

DIVERSIDAD Y ESTRUCTURA GEOGRÁFICA DE LINAJES MATERNOS AMERICANOS EN EL TERRITORIO DE CÓRDOBA

García-Ministro, Angelina¹; Bravi, Claudio M²; Demarchi, Darío A¹

Museo de Antropología, FFyH, UNC; IMBICE¹, CONICET² dariodemarchi@gmail.com

Se analizaron 112 secuencias de la Región Hipervariable I del ADN mitocondrial, pertenecientes a individuos de diferentes localidades de la provincia de Córdoba, previamente asignados a uno de los cuatro haplogrupos americanos a partir de análisis de RFLP. Se detectaron 41 linajes distintos, definidos por 37 sitios variables, los cuales no revelaron una diferenciación evidente por localidad, ya que haplotipos idénticos fueron compartidos por más de una población. El análisis molecular de la variancia (AMOVA) se realizó considerando cuatro subregiones: Ansenusa, Noroeste, Norte y Traslasierra. El resultado mostró que el 99,4% de la variabilidad genética se distribuye dentro de las subregiones, correspondiendo a la diferenciación intergrupala solamente el 0,6% ($F_{ST} = 0,006$, $p = 0,27$). Es decir, existe una gran homogeneidad en la distribución de la variabilidad genética. El análisis interpoblacional incluyó a 28 poblaciones de Sudamérica a partir de datos publicados. La diversidad nucleotídica en la muestra Córdoba fue similar al promedio observado para el resto de las poblaciones ($\Pi = 0,015$). El coeficiente de diferenciación interpoblacional fue alto y estadísticamente significativo ($F_{ST} = 0,276$, $p = 0,000$). Los F_{ST} de a pares, entre Córdoba y el resto de las poblaciones, fueron estadísticamente significativos, excepto con tres poblaciones de los Llanos de Moxos (Bolivia) y una población Mapuche de Argentina.

Palabras clave: ADNmt RHV-I, AMOVA, Sudamérica

Keywords: mtDNA HVR-I, AMOVA, South America.