



BASES DE DATOS DE SECUENCIAS MITOCONDRIALES: RELEVANTE CONTRIBUCIÓN DE LA ANTROPOLOGÍA A LA INVESTIGACIÓN FORENSE

*Corach, D.*¹

1: Servicio de Huellas Digitales Genéticas y Cátedra de Genética y Biología Molecular, Facultad de Farmacia y Bioquímica, UBA, Buenos Aires, Argentina. dcorach@ffyb.uba.ar

La investigación de las características moleculares del genoma mitocondrial (ADNmt) han sido una de las primeras herramientas en ser exitosamente empleadas tanto en el campo de la Antropología Molecular como en el de Genética Forense. Su análisis fue optimizado en forma paulatina partiendo de los análisis de polimorfismos de restricción, empleados inicialmente, hasta la secuenciación completa del genoma mitocondrial. Las características hereditarias del ADNmt, restringida a la matrilinea y la ausencia de recombinación hacen de la información polimórfica presente en la molécula de 16.569 pares de bases (pb) de longitud un elemento identificador que posibilita el rastreo de un linaje materno o bien la correlación entre una evidencia criminal y un posible emisor de la misma. La población actual de nuestro país, como la de los demás países de América, es el resultado de diversos aportes genéticos intercontinentales lo que permite diferenciar nuestra población de las demás poblaciones. Con el objeto de evaluar los aportes genéticos efectuados por los diferentes grupos étnicos que participaron en la constitución de la población argentina, por un lado, y el de crear un Base de datos de secuencias de ADNmt de alta calidad, por otro, se analizaron muestras de 400 donantes no relacionados, de ambos sexos, provenientes de 8 provincias argentinas. Se siguieron las recomendaciones de EMPOP a los efectos de obtener una Base de Datos de alta calidad. Se obtuvo la secuencia de la Región de Control completa (15024- 576). La secuenciación se llevó a cabo mediante el uso de 10 primers, permitiendo la superposición de secuencias y la disminución de posibles errores de lectura. De los 400 haplotipos de la Región de Control obtenidos, pudieron detectarse 331 haplotipos diferentes, de los cuales 69 secuencias se detectaron más de una vez. La asignación de haplogrupos permitió detectar que 228 muestras (57%) pertenecían a los haplogrupos ancestrales americanos: Haplogrupo A2=13,75%, hg B2= 14,75%, hg C1=13,75% hgD1=14,75%, en tanto que sólo el 2,5% eran linajes Africanos (L) y 40,75% Europeos. La frecuencia de los haplogrupos claramente diferentes a las detectadas en otras poblaciones mundiales refuerza la necesidad de creación de bases de secuencias locales para su empleo en el campo de la identificación forense. Por otro lado, aporta al conocimiento de las contribuciones al acervo génico mitocondrial que aportaron los diferentes grupos étnicos que participaron en la compleja constitución poblacional de nuestro país.