

DISTRIBUCION DE HAPLOGRUPOS MITOCONDRIALES ALOCTONOS EN POBLACIONES RURALES DE CORDOBA Y SAN LUIS

Maia Pauro¹, Angelina García¹, Claudio M. Bravi² y Darío A. Demarchi^{1*}

¹Laboratorio de Bioantropología. Museo de Antropología. Facultad de Filosofía y Humanidades. Universidad Nacional de Córdoba. Argentina

²Instituto Multidisciplinario de Biología Celular (IMBICE) CCT-CONICET-La Plata. La Plata. Argentina

PALABRAS CLAVE linajes maternos; migración; sierras centrales; europeos; africanos; ADNmt

RESUMEN La población humana actual de Argentina y de Latinoamérica en general es el resultado de cinco siglos de contacto entre los nativos americanos y las poblaciones migrantes, principalmente de Europa y África. En estudios llevados a cabo previamente por nuestro grupo en el Museo de Antropología de la Universidad Nacional de Córdoba, se determinó en 13 poblaciones rurales de Córdoba y San Luis que aproximadamente el 80% de los genomas mitocondriales analizados eran de origen amerindio. En el presente trabajo nos propusimos determinar la procedencia continental de los linajes maternos en aquellos individuos que no presentaron haplogrupos amerindios. Para ello se analizó el ADN de 98 individuos por PCR-RFLP en dos marcadores mitocondriales que sirven de diagnóstico de origen étnico-geográfico. Los resultados indican que en las muestras poblacionales de Córdoba existe en promedio, un 16% de haplogrupos europeos y un 8% de linajes africanos, mientras que en San Luis la incidencia

es de 9% y 3%, respectivamente. Los análisis estadísticos no arrojaron diferencias significativas en la distribución de linajes maternos entre poblaciones dentro de cada provincia. Por el contrario, las diferencias entre los totales muestrales de ambas provincias son estadísticamente significativas, hecho que sugiere que los límites políticos y las historias particulares de cada provincia influyeron en la composición actual de sus poblaciones. Córdoba fue desde la época colonial un importante centro económico y comercial y esto se refleja en un componente mayor de ADN no amerindio (tanto europeo como africano) comparado con San Luis. La comparación entre pares de poblaciones de la provincia de Córdoba, por otra parte, muestra algunas diferencias regionales en la distribución de linajes europeos y africanos entre las poblaciones del área serrana y las de la llanura, hecho que parece reflejar diferencias en los movimientos migratorios ocurridos en el pasado reciente. *Rev Arg Antrop Biol* 12(1):47-55, 2010.

KEY WORDS maternal lineages; migration; sierras centrales; european descendants; african descendants; mtDNA

ABSTRACT The human population of Argentina and Latin America in general is the result of five centuries of contact between the Native Americans and migrant populations, mainly from Europe and Africa. In earlier studies conducted at the Museum of Anthropology of the Universidad Nacional de Córdoba, it was found in 13 rural villages of Córdoba and San Luis that approximately 80% of the analyzed mitochondrial genomes were of Amerindian origin. In the present study we investigated the continental origin of maternal lineages in those individuals analyzed in that study who had no Native American haplogroups. With this purpose we analyzed the DNA of 98 individuals by PCR-RFLP in two mitochondrial markers employed for diagnosis of ethnic-geographical origins. The results indicate that the sample of Córdoba possesses, on average, 16% of European haplogroups and 8% of African lineages, while in San Luis the incidence is 9% and 3%,

respectively. Statistical analysis yielded no significant differences in the distribution of maternal lineages among populations within each province. On the contrary, the differences between the total sample in both provinces are statistically significant, suggesting that the political boundaries and histories of each province influenced on the current composition of the populations. Córdoba was in the colonial times a major economic and commercial center, and this is reflected in a greater foreign DNA component (both European and African) when compared to San Luis. The comparison between pairs of populations in the province of Córdoba, on the other hand, shows some regional differences in the distribution of European and African lineages between the populations from the mountains area and the plains, which seem to reflect differences in the migratory movements in the recent past. *Rev Arg Antrop Biol* 12(1):47-55, 2010.

Financiamiento: ANPCyT (FONCyT, PICT 2003-15187 y PICT 2007-1549).

*Correspondencia a: Darío Demarchi. Museo de Antropología. Facultad de Filosofía y Humanidades. Universidad Nacional de Córdoba. Av. Hipólito Yrigoyen 174. 5000 Córdoba. Argentina. E-mail: demarchi@ffyh.unc.edu.ar

Recibido 16 Septiembre 2010; aceptado 23 Noviembre 2010

La población humana actual de Argentina y de Latinoamérica en general, es el resultado de cinco siglos de contacto entre los nativos americanos y las poblaciones migrantes, principalmente de Europa y África. Gracias a las herramientas moleculares que emplea la an-

tropología genética, la contribución relativa de esas poblaciones continentales al pool génico de las poblaciones neoamericanas puede ahora ser estudiado. Los polimorfismos del ADN mitocondrial (ADNmt) resultan particularmente útiles para estudios filogeográficos, es decir para el “estudio de los principios y procesos que gobiernan la distribución geográfica de una filogenia intraespecífica de genes o haplotipos” (Avice, 2000). A través del análisis de la variación del ADNmt pueden identificarse los linajes genéticos presentes dentro de las poblaciones e inferir la manera en que esos linajes se dispersaron a lo largo de determinadas áreas geográficas (Schurr y Sherry, 2004). Los marcadores del ADNmt más utilizados consisten principalmente en polimorfismos de longitud de los fragmentos de restricción o RFLPs y secuenciamiento de la Región Control del cromosoma mitocondrial (regiones hipervariables I, II y III). Estos polimorfismos definen los principales linajes o haplogrupos mitocondriales, que son considerados como relativamente estables, ya que las reversiones son eventos poco comunes (Crawford, 2006). Además, el genoma mitocondrial muestra una fuerte estructura genética entre continentes, al punto que casi todos los haplogrupos están confinados a un solo continente (Jobling et al., 2004). De esta manera se pueden distinguir los macrohaplogrupos L (Africa), N y M (Eurasia) y dentro de estos últimos, los haplogrupos A, B, C, D y X, característicos de los nativos americanos (Schurr et al., 1990; Torroni et al., 1992, 1993; Santos et al., 1996; Bonatto y Salzano, 1997; Brown et al., 1998; Salas et al., 2002; Bermisheva et al., 2003).

Las diferencias en la composición de las poblaciones suelen explicarse como resultado de las diferentes historias demográficas de cada lugar (Bravi et al., 1997; Avena et al., 2001, 2009; Salas et al., 2004; Fejerman et al., 2005; Wang et al., 2008). Por otro lado, las diferencias entre los resultados de linajes maternos y paternos, común en las poblaciones mestizas americanas, implica un patrón asimétrico de cruzamiento que habría involucrado principalmente a hombres europeos y mujeres

amerindias y africanas (Dipierri et al., 1998; Santos et al., 1999; Mesa et al., 2000; Carvalho et al., 2008; Wang et al., 2008).

En trabajos anteriores y en el marco de un proyecto interdisciplinario que se lleva a cabo en el Museo de Antropología (FFyH, UNC), se determinó el origen amerindio en aproximadamente el 80% de los genomas mitocondriales de individuos procedentes de distintas poblaciones rurales de Córdoba y San Luis (García y Demarchi, 2006, 2009). En el presente trabajo nos propusimos determinar el origen geográfico de los linajes maternos de aquellos individuos analizados en ese proyecto, que no presentaron haplogrupos amerindios, a través del estudio de polimorfismos del ADN mitocondrial que identifican linajes europeos y de Medio Oriente y del Africa sub-sahariana.

MATERIAL Y METODOS

La muestra

Durante el período 2004-2008 se tomaron muestras en nueve localidades del interior de la provincia de Córdoba y una de San Luis, situadas en la zona serrana y la llanura al sur de Mar Chiquita, en el marco del proyecto “Historia de las poblaciones prehispánicas del actual territorio de la Provincia de Córdoba: evidencias bioantropológicas y modelos arqueológicos” (PICT 2003-15185). En el año 2009 y como parte del presente trabajo, se realizó una campaña en la que se recolectaron muestras de 3 localidades diferentes de la provincia de San Luis, ubicadas en el faldeo occidental de las sierras de Comechingones (Figura 1). En el contexto del proyecto originalmente propuesto, los sitios de muestreo se seleccionaron bajo el supuesto de que contienen una alta proporción del “pool” génico de las poblaciones amerindias que habitaron originalmente la región (García y Demarchi, 2006, 2009).

Se tomaron muestras de hisopado bucal a individuos no emparentados entre sí, previo consentimiento informado, en hospitales públicos. Para cada uno de los donantes se

HAPLOGRUPOS MITOCONDRIALES EN CORDOBA Y SAN LUIS

completó una planilla con preguntas relacionadas con la procedencia de sus antepasados. Las muestras correspondientes a participantes cuyos ancestros maternos provenían de otras provincias o países, fueron excluidas del análisis y las que provenían de alguna de las otras localidades muestreadas fueron relocalizadas. Estas consideraciones permitieron disminuir el sesgo en la asignación de los individuos a las localidades muestreadas.

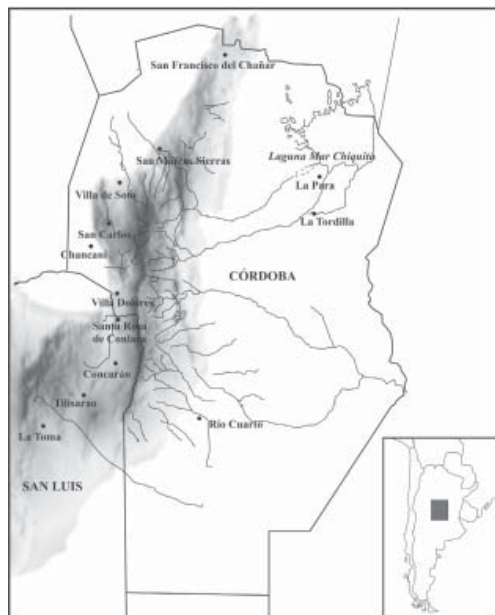


Fig. 1. Mapa con la localización geográfica de las localidades estudiadas.

Métodos de laboratorio

El ADN genómico fue extraído de células epiteliales de la mucosa bucal obtenidas mediante hisopado bucal usando el kit IsoQuick (Orca Research, Bothell, Washington).

La estrategia de tipificación fue diseñada teniendo en cuenta la filogenia del ADNmt humano basada en genomas completos (para una versión permanentemente actualizada consultar phyloree.org, van Oven y Kayser, 2009). Brevemente, los súper-haplogrupos M y N son las únicas ramas derivadas del súper-haplogrupo L3 que abandonaron África y colonizaron exitosamente el resto del mundo.

Mientras que N tiene una amplia distribución pan-euroasiática y también está presente en el norte de África y Oceanía, M está restringido a Oceanía y las porciones central, sureña y oriental de Asia. Un único grupo monofilético de linajes perteneciente a M, el haplogrupo M1, tiene presencia en baja frecuencia en Europa, Medio Oriente y Norte de África (Olivieri et al., 2006). Los haplogrupos americanos A2, B2, X2a y X2g pertenecen a N, mientras que C1, C4c, D1, D2, D3 y D4h3 son parte de M.

Las muestras fueron analizadas secuencialmente mediante PCR-RFLP, de modo tal que aquellas no asignadas a los haplogrupos americanos A-D en trabajos previos (García y Demarchi, 2006, 2009) fueron estudiadas inicialmente para el polimorfismo en la posición 10873, una de las cinco mutaciones que define al super-haplogrupo N. El alelo 10873*T crea un sitio de reconocimiento para *MnII* en posición 10871 y permite la asignación de sus portadores a N. Aquellos linajes que resultaron *-MnII* 10871 fueron analizados para la posición 10400, en la que un polimorfismo C→T, que es diagnóstica del súper-haplogrupo M, crea un sitio de reconocimiento para *AluI* en 10397. Finalmente, toda muestra que resultó negativa tanto para la presencia de *MnII* 10871 como para la de *AluI* 10397 fue asignada al para-haplogrupo L y por lo tanto considerada de origen africano (ver Tabla 1). En el contexto migratorio argentino, la inmensa mayoría de las muestras asignables a N probablemente provendrían de Europa y/o Medio Oriente, mientras que las asignables a M derivarían o bien del este asiático (Japón, Corea, China) o bien de Europa, Medio Oriente o Norte de África (haplogrupo M1).

Para las reacciones de PCR se siguió el protocolo estándar de Promega para la Taq polimerasa GoTaq. Las condiciones de ciclado fueron las mismas para los dos marcadores: 5 minutos de desnaturalización inicial a 94°C y 35 ciclos de desnaturalización a 94°C por 30 segundos, hibridación a 54°C por 30 segundos y extensión a 72°C durante 45 segundos, seguidos por una extensión final de 5 minutos

TABLA 1. Polimorfismos analizados para determinar los linajes maternos de las muestras

10873	10400	haplogrupo	RFLP
T	C	N	+ <i>MnI</i> I 10871
C	T	M	- <i>MnI</i> I 10871; + <i>Alu</i> I 10397
C	C	L	- <i>MnI</i> I 10871; - <i>Alu</i> I 10397

a 72°C. Los productos de PCR fueron digeridos con las enzimas correspondientes y corridos en geles de agarosa (2%) junto con un marcador de peso molecular (Cincuenta-Marker, Biodynamics SRL). Las corridas se realizaron en buffer TBE 0,5X, a 120 voltios durante 40 minutos en el caso de *MnI* 10871 y durante 20 minutos en *AluI* 10397. Por último, los geles fueron teñidos con GelStar (Lonza) visualizados en transiluminador de luz ultravioleta.

Debido a que 5 de los individuos tipificados por RFLP fueron asignados al macrohaplogrupo M (lo que implicaría una procedencia del este de Asia) y dada la baja probabilidad de migrantes de ese origen en las localidades relevadas, para confirmar se procedió a la secuenciación de la región hipervariable I (RHVI) del ADNmt de estos individuos. Con este propósito se amplificó por PCR el fragmento comprendido entre los nucleótidos 15971 y 16412 siguiendo el protocolo descrito por Bravi (2005). Los productos de PCR fueron enviados a Macrogen (Corea) para su secuenciación. Las secuencias fueron posteriormente corregidas manualmente, alineadas y comparadas con la Secuencia de Referencia corregida de Cambridge (Andrews et al., 1999) utilizando el programa Mega versión 3.1 (Kumar et al., 2004).

Procesamiento estadístico

Las frecuencias de haplogrupos por población se calcularon por conteo directo. Las diferencias en las distribuciones de haplogrupos entre poblaciones de cada provincia (Córdoba y San Luis) y entre provincias se evaluaron a través del Test Exacto (Raymond y Rousset, 1995).

Posteriormente se realizó el Análisis Molecular de la Varianza (AMOVA) (Excoffier et al., 1992) entre poblaciones, para cada provincia separadamente (Córdoba y San Luis) y entre provincias. Los cálculos del Test Exacto y del AMOVA se llevaron a cabo mediante el programa Arlequín 3.11 (L. Excoffier, University of Berne).

Además, se realizó un Análisis Espacial de la Varianza Molecular (SAMOVA) (Dupanloup et al., 2002). A diferencia del AMOVA, en el cual los grupos de poblaciones son definidos a priori (en este caso en base a límites políticos), SAMOVA permite encontrar la estructura poblacional basándose solamente en datos genéticos. Agrupa las poblaciones en K grupos (definidos a priori por el investigador) en la configuración con el máximo F_{CT} asociado, que es la proporción de la variación genética total debida a diferencias entre grupos de poblaciones. En todos los casos se definió un nivel de significación estadística de 0,05.

RESULTADOS

De las 98 muestras de ADN analizadas para el polimorfismo *MnI* 10871, 63 presentan el sitio de restricción +*MnI* 10871 por lo que fueron asignados al macrohaplogrupo N, que comprende linajes de origen europeo y de Medio Oriente. Las 35 muestras restantes, *MnI* 10871 (-) fueron posteriormente tipificadas para el polimorfismo *AluI* 10397, para poder discernir si correspondían a los macrohaplogrupos M o L. Como resultado, 30 individuos *AluI* 10397 (-), fueron asignados al macrohaplogrupo L, de procedencia africana, mientras que los restantes 5 fueron asigna-

HAPLOGRUPOS MITOCONDRIALES EN CORDOBA Y SAN LUIS

dos al macrohaplogrupo M, lo que sugeriría, al no pertenecer a los linajes americanos C y D, que son de origen asiático. Para confirmar ese origen se procedió a la secuenciación de la RHV-I de estos individuos. Desafortunadamente, pese a varios intentos, tres de las muestras no amplificaron para este fragmento, por lo que fueron descartadas del análisis. De las otras dos muestras, una presenta las cuatro transiciones que definen el haplogrupo C1, de origen americano (16223, 16298, 16325 y 16327) y otra presenta tres de ellas, careciendo de 16298, por lo cual ambas pueden ser asignadas al haplogrupo C1, con una de ellas portando una reversion para 16298 (Tamm et al., 2007). Este resultado implica que esos 2 individuos son revertantes, es decir que han recuperado el alelo ancestral en la posición 13263, donde un cambio A>G crea la mutación característica del haplogrupo C que destruye el sitio *HincII* 13259 y simultáneamente crea un sitio *AluI* 13262 (Torres et al., 2006; Motti et al., 2009).

La Tabla 2 muestra el número y porcentaje de haplogrupos mitocondriales amerindios, europeos y africanos por población y por provincia. El Test Exacto indica que no hay diferencias significativas entre las poblaciones de

Córdoba ($p = 0,107$) ni las de San Luis ($p = 0,512$), pero sí cuando las frecuencias totales de ambas provincias son confrontadas entre sí ($p = 0,014$). En la provincia de Córdoba, comparando entre pares de poblaciones, Río Cuarto (que no posee haplogrupos africanos) se diferencia significativamente de San Francisco del Chañar, San Marcos Sierras, Villa de Soto y Chancaní (donde se observan mayores incidencias de haplogrupos africanos). A su vez, San Francisco del Chañar (que posee la menor incidencia de haplogrupos europeos) se diferencia significativamente de La Tordilla, La Para y Río Cuarto (localidades donde se observan las mayores incidencias de haplogrupos europeos). En cambio, las comparaciones entre pares de poblaciones de San Luis no arrojan diferencias significativas en ningún caso.

El test AMOVA indica que casi toda la variabilidad se distribuye dentro de las poblaciones, no existiendo estructura observable entre las poblaciones dentro de cada provincia (Córdoba: $F_{ST} = 0,003$, $p = 0,342$; San Luis: $F_{ST} = -0,002$, $p = 0,442$). Por otra parte y confirmando lo que se observara a través del Test Exacto, sí existen diferencias significativas en la distribución de linajes maternos entre ambas provincias ($F_{CT} = 0,024$, $p = 0,019$).

TABLA 2. Tamaño muestral y cantidad de haplogrupos amerindios, europeos y africanos por población y por provincia

	Población	N	Amerindios	Europeos	Africanos
Córdoba	San Francisco del Chañar	50	42 (84%)	2 (4%)	6 (12%)
	Villa de Soto	52	40 (77%)	7 (13%)	5 (10%)
	San Carlos Minas	19	15 (79%)	3 (16%)	1 (5%)
	San Marcos Sierras	28	21 (75%)	3 (11%)	4 (14%)
	Villa Dolores	33	27 (82%)	4 (12%)	2 (6%)
	Chancaní	22	16 (73%)	3 (13,5%)	3 (13,5%)
	La Para	55	42 (76%)	10 (18%)	3 (6%)
	La Tordilla	26	16 (62%)	7 (27%)	3 (11%)
	Río Cuarto	50	37 (74%)	13 (26%)	0 (0%)
	Total	335	256 (76%)	52 (16%)	27 (8%)
San Luis	Tilisarao	25	23 (92%)	1 (4%)	1 (4%)
	Concarán	21	17 (81%)	3 (14%)	1 (5%)
	Santa Rosa de Conlar	35	33 (94%)	2 (6%)	0 (0%)
	La Toma	38	32 (84%)	5 (13%)	1 (3%)
	Total	119	105 (88%)	11 (9%)	3 (3%)

La máxima estructura de la población se observa a través del test SAMOVA (Tabla 3) cuando se separa a las poblaciones en tres grupos ($k = 3$): Un grupo incluye a Tilisarao y Santa Rosa de Conlara (que causan la diferenciación entre provincias), otro aísla a La Tordilla y un tercero que agrupa al resto de las poblaciones. El valor F_{CT} asociado a $k=2$ es mayor pero no es estadísticamente significativo y los valores F_{CT} asociados a $k > 3$ son menores, por lo que $k=3$ representa la configuración de máxima diferenciación entre grupos.

TABLA 3. Análisis espacial de la varianza (SAMOVA), $k = 3$

Varianza entre grupos	0.0089 (4.98%)
Varianza entre poblaciones dentro de grupos	-0.0010 (-0.54%)
Varianza dentro de poblaciones	0.1705 (95.56%)
F_{CT}	0.049
P	0.001

DISCUSION

Aunque históricamente se ha instalado en Argentina la idea de que sus habitantes son en su gran mayoría descendientes de europeos, el estudio de la demografía histórica y de la composición genética de las poblaciones contemporáneas, muestra que esta presunción es errónea (Andrews, 1989; Avena et al., 2001, 2009; Corach et al., 2010). A pesar de siglos de colonización y de la desaparición de numerosos grupos étnicos originarios, el “pool” génico materno de las poblaciones humanas de la región central de Argentina está constituido principalmente por linajes amerindios (García y Demarchi, 2006, 2009).

Por otra parte, como muestra el presente estudio, a pesar de la negación de la existencia de afroargentinos, el componente africano está presente en casi todas las poblaciones estudiadas. Es interesante señalar que ninguno de los individuos participantes en este estudio mencionó en la entrevista poseer ancestros africanos. Estos resultados no sólo contrastan con la concepción actual del origen de los argentinos sino también con los censos de los siglos

XVIII-XIX y más que indicar un cambio en la composición de la población, apoyan la hipótesis de un proceso de “blanqueamiento” de la sociedad que resultó en el desconocimiento actual de todo ancestro no europeo (Andrews, 1989; Picotti, 1998; Frigerio, 2006).

Aunque la confiabilidad de los censos realizados en sociedades preindustriales es problemática (Andrews, 1989), la categoría libre/esclavo sí podría resultar más informativa que las categorías étnicas para la estimación del componente materno africano. En 1778 la población de la zona de Córdoba incluida en este estudio tenía un promedio de 8% de esclavos y tal como que el ADN mitocondrial, la esclavitud se heredaba por línea materna (Celton, 1987:249). Una de las uniones más frecuentes era entre hombres esclavos y mujeres indígenas, lo que permitía a la descendencia eludir la esclavitud (López, 2006), descendencia que formaría parte de la fracción libre, afroargentina y mestiza de las “castas”.

La distribución homogénea de los haplogrupos mitocondriales entre las poblaciones, tanto de Córdoba como de San Luis, sugiere una historia reciente similar dentro de ambas provincias. Por otra parte, las diferencias significativas que se observan en la distribución de haplogrupos entre provincias, sugiere que ese límite político (que existió desde los principios de la colonia) influyó en la configuración genética de las poblaciones que se fueron formando. Esto coincide con lo observado a partir del análisis de haplogrupos amerindios (García y Demarchi, 2009), aunque en este caso el nivel temporal de análisis es más profundo. Córdoba fue desde la colonia un importante centro económico y comercial y esto se refleja en un componente mayor de ADN alóctono (europeo y africano) comparado con San Luis.

Si bien a través de los análisis llevados a cabo con el test exacto y AMOVA muestran una nítida diferenciación genética entre provincias, la máxima diferenciación entre grupos se obtiene cuando se ordenan las poblaciones en tres grupos como resultado del test SAMOVA (Tabla 3). El grupo de Santa Rosa de

HAPLOGRUPOS MITOCONDRIALES EN CORDOBA Y SAN LUIS

Conlara y Tilisara y el grupo de La Tordilla representan el de menor y mayor introgresión de ADN foráneo, respectivamente. El hecho que las otras dos poblaciones de San Luis se agrupan con las de Córdoba podría deberse a que fueron receptoras de migrantes de los fluidos movimientos de población que existen desde la época colonial entre San Luis y el departamento Traslasierra (Tell, 2008). Por otro lado, la mayor incidencia de linajes maternos europeos en La Tordilla, La Para y Río Cuarto (Tabla 2) con respecto al resto de las poblaciones analizadas se debería a que las últimas representan el área de antigua ocupación (las sierras), mientras que las primeras constituyen el área de ocupación más reciente (la llanura). Este cambio en la valorización y poblamiento de las regiones ocurrió justo antes de la llegada masiva de inmigrantes europeos, que se habrían instalado en los lugares más activos económicamente: las grandes ciudades y el territorio pampeano, por lo que resulta lógico que los estudios genéticos realizados en estas zonas muestren un componente europeo mayor (Avena et al., 2001; Corach et al., 2010). Al comparar entre pares de poblaciones de Córdoba (Test Exacto), esta distribución diferencial se observa entre Río Cuarto (una ciudad grande de la llanura) y las localidades de San Marcos Sierra, San Francisco del Chañar, Villa de Soto y Chancaní y entre La Tordilla y La Para (ubicadas en la llanura) y San Francisco del Chañar (que posee un mínimo de haplogrupos europeos).

El análisis por RFLP asignó 5 individuos al macrohaplogrupo M. Dado que ninguno de ellos posee los polimorfismos propios de un haplogrupo amerindio, al analizarlos por RFLP, a primera vista este resultado indicaría para ellos un posible origen asiático. Considerando que la migración asiática a Argentina es reciente (del último siglo) y que se concentra en las grandes ciudades (Pellegrino, 2002), se secuenciaron esas muestras en la RHVI para confirmar de manera inequívoca el origen de esos genomas. El análisis de las secuencias demostró que en realidad dos de esas muestras sí poseen haplogrupos amerindios (C) pero son

revertantes para el polimorfismo que los define como tales a través del análisis por RFLP (Torres et al., 2006; Motti et al., 2009). Otros revertantes C han sido reportados en las provincias de Mendoza y San Juan (Motti et al., 2009), pero sería necesario hacer una comparación más detallada entre ambos grupos de secuencias para confirmar la existencia de una relación filogeográfica entre ellos. Por otro lado, los individuos que presentaron el polimorfismo +*MnII* 10871 fueron asignados al macrohaplogrupo N, procedente de Europa y Medio Oriente, por lo tanto en caso de existir revertantes de los haplogrupos A y B, no fueron detectados en este trabajo.

AGRADECIMIENTOS

Se agradece a todas las personas que participaron en esta investigación a partir de la donación de muestras biológicas y a quienes dieron apoyo logístico en hospitales y dispensarios de salud para que el muestreo pudiera ser realizado.

LITERATURA CITADA

- Andrews G. 1989. Los Afroargentinos de Buenos Aires. Buenos Aires: Ediciones de La Flor.
- Andrews RM, Kubacka I, Chinnery PF, Lightowlers RN, Turnbull DM, Howell N. 1999. Reanalysis and revision of the Cambridge reference sequence for human mitochondrial DNA. *Nature Genetics* 23(2):147.
- Avena SA, Goicoechea AS, Dugoujon JM, Slepoy MG, Slepoy AS, Carnese FR. 2001. Análisis antropológico de los aportes indígena y africano en muestras hospitalarias de la ciudad de Buenos Aires. *Revista Argentina de Antropología Biológica* 3(1):79-99.
- Avena SA, Parolin ML, Dejean CB, Ríos Part MC, Fabrikant G, Goicoechea AS, Dugoujon JM, Carnese FR. 2009. Mezcla génica y linajes uniparentales en Comodoro Rivadavia (Prov. de Chubut, Argentina). *Revista Argentina de Antropología Biológica* 11(1):25-42.
- Awise JC. 2000. *Phylogeography: The history and formation of species*. Cambridge, MA: Harvard University Press.
- Bermisheva MA, Viktorova TV, Khusnutdinova EK. 2003. Polymorphism of human mitochondrial DNA. *Russian Journal of Genetics* 39(8):849-859.
- Bonatto SL, Salzano FM. 1997. 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(6):1413-1423.

- Bravi CM. 2005. Análisis de linajes maternos en poblaciones indígenas americanas. Tesis Doctoral. Facultad de Ciencias Naturales y Museo. Universidad Nacional de La Plata.
- Bravi CM, Sans M, Bailliet G, Martínez-Marignac VL, Portas M, Barreto I, Bonilla C, Bianchi NO. 1997. Characterization of mitochondrial DNA and Y-chromosome haplotypes in a Uruguayan population of African ancestry. *Human Biology* 69(5):641-652.
- Brown MD, Hosseini SH, Torroni A, Bandelt HJ, Allen JC, Schurr TG, Scozzari R, Cruciani F, Wallace DC. 1998. Haplogroup X: an ancient link between Europe/Western Asia and North America? *American Journal of Human Genetics* 63(6):1852-1861.
- Carvalho BM, Bortolini MC, Santos SEB, Ribeiro-dos-Santos A. 2008. Mitochondrial DNA mapping of social-biological interactions in Brazilian Amazonian African-descendant populations. *Genetics and Molecular Biology* 31(1):12-22.
- Celton D. 1987. La población de la provincia de Córdoba a finales del siglo XVIII. Tesis Doctoral. Facultad de Filosofía y Humanidades. Universidad Nacional de Córdoba.
- Corach D, Lao O, Bobillo C, van Der Gaag K, Zuniga S, Vermeulen M, van Duijn K, Goedbloed M, Vallone PM, Parson W, de Knijff P, Kayser M. 2010. Inferring continental ancestry of argentineans from autosomal, Y-Chromosomal and mitochondrial DNA. *Annals of Human Genetics* 74(1):65-76.
- Crawford MH. 2006. *Anthropological genetics: theory, methods and applications*. New York: Cambridge University Press.
- Dipierri JE, Alfaro E, Martínez-Marignac VL, Bailliet G, Bravi CM, Cejas S, Bianchi NO. 1998. Paternal directional mating in two Amerindian subpopulations located at different altitudes in northwestern Argentina. *Human Biology* 70(6):1001-1010.
- Dupanloup I, Schneider S, Excoffier L. 2002. A simulated annealing approach to define the genetic structure of populations. *Molecular Ecology* 11(12):2571-2581.
- Excoffier L, Smouse P, Quattro J. 1992. Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: Application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics* 131:479-491.
- Fejerman L, Carnese FR, Goicoechea AS, Avena SA, Dejean CB, Ward RH. 2005. African ancestry of the population of Buenos Aires. *American Journal of Physical Anthropology* 128(1):164-170.
- Frigerio A. 2006. "Negros" y "Blancos" en Buenos Aires: Repensando nuestras categorías raciales. Temas de Patrimonio Cultural. Número dedicado a Buenos Aires Negra: Identidad y cultura. Comisión para la Preservación del Patrimonio Histórico Cultural de la Ciudad de Buenos Aires 16:77-98.
- García A, Demarchi DA. 2006. Incidencia de linajes parentales amerindios en poblaciones del norte de Córdoba. *Revista Argentina de Antropología Biológica* 8(1):57-72.
- García A, Demarchi DA. 2009. Incidence and distribution of native american mtDNA haplogroups in Central Argentina. *Human Biology* 81(1):59-69.
- Jobling MA, Hurler ME, Tyler-Smith C. 2004. *Human evolutionary genetics. Origins, peoples & disease*. New York: Garland Science.
- Kumar S, Tamura K, Nei M. 2004. MEGA3: Integrated software for molecular evolutionary genetics analysis and sequence alignment. *Briefings in Bioinformatics* 5(2):150-163.
- López C. 2006. El espacio y la gente: la dinámica sociodemográfica de la población del Tucumán tardo y poscolonial. *Andes* 17.
- Mesa NR, Mondragón M, Soto IV, Parra MV, Duque C, Ortiz Barrientos D, García LF, Velez ID, Bravo ML, Munera 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. *American Journal of Human Genetics* 67(5):1277-1286.
- Motti JMB, Muzzio M, Ramallo V, García A, Alfaro E, Dipierri J, Bailliet G, Coble M, Bravi C. 2009. No es lo que parece: sitios diagnóstico revertantes en el ADN mitocondrial. *Novenas Jornadas Nacionales de Antropología Biológica*. Puerto Madryn.
- Olivieri A, Achilli A, Pala M, Battaglia V, Fornarino S, Al-Zahery N, Scozzari R, Cruciani F, Behar DM, Dugoujon JM, Coudray C, Santachiara-Benerecetti AS, Semino O, Bandelt HJ, Torroni A. 2006. The mtDNA legacy of the levantine early upper palaeolithic in Africa. *Science* 314(5806):1767-1770.
- Pellegrino A. 2002. La migración internacional en América Latina. Tendencias y perfiles de los migrantes. Conferencia Hemisférica sobre Migración Internacional: Derechos Humanos y Trata de Personas. Santiago de Chile.
- Picotti D. 1998. La presencia africana en nuestra identidad. Buenos Aires: Ediciones del Sol, Serie Antropológica. p 35-44.
- Raymond M, Rousset F. 1995. An exact test for population differentiation. *Evolution* 49(6):1280-1283.
- Salas A, Richards M, De La Fe T, Lareu MV, Sobrino B, Sánchez-Diz P, Macaulay V, Carracedo A. 2002. The making of the African mtDNA landscape. *American Journal of Human Genetics* 71(5):1082-1111.
- Salas A, Richards M, Lareu MV, Scozzari R, Coppa A, Torroni A, Macaulay V, Carracedo A. 2004. The African diaspora: mitochondrial DNA and the Atlantic slave trade. *American Journal of Human Genetics* 74(3):454-465.
- Santos SEB, Ribeiro-dos-Santos A, Meyer D, Zago MA. 1996. Multiple founder haplotypes of mitochondrial DNA in Amerindians revealed by RFLP and sequencing. *Annals of Human Genetics* 60(Pt 4):305-319.
- Santos SEB, Rodrigues JD, Ribeiro-dos-Santos A, Zago MA. 1999. Differential contribution of indigenous men and women to the formation of the urban population in the Amazon region as revealed by mtDNA and Y-DNA. *American Journal of Physical Anthropology* 109(2):175-180.
- Schurr TG, Ballinger SW, Gan YY, Hodge JA, Merriwether DA, Lawrence DN, Knowler WC, Weiss KM,

HAPLOGRUPOS MITOCONDRIALES EN CORDOBA Y SAN LUIS

- Wallace DC. 1990. Amerindian mitochondrial DNAs have rare Asian variants at high frequencies, suggesting they derived from four primary maternal lineages. *American Journal of Human Genetics* 46(3):613-623.
- Schurr TG, Sherry ST. 2004. Mitochondrial DNA and Y chromosome diversity and the peopling of the Americas: evolutionary and demographic evidence. *American Journal of Human Biology* 16(4):420-439.
- Tamm E, Kivisild T, Reidla M, Metspalu M, Smith DG, Mulligan CJ, Bravi CM, Rickards O, Martinez-Labarga C, Khusnutdinova EK, Fedorova SA, Golubenko MV, Stepanov VA, Gubina MA, Zhadanov SI, Ossipova LP, Damba L, Voevoda MI, Dipierri JE, Villems R, Malhi RS. 2007. Beringian standstill and spread of native American founders. *PLoS ONE* 2(9): e829.
- Tell S. 2008. Córdoba rural, una sociedad campesina (1750-1850). Buenos Aires: Prometeo Libros.
- Torres MM, Bravi CM, Bortolini MC, Duque C, Callegari-Jacques S, Ortiz D, Bedoya G, Groot de Restrepo H, Ruiz-Linares A. 2006. A revertant of the major founder Native American haplogroup C common in populations from northern South America. *American Journal of Human Biology* 18(1):59-65.
- Torrioni A, Schurr TG, Yang CC, Szathmary EJE, Williams RC, Schanfield MS, Troup GA, Knowler WC, Lawrence DN, Weiss KM, Wallace DC. 1992. Native American mitochondrial DNA analysis indicates that the Amerind and the Na-Dené populations were founded by two independent migrations. *Genetics* 130(1):153-162.
- Torrioni A, Schurr TG, Cabell MF, Brown MD, Neel JV, Larsen M, Smith DG, Vullo CM, Wallace DC. 1993. Asian affinities and the continental radiation of the four founding Native American mtDNAs. *American Journal of Human Genetics* 53(3):563-590.
- Van Oven M, Kayser M. 2009. Updated comprehensive phylogenetic tree of global human mitochondrial DNA variation. *Human Mutation* 30(2):E386-E394.
- Wang S, Ray N, Rojas W, Parra MV, Bedoya G, Gallo C, Poletti G, Mazzotti G, Hill K, Hurtado AM, Camarena B, Nicolini H, Klitz W, Barrantes R, Molina JA, Freimer NB, Bortolini MC, Salzano FM, Petzl-Erler ML, Tsuneto LT, Dipierri JE, Alfaro EL, Bailliet G, Bianchi NO, Llop E, Rothhammer F, Excoffier L, Ruiz-Linares A. 2008. Geographic patterns of genome admixture in Latin American mestizos. *PLoS Genetics* 21:4(3):e1000037.