

## LINAJES ANTROPONÍMICOS Y GENÉTICOS EN EL NOA: CONCORDANCIAS Y DISCREPANCIAS

*Muzzio, M<sup>(1)</sup>; Alfaro, EL<sup>(2)</sup>; Dipierri, JE<sup>(2)</sup>; Motti, JMB<sup>(1)</sup>;  
Bianchi, NO<sup>(1)</sup>; Bailliet, G<sup>(1)</sup>*

<sup>1</sup>IMBICE, <sup>2</sup>INBIAL. UNJu. marinamuzzio@yahoo.com.ar

De acuerdo a la teoría isonímica, se espera que dentro de una población los individuos con el mismo apellido tengan ancestros comunes. El objetivo de este trabajo fue evaluar la concordancia entre apellidos y haplotipos holándricos en individuos del NOA. Se analizaron muestras de 92 varones seleccionados al azar provenientes de Salta, Tucumán y Catamarca, abarcando 34 apellidos distintos. Los haplotipos del cromosoma Y se establecieron a través de 7 microsatélites (DYS 19, 389 a y b, 390, 391, 392 y 393). Se identificaron 87 haplotipos, 83 (95,4%) fueron únicos y 4 (4,6%) compartidos. Tres individuos compartieron el mismo apellido y haplotipo y este fue de origen nativo americano. Seis individuos se agruparon de a dos en tres haplotipos, con apellidos distintos (trans-apellidos), uno de ellos fue de origen nativo americano y los otros dos europeo. Aún cuando las muestras fueron seleccionadas al azar, el 3,3% de los individuos compartieron apellido y haplotipo del cromosoma Y, denotando una concordancia entre los dos sistemas. El alto porcentaje de haplotipos únicos revela la magnitud de la migración pasada y reciente en la región. Estos resultados demuestran la importancia de los procesos de disrupción étnica y transmisión irregular de los apellidos, que influyen sobre la compleja antroponimia de esta región.

*Palabras clave:* apellidos, cromosoma Y, NOA