos Genéticos Humanos. 32 periodo de sesiones de la Conferencia General, 16 de octubre de 2003.
- Vázquez Fernández, Salvador (2008). "Las raíces del olvido. Un estado de la cuestión sobre el estudio de las poblaciones de origen africano en México". En Gladys Lechini (comp.) *Los estudios afroamericanos y africano en América Latina: herencia, presencia y visiones del otro* (pp. 185-209). Córdoba: Ferreyra Editor/ Centro de Estudios Avanzados: Programa de Estudios Africanos/ Consejo Latinoamericano de Ciencias Sociales.
- Velázquez, María Elisa (2006). *Mujeres de origen africano en la capital novohispana, siglos XVII y XVIII*, México: Instituto Nacional de Antropología e Historia/ Programa Universitario de Estudios de Género-UNAM.
- ____ (2011a). "Africanos y afrodescendientes en México: premisas que obstaculizan entender su pasado y presente". *Cuicuilco*, 51, pp. 11-22.

- ____ (2011b). "Aportes y debates: reciente publicación estadounidense sobre africanos y afrodescendientes en México". *Cuicuilco*, 51, pp. 233-239.
- Vila Vilar, Enriqueta (1977). *Hispanoamérica y el comercio de esclavos*. Sevilla: Escuela de Estudios Hispano Americanos.
- Vinson, Ben, y Restall, Matthew (eds.) (2009). *Black Mexico. Race and Society from Colonial to Modern Times*. Albuquerque: University of New Mexico.
- Weltman-Cisneros et al. (2013). "Negros-afromexicanos: Recognition and the Politics of Identity in Contemporary Mexico". *Journal of Pan African Studies*, 6 (1), pp. 140-156.
- World Health Organization (WHO) (1998). *Proposed international guidelines on ethical issues in medical genetics and genetic services: Report of who meeting on ethical issues in medical genetics*. Ginebra: World Health Organization.
- ____ (2003). *Genetic databases: assessing the benefits and the impact on human and patient rights*. Ginebra, World Health Organization.
- ____ (2006). Medical genetic services in developing countries: The ethical, legal, and social implication of genetic testing and screening. World Health Organization. Recuperado de <<https://apps.who.int/iris/handle/10665/43288>>.
- ____ (2011). Community genetics services. Report of a WHO Consultation on community genetics in low- and middle-income countries. World Health Organization. Recuperado de <<https://apps.who.int/iris/handle/10665/44532>>.