

# VARIABILIDAD DE LINAJES PATERNOS EN DOS POBLACIONES DEL NOROESTE ARGENTINO: SANTIAGO DEL ESTERO Y TUCUMÁN

## VARIABILITY OF PATERNAL LINEAGES IN TWO POPULATIONS FROM THE ARGENTINIAN NORTHWEST: SANTIAGO DEL ESTERO AND TUCUMÁN

Marisol Elisabet Schwab<sup>1\*</sup>, Laura Smeldy Jurado Medina<sup>1</sup>, Julieta Beltramo<sup>1</sup>, Camila Sala<sup>1</sup>, Paula Paz Sepúlveda<sup>1</sup>, Emma Laura Alfaro Gómez<sup>3</sup>, José Edgardo Dipierri<sup>3</sup>, Claudio Marcelo Bravi<sup>1,2</sup> y Graciela Bailliet<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Laboratorio de Genética Molecular Poblacional. IMBICE (CIC-PBA, CCT-CONICET, UNLP). La Plata. Argentina

<sup>2</sup> Facultad de Ciencias Naturales y Museo. Universidad Nacional de La Plata. La Plata. Argentina

<sup>3</sup> Instituto de Ecorregiones Andinas (INECOA) UNJu-CONICET. Instituto de Biología de la Altura. (INBIAL). San Salvador de Jujuy. Jujuy. Argentina

**PALABRAS CLAVE** cromosoma Y; haplogrupos; PCR alelo-específica

**RESUMEN** Se analiza el origen continental de los haplogrupos del cromosoma Y en poblaciones de Santiago del Estero y San Miguel de Tucumán con el fin de ampliar el mapa filogeográfico de los linajes paternos argentinos. Se recolectaron 283 muestras de sangre con encuestas genealógicas a donantes voluntarios de sexo masculino en centros de salud públicos y privados de ambas localidades. Mediante PCR alelo-específica se tipificaron 18 marcadores bialélicos de la región no recombinante del cromosoma Y de presencia ampliamente confirmada en Argentina. El 89% de los linajes fueron de origen euroasiático, el 7% americano y el 4% fueron identificados como de posible ascendencia africana y/o del sudoeste asiático, debido a su asignación al linaje E1b1a1. Las frecuencias de haplogrupos de las poblaciones muestre-

adas fueron semejantes a las de poblaciones de las regiones Pampeana, Cuyo y Noreste. La muestra procedente del centro privado de Tucumán presentó en sus haplogrupos alóctonos frecuencias similares a las reportadas para Europa y Medio Oriente, corroborando que los tres contingentes migratorios que han aportado mayor número de inmigrantes en San Miguel de Tucumán: españoles, italianos y árabes, han dejado su huella en el acervo genético de sus poblaciones actuales. El patrón de distribución de los haplogrupos nativo americanos del cromosoma Y no difiere sustancialmente del detectado en el noroeste y en otras poblaciones argentinas y el mismo es congruente con la información arqueológica, etnohistórica y censal de Santiago del Estero y San Miguel de Tucumán. *Rev Arg Antrop Biol* 21(2), 2019. doi:10.24215/18536387e002

**KEY WORDS** Y-chromosome; haplogroups; allele-specific PCR

**ABSTRACT** Continental origin as inferred from Y chromosome haplogroups is analyzed in populations from Santiago del Estero and San Miguel de Tucumán with the purpose of expanding the phylogeographic map of Argentinian paternal lineages. Two hundred and eighty-three blood samples were collected with familial information from male volunteer donors at public and private health centers. By means of allele-specific PCR, 18 biallelic markers commonly found in contemporary Argentina were typed from the non-recombinant region of the Y chromosome. Eighty-nine percent of the lineages were from Eurasian origin, 7% American and 4% were identified as African and/or Southwest Asian descent, owing to their assignment to the E1b1a1 lineage. Haplogroup frequencies of current populations were similar to the populations from Pampa, Cuyo and Northwest regions. Samples from the private health center of Tucumán demonstrated allochthonous haplogroup in similar frequencies to those reported in Europe and the Middle East, confirming that the migratory contingents with the greatest number of immigrants —Spaniards, Italians and Arabs— have left their mark on the gene pool of current populations. The pattern of distribution of continental Y-chromosomal haplogroups is indistinguishable from that found among Argentine populations in the

northwest or in other regions, and it is consistent with archaeological, ethnohistorical and census information from Santiago del Estero and San Miguel de Tucumán. *Rev Arg Antrop Biol* 21(2), 2019. doi: 10.24215/18536387e002

Financiamiento: Agencia Nacional de Promoción Científica y Tecnológica. Ministerio de Ciencia, Tecnología e Innovación Productiva. PICT-2008-0715.

\*Correspondencia a: Marisol Elisabet Schwab. IMBICE. 516 e/ 10 y 11. C.C. 403. 1900 La Plata. Buenos Aires. Argentina. E-mail: marisol\_schwab@hotmail.com

Recibido 21 Mayo 2018; aceptado 04 Septiembre 2018

doi:10.24215/18536387e002

Desde hace al menos veinte años atrás, se han venido realizando en Argentina estudios sobre variabilidad genética de la región no recombinante del cromosoma Y en poblaciones actuales (Bianchi *et al.*, 1997; Dipierri *et al.*, 1998). El trabajo ininterrumpido desde entonces ha permitido obtener una imagen clara sobre la variabilidad de los linajes paternos presentes a lo largo de parte de la geografía argentina, dejando en claro que, salvo algunas particularidades regionales, los ancestros masculinos de las poblaciones mestizas presentes son primordialmente de origen euroasiáticos, mientras que la porción minoritaria está constituida por linajes nativos y africanos. La fracción alóctona, en la mayoría de los casos, se encuentra constituida por el haplogrupo R, seguido por el macro-haplogrupo F, en tercer lugar por los haplogrupos DE, y en menor frecuencia por K (Altuna *et al.*, 2009; Bailliet *et al.*, 2011; Corach *et al.*, 2010; García, Pauro, Bailliet, Bravi y Demarchi, 2018; Parolin *et al.*, 2012; Ramallo *et al.*, 2009). Mientras que la porción nativa se halla representada en gran proporción por el clado pan-americano Q1b1a1a (Q-M3) (Bailliet *et al.*, 2011). Este último se ha hallado presente en frecuencias cercanas o menores al 10% en zonas urbanas del noroeste, noreste, centro y sur de Argentina (Corach *et al.*, 2010; García, Pauro, Bailliet, Bravi y Demarchi, 2018; Parolin *et al.*, 2012; Ramallo *et al.*, 2009), aunque conforme nos acercamos al extremo noroeste, en especial a regiones de mayor altitud, las frecuencias se incrementan, superando el 30% (Altuna *et al.*, 2009; Dipierri *et al.*, 1998; Ramallo *et al.*, 2009). El análisis conjunto de las variantes genéticas paternas y las de su contraparte materna, el ADN mitocondrial, han brindado valiosa información sobre el tipo de mestizaje, el cual los autores denominaron de tipo “sexo-asimétrico” por ser el aporte paterno mayoritariamente alóctono, mientras que el materno es preponderantemente indígena (Avena *et al.*, 2007; Bonilla *et al.*, 2004; Dipierri *et al.*, 1998), habiéndose encontrado para Argentina, que los linajes maternos nativos oscilan entre el 50% y el 99% del total muestral, dependiendo de la región geográfica de muestreo (Avena *et al.*, 2007; Avena *et al.*, 2009; Bobillo *et al.*, 2010; Motti *et al.*, 2013).

Las provincias de Santiago del Estero y Tucumán se encuentran en la región del Noroeste Ar-

gentino (NOA). Santiago del Estero se halla ubicada casi totalmente en la llanura chaqueña, con una pequeña parte de su territorio, al sur y al oeste, correspondiente a las Sierras Pampeanas (Frediani, 1992), mientras que Tucumán presenta diversidad de ambientes: llanura chaqueña, piedemonte y región montañosa (Puchulu y Fernández, 2017).

Las evidencias arqueológicas revelan que para las distintas fases del desarrollo agro-alfarero (entre el 600 a.C. y 1470 d.C.) ambas provincias contaron con tradiciones agro-alfareras definidas (González y Pérez, 2000). Para el periodo en que el NOA pasó a formar parte del Collasuyu (entre 1471 hasta 1536 d.C.) en Tucumán se desarrollaron complejos arqueológicos de alta montaña con cerámica y arquitectura típicamente incaica (Moyano y Díaz, 2015).

Los registros etnohistóricos revelan que esta región estuvo habitada por pueblos semi-sedentarios, los lules y tonocotés y por pueblos sedentarios conocidos como “diaguitas” o “calchaquíes”, macro-etnia compuesta por numerosos grupos de lengua cacana (Martínez Sarasola, 2013).

A inicios del periodo colonial (siglo XVI) la importancia del noroeste argentino se reducía a asegurar una ruta que uniera los centros de control colonial, que eran la ciudad de Lima y el centro productivo minero de Potosí con el Atlántico (Lorandi, 1992). Es así que Tucumán y Santiago del Estero formaron parte de extensas redes de tráfico de esclavos traídos como mano de obra desde África, las cuales unían el puerto de Buenos Aires con Potosí y Perú (Guzmán, 2006). Ya para fines del siglo XVIII, la información censal mostraba como había impactado el mestizaje en Tucumán y Santiago del Estero, hallándose una población constituida en primer lugar por mestizos y afro-mestizos, seguida de poblaciones nativas, en tercer lugar de españoles y finalmente de esclavos (Gil Montero, 2005; Togo, Bonetti y Garay, 2010).

El NOA fue la región de Argentina que tuvo la menor afluencia de inmigrantes euroasiáticos arribados a comienzos del siglo XX, en contraste con las provincias del litoral más cercanas a Buenos Aires (Devoto, 2008). Las provincias de Tucumán y Santiago del Estero presentaban en 1914 tan solo un 10% y un 4% de inmigrantes de ultramar respectivamente (Tercer Censo Nacional de 1914), en ambos casos, la mayoría de ellos españoles, en segundo lugar italianos y

en tercer lugar de origen otomano, siendo sus ciudades capitales las que absorbieron la mayor proporción de los inmigrantes llegados a la provincia (Calvo, Palacios de Cosiansi y Naessens, 1999; Tercer Censo Nacional de 1914).

En este trabajo se pretende, a través del estudio de marcadores bialélicos de la región no recombinante del cromosoma Y, estimar los aportes relativos de origen euroasiático, africano y americano al conjunto de linajes paternos presentes en dos localidades del NOA, San Miguel de Tucumán y Santiago del Estero. La finalidad es ampliar el mapa filogeográfico de los linajes paternos en Argentina e intentar explicar los fenómenos de distribución de linajes a la luz de los procesos históricos y demográficos.

## MATERIALES Y MÉTODOS

Entre los años 2012 y 2014, en el marco del proyecto “Aportes continentales diferenciales en la conformación de las poblaciones humanas de América Latina”, se realizaron muestreos en las ciudades de Santiago del Estero y San Miguel de Tucumán, en los que se colectaron un total de 283 muestras biológicas de donantes voluntarios de sexo masculino. Se realizaron cuatro muestreos, en un centro de salud público y en un laboratorio de análisis clínico privado de cada localidad. Los mismos fueron denominados: Santiago del Estero público (SDEpub), Santiago del Estero privado (SDEpriv), San Miguel de Tucumán público (TMNpub), San Miguel de Tucumán privado (TMNpriv). Los muestreos consistieron en la obtención de una alícuota de entre 4 y 12 ml de sangre y en la realización de una encuesta genealógica a cada donante, en la que se relevó el lugar de nacimiento del donante, de sus padres y abuelos.

Se hizo un primer procesamiento de las muestras en el campo, consistente con la recuperación de glóbulos blancos. Para ello se separaron mediante centrifugado a 4000 rpm durante 20 minutos los tres componentes sanguíneos, extrayéndose la capa de leucocitos que se lavó en solución de lisis de glóbulos rojos (1mMNH<sub>4</sub>, HCO<sub>3</sub>, 115mM NH<sub>4</sub> Cl) y se re-suspendió en solución de lisis de glóbulos blancos (100mM Tris-HCL pH 7,6, 40mM EDTA pH 8,0, 50mM NaCl, 0,2% SDS, 0,8mM azida sódica). Dicho procedimiento no solo permitió la recuperación

de la fracción nucleada sino también su preservación en condiciones de campo. Ya en el laboratorio se finalizó con la extracción de ADN a través del método de precipitación salina de proteínas, el cual consistió en el centrifugado de la fracción nucleada durante 10 minutos a 4000 rpm con NaCl 5,4M, seguido de la precipitación de la fracción sobrenadante - los ácidos nucleicos - en 1 volumen de alcohol isopropílico frío.

Para la tipificación de las muestras se utilizó el protocolo de Jurado Medina y colaboradores (2014c) que consiste en cuatro reacciones múltiples PCR alelo-específicas y una reacción monoplex, las mismas diseñadas para la caracterización de 17 marcadores que identifican haplogrupos de la región no recombinante del cromosoma Y, de presencia ampliamente confirmada en Argentina (para más detalle ver Jurado Medina *et al.*, 2014c). Catorce de estos marcadores definen haplogrupos euroasiáticos M89 (F), M253 (I1), M267 (J1), M172 (J2), M285 (G1), M287 (G2), M9 (KLT), M207 (R), M173 (R1), SRY10831.2 (R1a1), M343 (R1b), P297 (R1b1a1a), M335 (R1b1b1) y P152 (E), mientras que tres tipifican para haplogrupos de probable procedencia americana, M242 (Q) M346 (Q1b), M3 (Q1b1a1a). A este protocolo se le agregó el marcador P215, diagnóstico del haplogrupo I2, cuyos cebadores utilizados fueron P215F (5' RTGCCTGGAATGTAGACTAATGGT 3') y P215-R (5' AGCTTTCCACAAATTACTACACACA 3'). En base a los resultados obtenidos se sucedieron otras reacciones. Las muestras ancestrales a P152 fueron ensayadas para el marcador YAP+ y las derivadas este marcador fueron ensayadas por PCR-RFLP para confirmar la pertenencia al clado E1b1a1 (ver protocolo de amplificación en Bravi, Bailliet, Martinez-Maurignac y Bianchi, 2000). Las muestras asignadas a Q(xM346) fueron analizadas en detalle por secuenciación para los siguientes marcadores: P36.2, F1096, NWT01, M120, M25. En las Q(xM3) por L213, L53, L54, CTS11969, CTS2730, L191, L456, L718 (Jurado Medina, Ramallo, Schwab, Bravi y Bailliet, 2014b).

Las reacciones de PCR descritas se llevaron a cabo en un termociclador Biometra T3000. Las condiciones de ciclado para todas las reacciones fueron, 3 minutos de desnaturalización inicial a 94°C y 33 ciclos de desnaturalización a 94°C por 1 minuto, hibridación a 56°C por 1 minuto y extensión a 72°C durante 3 minutos,

seguidos por una extensión final de 10 minutos.

Se compararon las frecuencias de haplogrupos obtenidas con el lugar de nacimiento del último ancestro paterno conocido declarado en las encuestas, a fin de corroborar correspondencia entre la información genealógica y genética. Además se compararon las frecuencias de haplogrupos de las poblaciones muestreadas con las de otras poblaciones mestizas del norte y centro de Argentina previamente publicadas en Bailliet *et al.*, 2011, Corach *et al.*, 2010; García *et al.*, 2018; Parolin *et al.*, 2012; y Ramallo *et al.*, 2009 (Tabla 1). Por el otro lado, se compararon con poblaciones euroasiáticas extraídas de Capelli *et al.*, 2007; Cinnioğlu *et al.*, 2004; Maca-Meyer *et al.*, 2003 y Zalloua *et al.*, 2008 y con el Área Metropolitana de Buenos Aires (AMBA), obtenida en Parolin *et al.*, 2012 (Tabla 2).

Se calculó la variabilidad de haplogrupos entre las poblaciones mestizas argentinas del centro y norte y entre poblaciones locales con eurasiáticas a través de AMOVA y se midió el grado de diferenciación entre las mismas me-

diantes Fst (Excoffier, Smouse y Quattro, 1992). Además, se testeó la existencia de diferencias significativas entre pares de poblaciones con el Test exacto de diferencia poblacional (Raymond y Rousset, 1995). Ambos test estadísticos se realizaron con el programa Arlequín 3.1 (Excoffier, Laval y Schneider, 2005). Por último, se representaron gráficamente las relaciones entre las muestras locales con euroasiáticas mediante el análisis de escalamiento multidimensional (Kruskal, 1964a; 1964b).

El proyecto que nuclea este trabajo de investigación fue aprobado por el Comité de Ética en Investigaciones Biomédicas del IMBICE, el Comité Provincial de Bioética de la Provincia de Jujuy, el Comité Institucional de Ética de Investigación en Salud de Santiago del Estero y por la Dirección General del Programa Integrado de Salud (PRIS) de San Miguel de Tucumán. Los participantes firmaron un consentimiento alegando su conformidad en participar del proyecto sabiendo que pueden renunciar si lo desean en cualquier momento de la investigación.

**TABLA 1.** Porcentaje de haplogrupos de poblaciones del norte y centro de Argentina tomadas de la bibliografía

Localidad	Región	N	AB	DE	F(xK)	K(xQ,R)	Q(xQ1b1a1a)	Q1b1a1a	R	P
S. S. Jujuy <sup>1</sup>	Noroeste	86	0.0	1.2	9.3	7.0	0.0	44.2	36.0	2.3
Catamarca <sup>2</sup>	Noroeste	112	0.0	8.9	19.7	0.9	0.0	9.8	55.4	5.3
Azampay <sup>2</sup>	Noroeste	44	0.0	2.3	6.8	0.0	0.0	15.9	75.0	0.0
Salta <sup>2</sup>	Noroeste	84	0.0	7.1	7.1	1.2	1.2	45.0	29.4	9.0
Tartagal <sup>2</sup>	Noroeste	108	0.9	10.2	14.8	0.0	0.0	35.2	36.1	2.8
Sumampa y Va. Atamisqui <sup>3</sup>	Noroeste	27	0.0	7.4	25.9	3.7	0.0	11.1	51.9	0.0
La Rioja <sup>2</sup>	Cuyo	87	0.0	15.0	24.2	5.7	0.0	10.3	44.8	0.0
Mendoza <sup>2</sup>	Cuyo	75	0.0	14.7	29.3	4.0	0.0	6.7	45.3	0.0
San Luis <sup>3</sup>	Cuyo	41	0.0	7.6	30.8	0.0	0.0	10.3	51.3	0.0
Córdoba <sup>3</sup>	Pampeana	190	0.0	11.8	33.7	1.0	0.0	5.4	48.1	0.0
Buenos Aires <sup>4</sup>	Pampeana	149	0.0	9.4	30.9	2.7	0.0	4.7	52.3	0.0
Área Metropolitana de Buenos Aires <sup>5</sup>	Pampeana	85	0.0	15.3	30.6	3.5	0.0	5.9	44.7	0.0
Misiones y Corrientes <sup>4</sup>	Noreste	49	0.0	6.1	24.5	2.0	2.0	2.0	63.3	0.0

<sup>1</sup>: Ramallo *et al.*, 2009a; <sup>2</sup>: Bailliet *et al.*, 2011; <sup>3</sup>: García *et al.*, 2018; <sup>4</sup>: Corach *et al.*, 2010; <sup>5</sup>: Parolin *et al.*, 2012. S.S.: San Salvador; Va.: Villa

**TABLA 2.** Porcentaje de haplogrupos de poblaciones argentinas y euroasiáticas tomadas de la bibliografía

Población	N	C	DE (xElb1b- Elb1a)	Elb1b	Elb1a	I	G	J2	J(xJ2)	KLT(xR)	R1a	R1b	R2	R(xR1a, R1b, R2)
AMBA <sup>1</sup>	85	0.0	0.0	14.1	1.2	9.4	12.9	8.2	0.0	9.4	7.1	37.6	0.0	0.0
N. Esp. <sup>2</sup>	117	0.0	1.7	12.8	0.0	4.3	7.7	5.1	2.6	0.9	9.4	55.6	0.0	0.0
N.O. Ita. <sup>3</sup>	321	0.0	0.0	11.5	0.0	10.0	11.8	15.9	0.9	2.8	3.1	43.9	0.0	0.0
S.O.Ita. <sup>3</sup>	134	0.0	0.0	18.7	0.0	2.2	10.4	27.6	2.2	5.2	2.2	31.3	0.0	0.0
Anatolia <sup>4</sup>	512	1.0	0.0	11.3	0.0	5.5	11.1	24.4	9.4	13.5	7.0	16.2	0.2	0.4
Líbano <sup>5</sup>	916	0.1	0.8	16.2	0.7	4.8	6.6	25.9	20.1	12.9	2.5	8.1	0.2	1.3

<sup>1</sup>: Parolin *et al.*, 2012. <sup>2</sup>: Maca-Meyer *et al.*, 2003. <sup>3</sup>: Capelli *et al.*, 2007; <sup>4</sup>: Cinnioğlu *et al.*, 2004. <sup>5</sup>: Zalloua *et al.*, 2008; AMBA:Área Metropolitana de Buenos Aires; N.Esp.:norte de España; N.O.Ita.:noroeste de Italia; S.O.Ita.:suroeste de Italia.

## RESULTADOS

Las frecuencias de haplogrupos se resumen en la Tabla 3. En la misma se puede observar que la fracción alóctona está presente en un 93% de las muestras. El haplogrupo más frecuente es R1 con un 42,5%, cuya variante mejor representada es R1b1a1a, mientras que solo cuatro muestras halladas en San Miguel de Tucumán público son derivadas para R1a1. En segundo lugar se encuentra el para-grupo F(xKLT) hallado en el 31% de los donantes, cuyo clado más frecuente es G2, siguiéndole en orden descendente I2, J2, J1, y por último I1. El haplogrupo E abarca al 15% de los donantes, de los cuales el 2 % pertenecen al E1b1a1. El haplogrupo menos representado es KLT con un 4,5%.

El componente nativo corresponde al 7% de las muestras, estando comprendido en un 89% por Q1b1a1a (Q-M3) y en un 11% por Q1b1a2\* (Q-CTS2730), este último clado fue hallado solamente en Santiago del Estero público.

El lugar de nacimiento del último ancestro paterno conocido se describe en la Tabla 4. El 76% de los donantes otorgaron información de la tercera generación, pero hubo quienes que al desconocerla brindaron datos de la generación parental (19%) o en su defecto de sí mismos (5%). A grandes rasgos, se observa un predominio de la localía, siguiendo en segundo lugar a los nacidos en ultramar, entre los que se destacan cuatro

países: Siria, Líbano, Italia y España, por último, a los nacidos en otros países de Sudamérica. El promedio de edad de los donantes es de 42 años, cuyo rango de edad oscila entre los 18 a 89 años.

El análisis de AMOVA de la tabla 5, muestra poca diferenciación entre las poblaciones mestizas del norte y centro de Argentina, además el índice de fijación ( $F_{st}=0,05087$ ) obtenido es bajo, reafirmando la poca diferencia inter-poblacional (Wright, 1978). El Test exacto de diferenciación poblacional de la tabla 6 muestra que existen diferencias no significativas entre Santiago del Estero y Tucumán entre sí y con las localidades de las regiones de Cuyo, Pampa y Noreste. Las localidades nombradas anteriormente divergen de forma significativa de las poblaciones ubicadas al extremo noroeste de Argentina (Salta y Jujuy).

El test de AMOVA de la tabla 7, muestra poca diferenciación entre las cuatro poblaciones muestreadas, AMBA y poblaciones de Europa y Medio Oriente, mientras que índice de fijación obtenido ( $F_{st}=0,06812$ ) da un valor moderado, sugiriendo pequeña disimilitud entre las poblaciones (Wright, 1978). El test exacto de diferenciación poblacional de la tabla 8 muestra que existen diferencias significativas en cuanto a frecuencia de haplogrupos entre pares de poblaciones, en especial entre las muestras locales con sudoeste de Italia y Medio Oriente. Se encontraron diferencias no significativas de las

**TABLA 3.** Frecuencia absoluta y porcentaje de haplogrupos para las localidades muestreadas

Clados	Santiago del Estero				San Miguel de Tucumán			
	Público		Privado		Público		Privado	
	N	%	N	%	N	%	N	%
D	0	0.0	1	1.8	0	0.0	0	0.0
E(xE1b1a1)	7	7.7	6	10.7	10	9.5	6	19.4
E1b1a1	3	3.3	2	3.6	6	5.7	0	0.0
I2	3	3.3	4	7.1	5	4.8	4	12.9
G1	0	0.0	0	0.0	0	0.0	0	0.0
G2	8	8.8	6	10.7	15	14.3	1	3.2
I1	3	3.3	1	1.8	1	1.0	2	6.5
J1	3	3.3	1	1.8	5	4.8	3	9.7
J2	6	6.6	6	10.7	6	5.7	1	3.2
K(xQ,R)	1	1.1	3	5.4	2	1.9	3	9.7
Q1b1a1a	5	5.5	1	1.8	9	8.6	3	9.7
Q1b1a2	3	3.3	0	0.0	0	0.0	0	0.0
R1a1	0	0.0	0	0.0	4	3.8	0	0.0
R1b1a1a	49	53.8	25	44.6	42	40.0	8	25.8
R1b1b1	0	0.0	0	0.0	0	0.0	0	0.0
Total	91	100	55	100	105	100	31	100

**TABLA 4.** Lugar de nacimiento declarado del último ancestro conocido por vía paterna, por lugar de muestreo, en porcentaje

Lugar de nacimiento	Santiago del Estero		San Miguel de Tucumán		
	Público	Privado	Público	Privado	
Provincias argentinas	Buenos Aires	2.2	1.8	1.9	0.0
	Catamarca	0.0	0.0	1.9	6.7
	Chaco	2.2	0.0	1.0	0.0
	Córdoba	1.1	3.6	1.0	3.3
	Jujuy	0.0	0.0	1.9	0.0
	La Rioja	0.0	1.8	2.9	0.0
	Mendoza	0.0	1.8	0.0	0.0
	Salta	2.2	0.0	1.0	0.0
	Santa Fe	1.1	0.0	0.0	3.3
	Santiago del Estero	82.4	63.6	21.0	6.7
Sudamérica	Tucumán	2.2	3.6	61.9	50.0
	Bolivia	0.0	0.0	0.0	3.3
	Brasil	0.0	0.0	1.0	0.0
	Colombia	0.0	1.8	0.0	0.0
	Perú	1.1	0.0	0.0	0.0
Ultramar	Alemania	1.1	0.0	0.0	3.3
	España	0.0	1.8	1.0	10.0
	Francia	0.0	0.0	0.0	3.3
	Italia	2.2	3.6	0.0	3.3
	Japón	0.0	1.8	0.0	0.0
	Líbano	1.1	9.1	0.0	3.3
	Rumania	0.0	0.0	0.0	3.3
	Siria	1.1	5.5	3.8	0.0
	Total	100	100	100	99.8

**TABLA 5.** AMOVA de las frecuencias alélicas de los haplogrupos del cromosoma Y en poblaciones del centro y norte de Argentina

Fuente de Variación	Grados de libertad	Suma de cuadrados	Componente de Varianza	% de Variación
Entre poblaciones	16	27.8	0.02	5.1
Dentro de poblaciones	1385	449.8	0.32	94.9
Total	1401	477.6	0.34	100.0

Índice de Fijación ( $F_{ST}$ ): 0,05087

**TABLA 6.** Test exacto de diferenciación poblacional en poblaciones de centro y norte de Argentina.

	S. S. Jujuy	Catamarca	Azampay	Salta	Tartagal	Sum. Y V.A.	La Rioja	Mendoza	San Luis	Córdoba	Buenos Aires	AMBA	NEA	SDEpub	SDEpriv	TMNpub	TMNpriv
S. S. Jujuy	■	+	+	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
Catamarca	+	■	+	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	+	+
Azampay	+	+	■	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+
Salta	-	+	+	■	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
Tartagal	-	+	+	-	■	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
Sum. y V. A.	+	-	+	+	+	■	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
La Rioja	+	-	+	+	+	-	■	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Mendoza	+	-	+	+	+	-	-	■	-	-	-	-	-	-	-	-	-
San Luis	+	-	+	+	+	-	-	-	■	-	-	-	-	-	-	-	+
Córdoba	+	-	+	+	+	-	-	-	-	■	-	-	-	-	-	-	-
Bs. Aires	+	-	-	+	+	-	-	-	-	-	■	-	-	-	-	-	+
AMBA	+	-	+	+	+	-	-	-	-	-	-	■	-	-	-	-	+
NEA	+	-	+	+	+	-	-	-	-	-	-	-	■	-	-	-	-
SDEpub.	+	-	+	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	■	-	-	+
SDEpriv.	+	+	+	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	■	-	-
TMNpub.	+	+	+	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	■	-
TMNpriv.	+	+	+	+	+	-	-	-	+	-	+	+	-	+	-	-	■

S. S.:San Salvador; Sum.:Sumapampa; V.A.:Villa Atamisqui; AMBA:Área Metropolitana de Buenos Aires; NEA:Noreste argentino; SDEpub.:Santiago del Estero público; SDEpriv.:Santiago del Estero privado; TMNpub.:Tucumán público; TMNpriv.:Tucumán privado; -:  $p > 0,05$ ; +:  $p < 0,05$ .

**TABLA 7.** AMOVA de las frecuencias alélicas de los haplogrupos del cromosoma Y en poblaciones locales y de Eurasia

Fuente de Variación	Grados de libertad	Suma de cuadrados	Componente de Varianza	% de Variación
Entre poblaciones	9	56.5	0.03	6.8
Dentro de poblaciones	2332	935.6	0.40	93.2
Total	2341	992.1	0.43	100
Índice de Fijación ( $F_{ST}$ ): 0,06812				

**TABLA 8.** Test exacto de diferenciación poblacional en poblaciones locales y de Eurasia

	N.España	N.O.Italia	S.O.Italia	Anatolia	Libano	AMBA	SDEpub.	SDEpriv.	TMNpub.	TMNpriv.
N.España		+	+	+	+	+	-	-	-	+
N.O.Italia	+		+	+	+	+	+	-	-	+
S.O.Italia	+	+		+	+	+	+	+	+	+
Anatolia	+	+	+		+	+	+	+	+	+
Libano	+	+	+	+		+	+	+	+	+
AMBA	+	+	+	+	+		+	-	-	-
SDEpub.	-	+	+	+	+	+		-	-	+
SDEpriv.	-	-	+	+	+	-	-		-	-
TMNpub.	-	-	+	+	+	-	-	-		+
TMNpriv.	+	+	+	+	+	-	+	-	+	

N.:Norte; N.O.:Noroeste; S.O.:Suroeste; AMBA:Área Metropolitana de Buenos Aires; SDEpub.:Santiago del Estero público; SDEpriv.:Santiago del Estero privado; TMNpub.:Tucumán público; TMNpriv.:Tucumán privado; -:  $p>0,05$ ; +:  $p<0,05$ .

poblaciones locales entre sí y con norte de España y noroeste de Italia. San Miguel de Tucumán privado es el grupo que menos se asemeja al resto, presentando diferencias no significativas solamente con AMBA y Santiago del Estero privado. El Análisis de Escalamiento Multidimensional (Fig. 1) en su configuración final obtuvo un stress de 0,00053, valor que sugiere un excelente ajuste según el rango propuesto por Kruskal (1964a, b). En él se observa cercanía

entre ambas poblaciones de Santiago del Estero, AMBA, norte de España y noroeste de Italia. Las poblaciones de San Miguel de Tucumán se encuentran separadas de las restantes en especial San Miguel de Tucumán privado.

## DISCUSIÓN

La gran diversidad de linajes maternos y paternos provenientes de distintas latitudes, halla-



dos en los estudios de genética de poblaciones realizados en nuestro país, incluido este trabajo, concuerdan con la concepción que sostiene que la población argentina se conformó desde la heterogeneidad, siendo los movimientos migratorios fundamentales en la constitución de su población. A pesar de que la narrativa dominante de la nación se ha caracterizado por presentar a su sociedad como blanca, europea y producto del aporte migratorio de ultramar (Frigerio, 2008), es un hecho la presencia de componentes nativos y africanos en sus poblaciones actuales, aunque sea su presencia minoritaria.

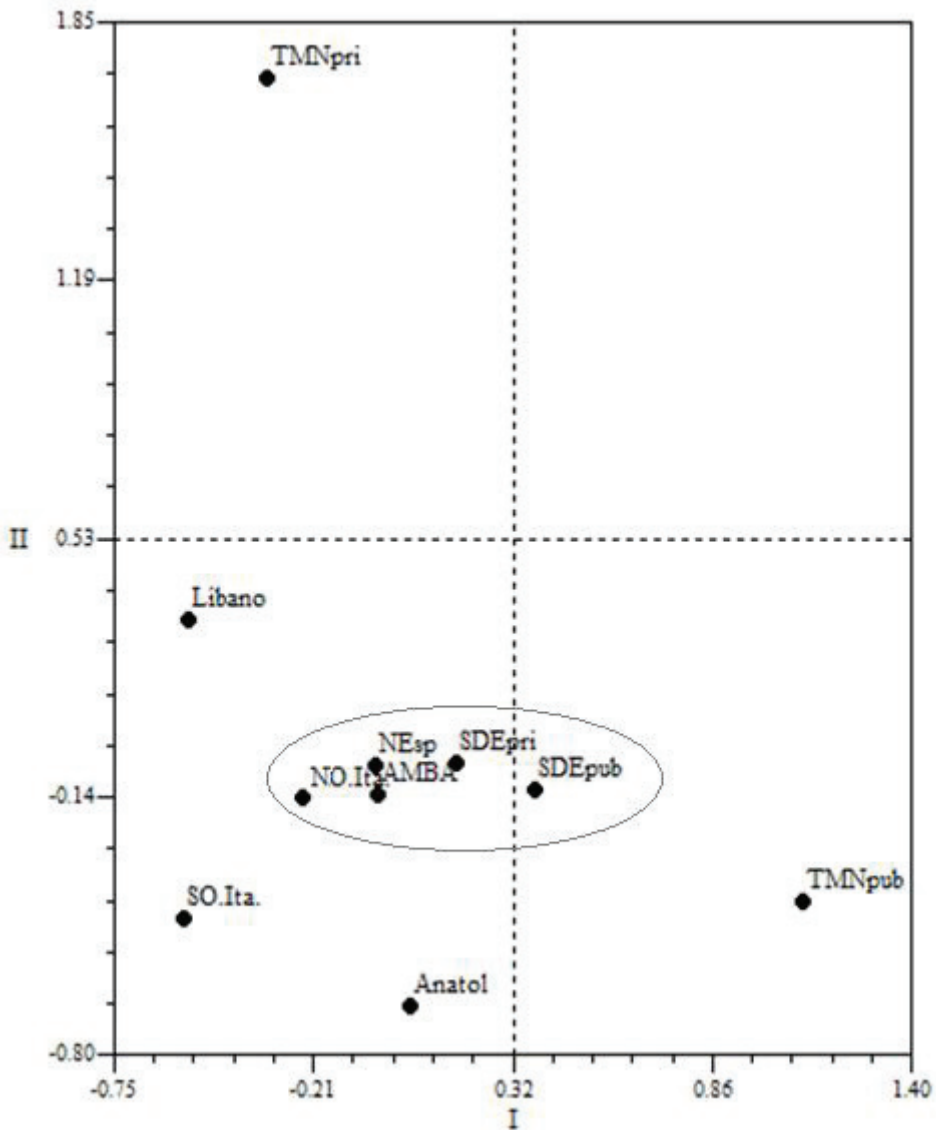
En el presente trabajo hemos determinado que las proporciones de los componentes continentales mayoritarios en Tucumán y Santiago del Estero son 89% para los linajes de Europa y Medio Oriente, 7% para los americanos, mientras que el 4% restante fue asignado al linaje E1b1a1. Este último aparece en alta frecuencia en la región occidental del África subsahariana (Rosa, Ornelas, Jobling, Brehm y Villems, 2007) y en proporciones moderadas en el sudoeste asiático (Abu-Amero *et al.*, 2009), debiendo asignarle a sus muestras un origen bi-continental.

El componente americano se caracteriza por su asignación a los linajes nativos Q1b1a1a y Q1b1a2. El primero, de presencia pan-americana, mientras que el segundo, de distribución más reducida, fue hallado hasta el momento en poblaciones de Ecuador y Nicaragua (Geppert *et al.*, 2015), en poblaciones mestizas del NOA y en los Lengua y Ayoreo de Paraguay (Bailliet *et al.* 2009, Jurado Medina, 2014a; Ramallo *et al.*, 2011). Al componente de ultramar se lo halló representado en gran diversidad y en frecuencias similares a las observadas en las poblaciones del norte de España y de Italia (Capelli *et al.*, 2007; Maca-Meyer *et al.*, 2003), coincidiendo con la información censal que indica que España e Italia fueron las dos mayores fuerzas migratorias en ambas provincias (Tercer Censo Nacional de 1914). Las poblaciones de Santiago del Estero y Tucumán se encuentran muy estrechamente relacionadas entre sí, no solo las pruebas moleculares lo sustentan sino también las encuestas genealógicas. Por ejemplo, en la Tabla 4, encontramos que la provincia de donde provienen gran parte de los ancestros de los tucumanos es Santiago del Estero, lo que no es de extrañar debido a su condición de limítrofes y a que Santiago del Estero ha sido históricamente

una provincia de emigrantes, en especial de jornaleros en busca de trabajo (Ledesma, Paz y Tasso, 2011). Tucumán, en cambio ha sido un lugar de atracción de población campesina por la zafra azucarera (Nicolini, 1994). Las evidencias moleculares además muestran que ambas localidades se encuentran más estrechamente relacionadas con las poblaciones de la región Pampeana, Cuyo y Noreste, es decir, con aquellas que recibieron un mayor flujo migratorio de contingentes euroasiáticos, que con las del extremo norte del NOA, que se caracterizan por poseer una mayor proporción de linajes nativos tanto paternos como maternos (Bailliet *et al.*, 2011; Motti *et al.*, 2013; Ramallo *et al.* 2009a).

De los cuatro lugares muestreados, San Miguel de Tucumán privado ha mostrado mayores discrepancias en las frecuencias de haplogrupos, siendo el único lugar que presenta diferencias significativas con algunas localidades de Pampa y Cuyo y que además no posee similitud en la frecuencia de haplogrupos alóctonos con España e Italia. La diferencia más saliente radica en la frecuencia de R1. Este haplogrupo suele hallarse a una frecuencia cercana al 50% en Europa occidental (Myres *et al.*, 2011), y en proporciones similares en muchas poblaciones argentinas (Bailliet *et al.*, 2011, Corach *et al.*, 2010; García *et al.*, 2018; Parolin *et al.*, 2012; Ramallo *et al.*, 2009) pero en San Miguel de Tucumán privado se halló a una proporción (26%) similar a la reportada para Anatolia (23%) (Cinnioğlu *et al.*, 2004). Otras discrepancias encontradas fueron las proporciones de los haplogrupos J1 y K, que se hallaron similares a las reportadas para Medio Oriente (Cinnioğlu *et al.*, 2004) y que superan ampliamente a las registradas para Europa occidental (Capelli *et al.*, 2007; Maca-Meyer *et al.*, 2003). A pesar de las similitudes halladas con las poblaciones de Medio Oriente, los haplogrupos J2 e I se presentan en proporciones más parecidas a las reportadas para Europa Occidental. J2 es un haplogrupo que aparece en alta frecuencia en Medio Oriente (Cinnioğlu *et al.*, 2004; Zalloua *et al.*, 2008) y que registra una frecuencia muy baja en la población muestreada e I es un haplogrupo considerado propio del continente europeo, el cual se encontró en una frecuencia relativamente alta.

El Tercer Censo Nacional de 1914 -momento de mayor afluencia migratoria de ultramar- indica que el departamento Capital en Tucumán



**Fig. 1.** Análisis de escalamiento multidimensional calculado a partir de las frecuencias de haplogrupos de poblaciones locales y euroasiáticas. Stress:0.00053.

absorbió al 58% de la población inmigrante de la provincia, compuesta principalmente por tres nacionalidades: españoles, italianos y otomanos, que juntas constituían el 85% de la población inmigrante de la ciudad. Podemos pensar entonces que las frecuencias de linajes paternos de San Miguel de Tucumán privado se deben a una importante contribución diferencial de linajes provenientes tanto de Europa occidental, como de Medio Oriente, lo cual explicaría por qué cuando se comparan las frecuencias de haplogrupos

alóctonos del cromosoma Y mediante los análisis estadísticos, San Miguel de Tucumán privado se muestra diferente tanto de las poblaciones de un origen continental, como del otro.

Cabe aclarar que la afinidad geográfica, productiva y climática del noroeste argentino con la de los países del Imperio Otomano -Siria, Líbano, Turquía-, así como las posibilidades de éxito económico que ofrecían las ciudades del Noroeste, convirtieron a la región en una de las mayores receptoras del país para estos contingentes (Ak-

mir, 1991). San Miguel de Tucumán se convirtió, para la época de la gran inmigración, en la ciudad que recibió el mayor número de inmigrantes de Medio Oriente, principalmente hombres, quienes cuadruplicaban al número de mujeres (Tercer Censo Nacional de 1914), razón por la cual no es extraño pensar que este suceso se vea reflejado en el acervo genético de los linajes paternos de las poblaciones actuales de San Miguel de Tucumán.

## CONCLUSIÓN

En líneas generales, la frecuencia y la variabilidad de haplogrupos del cromosoma Y en Santiago del Estero y San Miguel de Tucumán, no difiere sustancialmente de la detectada en otras poblaciones argentinas y se muestra coherente con la información arqueológica, etnohistórica y censal.

Es preciso señalar que de los cuatro lugares muestreados San Miguel de Tucumán es el único cuyas frecuencias de haplogrupos autóctonos no se asemejan a las de España e Italia, al presentar frecuencias de R1, J1 y K similares a las reportadas para Medio Oriente, aunque de J2 e I similares a las registradas en Europa occidental. Asumimos que este hecho es consecuencia de una importante contribución diferencial de linajes provenientes tanto de Europa occidental, como de Medio Oriente.

## AGRADECIMIENTOS

A los donantes, quienes confiaron en nuestra investigación y aceptaron participar de este estudio donando su muestra y proporcionando información genealógica. Al personal y directivos de los hospitales y laboratorios de análisis clínicos donde trabajamos, quienes nos recibieron amablemente y colaboraron generosamente con nuestra investigación.

## LITERATURA CITADA

Abu-Amero, K., Hellani, A., González, A. M., Larruga, J. M., Cabrera, V. M., y Underhill, P. (2009). Saudi Arabian Y-Chromosome diversity and its relationship with nearby regions. *BMC Genetics*, 10, 59. doi:10.1186/1471-2156-10-59.

Akmir, A. (1991). La inserción de los inmigrantes árabes en Argentina (1880-1980): implicaciones sociales. *Anaquel de Estudios Árabes*, 2, 237-259.

Altuna, M. E., García, A., Ramallo, V., Bailliet, G., Modesti, N. M. y Demarchi, D. A. (2009). Origin of

paternal lineages in an admixed population of Northern Argentina (La Esperanza, Jujuy). *Forensic Science International: Genetics Supplement Series*, 2, 451-452. doi:10.1016/j.fsigss.2009.09.025

Avena, S. A., Parolin, M. L., Dejean, C. B., Part, M. C. R., Goicoechea, A. S. y Dugoujon, J. M. (2009). Mezcla génica y linajes uniparentales en Comodoro Rivadavia (Provincia de Chubut, Argentina). *Revista Argentina de Antropología Biológica*, 11(1), 25-41.

Avena, S. A., Goicoechea, A. S., Bartomioli, M., Fernández, V., Cabrera, A., Dugoujon, J. M., ... Carnese, F. R. (2007). Mestizaje en el sur de la región pampeana (Argentina). Su estimación mediante el análisis de marcadores proteicos y moleculares uniparentales. *Revista Argentina de Antropología Biológica*, 9(2), 56-76.

Bailliet, G., Ramallo, V., Muzzio, M., García, A., Santos, M. R., Alfaro, E. L., ... Demarchi, D. A. (2009). Brief communication: Restricted geographic distribution for Y-Q\* paralog in South America. *American Journal of physical Anthropology*, 140(3):578-582. doi:10.1002/ajpa.21133

Bailliet, G., Ramallo, V., Muzzio, M., Santos, M. R., Motti, J. M. B., Bianchi, N. O. y Bravi, C. M. (2011). Antecedentes y nuevos aportes en el estudio del cromosoma Y en poblaciones humanas sudamericanas. *Journal of Basic and Applied Genetics*, 22(1), 1-9.

Bianchi, N. O., Bailliet, G., Bravi, C. M., Carnese, R. F., Rothhammer, F., Martínez-Marignac, V. y Pena, S. D. J. (1997). Origin of amerindian Y-chromosomes as inferred by the analysis of six polymorphic markers. *American Journal of Physical Anthropology*, 102(1), 79-89. 10.1002/(SICI)1096-8644(199701)102:1<79::AID-AJPA7>3.0.CO;2-8

Bobillo, M. C., Zimmermann, B., Sala, A., Huber, G., Röck, A., Bandelt, H. J., ... Parson, W. (2010). Amerindian mitochondrial DNA haplogroups predominate in the population of Argentina: Towards a first nationwide forensic mitochondrial DNA sequence database. *International Journal of Legal Medicine*, 124(4), 263-268. doi:10.1007/s00414-009-0366-3

Bonilla, C., Bertoni, B., González, S., Cardoso, H., Brum-Zorrilla, N. y Sans, M. (2004). Substantial Native American female contribution to the population of Tacuarembó, Uruguay, reveals past episodes of sex-biased gene flow. *American Journal of Human Biology*, 16(3), 289-297. doi:10.1002/ajhb.20025

Bravi, C. M., Bailliet, G., Martínez-Maurignac, V. y Bianchi, N. O. (2000). Origin of YAP + Lineages of the Human Y-Chromosome. *American Journal of Physical Anthropology*, 112(2), 149-158. doi:10.1002/(SICI)1096-8644(2000)112:2<149::AID-AJPA2>3.0.CO;2-M

Calvo, CL, Palacios de Cosiansi, L, & Naessens, SF. (1999). *Los espacios culturales de la comunidades árabe, sefaradí e hispana en la Provincia de Tucumán (Argentina)*. Observatorio Geográfico de América Latina. Consultada el 14 de marzo de 2018. <http://observatoriogeograficoamericalatina.org.mx/egal7/Geografiasocioeconomica/Geografiaspacial/03.pdf>

Capelli, C., Brisighelli, F., Scarnicci, F., Arredi, B., Caglia, A., Vetrugno, G. y Pascali, V. L. (2007). Y chromosome genetic variation in the Italian peninsula is clinal and supports an admixture model for the Mesolithic-Neolithic encounter. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 44(1). doi:10.1016/j.ympev.2006.11.030

Cinnioglu, C., King, R., Kivisild, T., Kalfoglu, E., Atasoy, S., Cavalleri, G. L., Underhill, P. A. (2004). Excavating Y-chromosome haplotype strata in Anatolia. *Human Genetics*, 114(2), 127-148. doi:10.1007/s00439-003-1031-4

- Corach, D., Lao, O., Bobillo, C., van Der Gaag, K., Zuniga, S., Vermeulen, M. y Kayser, M. (2010). Inferring continental ancestry of argentineans from autosomal, Y-chromosomal and mitochondrial DNA. *Annals of Human Genetics*, 74(1), 65-76. doi:10.1111/j.1469-1809.2009.00556.x
- Devoto, F. J. (2008). La inmigración de ultramar. En S. Torrado (Comp.). *Población y bienestar en la Argentina del primero al segundo Centenario. Una historia social del siglo XX* (pp. 531-549). Buenos Aires, Argentina: Edhasa.
- Dipierri, J. E., Alfaro, E., Martínez-Marignac, V. L., Bailliet, G., Bravi, C. M., Cejas, S., y Bianchi, N. O. (1998). Paternal directional mating in two Amerindian subpopulations located at different altitudes in northwestern Argentina. *Human Biology*, 70(6), 1001-1010.
- Excoffier, L., Laval, L. G. y Schneider, S. (2005). Arlequin (version 3.0): An integrated software package for population genetics data analysis. *Evolutionary Bioinformatics Online*, 1, 47-50. doi:10.1177/117693430500100003
- Excoffier, L., Smouse, P. E. y Quattro, J. M. (1992). Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics*, 131, 479-491.
- Frediani, G. (1992). Aspectos económicos en la zona semiárida de Santiago del Estero. *Anales de la Academia Nacional de Agronomía y Veterinaria*, 38(5), 105-115.
- Frigerio, A. (2008). De la "desaparición" de los negros a la "reaparición" de los : comprendiendo la política de las identidades negras, las clasificaciones raciales y de su estudio en la Argentina. En G. Lencini (Ed.). *Los estudios afroamericanos y africanos en América Latina : herencia, presencia y visiones del otro* (pp. 117-144). Buenos Aires, Argentina: CLACSO.
- García, A., Pauro, M., Bailliet, G., Bravi, C. M. y Demarchi, D. A. (2018). Genetic variation in populations from central Argentina based on mitochondrial and Y chromosome DNA evidence. *Journal of Human Genetics*, 63, 1-15. doi:10.1038/s10038-017-0406-7
- Geppert, M., Ayub, Q., Xue, Y., Santos, S., Ribeiro-Dos-Santos, Baeta, M.,...Roewer, L. (2015). Identification of new SNPs in native South American populations by resequencing the Y chromosome. *Forensic Science International: Genetics*, 15, 111-114. doi:10.1016/j.fsigen.2014.09.014
- Gil Montero, R. (2005). La población colonial del Tucumán. En García Belsunce, C. (Comp.). *La población colonial argentina. Estudio regional comparativo* (pp. 65-122). Buenos Aires, Argentina: Academia Nacional de la Ciencia.
- González, A. R. y Pérez, J. (2000). *Argentina indígena, visperas de la conquista*. Buenos Aires, Argentina: Paidós.
- Guzmán, F. (2006). Africanos en la Argentina. Una reflexión desprevenida. *Revista Andes*, 17, 1-35.
- Jurado Medina, L., Ramallo, V., Calandra, H., Lamenza, G., Braunstein, J., Salceda, S. y Bailliet, G. (2014a). Linajes paternos del Gran Chaco, un abordaje desde el ADN. *Folia Histórica del Nordeste*, 187-202.
- Jurado Medina, L., Ramallo, V., Schwab, M. E., Bravi, C. M. y Bailliet, G. (2014b). Secuencias de alta definición en linajes paternos Q\* de Argentina. En *Actas del XIII Congreso de la Asociación Latinoamericana de Antropología Biológica (ALAB)*. Santiago de Chile, Chile: ALAB.
- Jurado Medina, L., Muzzio, M., Schwab, M. E., Bravi, C., Constantino M. L., Barreto, G. y Bailliet, G. (2014c). Human Y-chromosome SNP characterization by multiplex amplified product-length polymorphism analysis. *Electrophoresis*, 35, 2524-2527. doi:10.1002/elan.
- Kruskal, J. B. (1964a). Multidimensional scaling by optimizing goodness of fit to a nonmetric hypothesis. *Psychometrika*, 29(1), 1-27. doi:10.1007/BF02289565
- Kruskal, J. B. (1964b). Nonmetric multidimensional scaling: A numerical method. *Psychometrika*, 29(2), 115-129.
- Ledesma, R., Paz, J. y Tasso, A. (2011). Trabajo rural estacional en Santiago del Estero. *Organización Internacional del Trabajo*. Argentina. doi:10.1007/BF02289694
- Lorandi, A. M. (1978). El desarrollo cultural prehispánico en Santiago del Estero, Argentina. *Journal de la Société Des Américanistes*, 65(1), 63-85. doi:10.3406/jsa.1978.2156
- Maca-Meyer, N., Sanchez-Velasco, P., Flores, C., Larruga, J. M., Gonzales, A. M., Oterino, A. y Leyva-Cobian, F. (2003). Y chromosome and mitochondrial DNA characterization of Pasiegos, a human isolate from Cantabria (Spain). *Annals of Human Genetics*, 67, 327-339. doi:10.1046/j.1469-1809.2003.00045.x
- Martínez Sarasola, C. (2013). *Nuestros paisanos los indios*. Buenos Aires, Argentina: Emecé.
- Motti, J. M. B., Muzzio, M., Ramallo, V., Kladniew, B. R., Alfaro, E. L., Dipierri, J. E. y Bravi, C. M. (2013). Origen y distribución espacial de linajes maternos nativos en el noroeste y centro oeste argentinos. *Revista Argentina de Antropología Biológica*, 15(1), 3-14.
- Moyano, R. y Diaz, M. G. (2015). Los nevados del Aconquija como sitio de frontera y espacio de observación lunar, Tucumán, noroeste de Argentina. *Estudios Atacameños*, 50, 151-175. doi:10.4067/S0718-10432015000100008
- Myres, N. M., Rootsi, S., Lin, A. A., Jarve, M., King, R. J., Kutuev, I., Underhill, P. A. (2011). A major Y-chromosome haplogroup R1b Holocene era founder effect in Central and Western Europe. *European Journal of Human Genetics*, 19, 95-101. doi:10.1038/ejhg.2010.146
- Nicolini, E. A. (1994). El comercio en Tucumán 1810-1815: Flujos de mercancías y dinero y balanzas comerciales. *Población y Sociedad*, 2, 47-79.
- Parolin, M. L., Avena, S. A., Dejean, C. B., Jaureguiberry, S. M., Sambuco, L. A. y Carnese, F. R. (2012). Y-chromosomal STR haplotype diversity in a sample from the Metropolitan Area of Buenos Aires (Argentina). *Revista Del Museo de Antropología*, 5, 53-64.
- Puchulu, M. y Fernández, D. S. (2017). Suelos representativos del noroeste argentino. En C. M. Muruaga y P. Grosse (Eds.). *Ciencias de la Tierra y Recursos Naturales del NOA* (pp. 874-912). San Miguel de Tucumán, Argentina: Congreso Geológico Argentino.
- Ramallo, V., Mucci, J. M., García, A., Muzzio, M., Motti, J. M. B., Santos, M. R. y Bailliet, G. (2009). Comparison of Y-chromosome haplogroup frequencies in eight provinces of Argentina. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series*, 2(1), 431-432. doi:10.1016/j.fsigs.2009.08.047
- Ramallo, V., Muzzio, M., Santos, M. R., Motti, J. M. B., Medina, L. S. J., Bravi, C. M. y Bailliet, G. (2011). Native male founder lineages of South America. *Current Research in the Pleistocene*, 1, 29-32.
- Raymond, M. y Rousset, F. (1995). An exact test for population differentiation. *Evolution*, 49(6), 1280-1283. doi:10.1111/j.1558-5646.1995.tb04456.x

- Rosa, A., Ornelas, C., Jobling, M. A., Brehm, A. y Villems, R. (2007). Y-chromosomal diversity in the population of Guinea-Bissau: a multiethnic perspective. *BMC Evolutionary Biology*, 7. doi:10.1186/1471-2148-7-124
- Togo, J., Bonetti, C. y Garay, L. (2010). Una primera aproximación al estudio de la esclavitud en Santiago. *Fundación Cultural Santiago Del Estero*, 44, 1-9.
- Wright, S. (1978). *Evolution and the genetics of populations*. Chicago, Estados Unidos: Population
- Zalloua, P. A., Xue, Y., Khalife, J., Makhoul, N., Debiane, L., Platt, D. E.,... Tyler-Smith, C. (2008). Y-chromosomal diversity in lebanon is structured by recent historical events. *American Journal of Human Genetics*, 82(4), 873-882. doi:10.1016/j.ajhg.2008.01.020