

¿MADRE HAY UNA SOLA?. FILOGEOGRAFIA DEL ADN MITOCONDRIAL Y EL POBLAMIENTO HUMANO DE AMERICA

Bravi, Claudio M.

IMBICE, Casilla de Correo 403, 1900 La Plata, República Argentina.
cmbravi@yahoo.com.ar

Un patrón de herencia uniparental libre de recombinación unido a una alta tasa de evolución molecular ha hecho del ADNmt una herramienta de alta resolución en el estudio del origen y evolución de las poblaciones humanas. La existencia de una robusta filogenia global, basada en >2.000 genomas mitocondriales completos, y de más de 30.000 secuencias de la Región Hipervariable I (RHV-I) publicadas a la fecha permiten evaluar los patrones de distribución étnico/geográfica y las afinidades extracontinentales de los linajes maternos presentes en América.

El análisis de ~4.000 RHV-I publicadas para Nativos Americanos permite describir:

- a) una distribución recíprocamente excluyente para varios grupos monofiléticos de linajes maternos;
- b) un origen “híbrido” para las poblaciones peri-árticas;
- c) una notable pérdida de diversidad respecto de Asia: en todo el continente americano, desde Alaska a la Patagonia, coexisten hoy menor cantidad de haplogrupos y sub-haplogrupos mitocondriales que en cualquier población indígena siberiana.