

# CARACTERIZACIÓN DE LINAJES MATERNOS EN LA POBLACIÓN ACTUAL DEL NOROESTE Y CENTRO-OESTE ARGENTINOS

Josefina María Brenda Motti

2012

Director: Claudio M. Bravi

Co-Director: Graciela Bailliet



Universidad Nacional de La Plata

Facultad de Ciencias Naturales y Museo

*A mi linaje materno*

## AGRADECIMIENTOS

A las autoridades del IMBICE que permitieron el desarrollo de este trabajo. A la Universidad Nacional de La Plata por mantener una educación pública y gratuita. A los encargados de generar las secuencias Michael Coble, Rebecca Just, Jodi Irwin, Jessica Saunier y Melissa Scheible.

Al personal de los hospitales y centros de salud donde fuimos a muestrear, no sólo colaboraron con nuestro trabajo, sino que realmente nos ofrecieron su hospitalidad, desde el punto de vista humano. Con el riesgo de olvidar algunos nombres, quiero recordar especialmente a Nicolasa, Marisa, Miguel, María José, a la Dra Lobos, Mario, Norma y Valeria. A quienes participaron de las campañas Virginia Ramallo, Marina Muzzio, Angelina García, María Emilia Pérez, Felicitas Fonseca, Mercedes Santos, Luciana Carreras, Cecilia Castro y Emma Alfaro. A Angélica Rave y Santiago Chiarullo que colaboraron con la digitalización de las encuestas genealógicas.

A mi papá que permaneció siempre con esa imagen de naturalista viajero decimonónico a quien todos llamaban “el profesor” y creo que heredé de él la curiosidad por “la ciencia”. A mi mamá que introdujo un poco de historia entre tanta biología y me sembró las ganas de ir a estudiar a La Plata. A mi hermana que nos dio asilo en la pensión, sin una queja. A las tres tías Marisol, Lorena y Guadalupe que me ayudan a cuidar a Martina, si no fuera por ellas no habría podido ir a congresos ni cursos ni a dar clases.

A Marina que me abrió las puertas del IMBICE. A Graciela por interesarse siempre preguntando: “Y... ¿Cómo vas?”, pregunta que da pie a contestar acerca de todo tipo de problemas: existenciales, familiares o académicos. A Claudio por permitirme compartir su pasión por los linajes mitocondriales americanos. A Virginia por haber hecho huella para los antropólogos en el IMBICE y por ser siempre el buen ejemplo a seguir, también por solucionar problemas inmobiliarios. A Rita, por compartir incertidumbres (no es fácil encontrar a alguien dispuesto a reconocerlas). A Laura por tener fe en mí. A Mariela, Julieta S, Julieta B, Marisol, Javier, Anita, Julia, Lorena, Cecilia, Luisina y Guillermina, por compartir mates y esta cosa de ser *becario* (mal de muchos...). A la gente del IMBICE.

A mis amigas platenses Mara, Felicitas, Silvina C, Silvina A, Analía, Jessi y Mariel por haberme acompañado en distintos momentos de la carrera y de la vida. A Feli también por ser mi compañera de oficina virtual. A mis amigos necochenses Itatí, Lorena, Belén, Richard, el Gato y Ximena por recordarme que hay vida fuera del mundo de la investigación. A quienes me recibieron académicamente en Necochea: Ricardo, Pamela y Nora.

A Pablo que permanentemente me alentó a seguir con la demoledora pregunta: “y si no... ¿qué vas a hacer?” A Martu por ser mi compañera.

# INDICE

Agradecimientos .....	ii
Índice.....	iii
Índice de Tablas .....	v
Índice de Figuras .....	v
Resumen .....	vii
Abstract .....	x
Capítulo I: Introducciones .....	1
1.1 El ADN mitocondrial .....	2
1.2 El uso del ADNmt en antropología .....	7
1.2.1 Reconstrucción de la filogenia .....	7
1.2.1.1 Filogeografía global .....	8
1.2.1.2 Filogenia americana. El poblamiento inicial.....	14
1.2.2 La población americana actual. ADNmt y mestizaje. ....	15
1.3 Noroeste y Centro-oeste argentinos (NOA y COA), distintas miradas sobre el territorio 16	
1.3.1 Doce mil años de ocupación humana. Apuntes desde la Arqueología .....	16
1.3.2 El mosaico étnico del siglo XVI. Apuntes desde la Etnohistoria y la Lingüística .....	22
1.3.3 Conflictos e identidades. Desde la conquista española a la conformación del Estado Nacional .....	25
1.3.4 La sociedad argentina actual. Las desigualdades regionales.....	26
Capítulo II: Materiales, Sujetos y Métodos.....	30
2.1 Muestreo.....	30
2.2 Información genealógica .....	32
2.3 Extracción de sangre o saliva .....	32
2.4 Extracción de ADN .....	33
2.4.1 Primera etapa, a campo. ....	33
2.4.2 Segunda etapa, en el IMBICE .....	33
2.5 Tipificación de haplogrupos mitocondriales .....	33
2.5.1 Tipificación mediante análisis de polimorfismos de longitud de los amplicones y de los fragmentos de restricción.....	35
2.5.2 Tipificación mediante polimorfismos de longitud de los productos de amplificación (APLP) .....	38
2.5.3 Asignación mediante secuenciación de la región control .....	40
2.5.3.1 Secuenciación.....	40
2.5.3.2 Alineamiento .....	41
2.6 Análisis de variabilidad intrapoblacional .....	41
2.6.1 Diversidad haplotípica ( <i>h</i> ).....	42
2.6.2 Diversidad nucleotídica ( $\pi$ ) .....	42
2.6.3 Número medio de diferencias nucleotídicas entre pares de haplotipos (Nei, 1987) ..	42
2.7 Test exacto de diferenciación poblacional .....	43
2.8 Análisis de diferenciación interpoblacional .....	43
2.8.1 Construcción de hipótesis filogenéticas: definición de linajes.....	43
2.8.2 Análisis de Componentes Principales .....	43
2.8.3 Identificación de barreras genéticas .....	44
2.8.4 Análisis de distribución de linajes a nivel sudamericano .....	44
2.8.4.1 Compilación de secuencias sudamericanas .....	44
2.8.4.2 Definición de puntos geográficos.....	44
2.8.4.3 Interpolación de frecuencias poblacionales.....	45
Capítulo III: Resultados .....	46
3.1 Origen de los linajes maternos .....	46

3.1.1 Haplogrupos mitocondriales .....	47
3.1.2 Información genealógica .....	50
3.1.3 Correspondencia entre ambas fuentes de información.....	53
3.2 Análisis de variabilidad intrapoblacional.....	53
3.3 Distribución regional de los linajes maternos nativos.....	55
3.3.1 Definición de linajes.....	55
3.3.2 Análisis de Componentes principales .....	56
3.3.3 Identificación de barreras genéticas .....	57
3.3.4 Análisis geográfico de la distribución de frecuencias de linajes .....	58
3.3.4.1 Región I.....	59
3.3.4.2 Región II.....	66
3.3.4.3 Región III .....	78
3.3.4.4 Región IV .....	88
Capítulo IV: Discusiones .....	97
4.1 Continuidad de los linajes maternos.....	97
4.1.1 Migraciones intercontinentales .....	97
4.1.2 Migraciones interregionales .....	100
4.1.3 Sobre identidades .....	101
4.2 Linajes monofiléticos como variables independientes .....	103
4.2.1 Variación en la tasa mutacional.....	104
4.2.2 De cómo un único evento mutacional puede afectar a más de una base .....	106
4.2.3. Corolario .....	107
4.3 Diferenciación regional.....	107
4.4 Hipótesis de poblamiento.....	109
Capítulo V: Conclusiones.....	116
Capítulo VI: Referencias bibliográficas .....	117
VII. Anexos .....	134
7.1 Anexo Material y métodos .....	134
7.1.1 Encuesta genealógica .....	134
7.1.2 Formulario de consentimiento informado .....	136
7.1.3 Soluciones de trabajo .....	138
7.2 Anexo Resultados.....	140
7.2.1 Lista de muestras por localidad, indicando el haplogrupo, el método de asignación y el lugar de nacimiento del último ancestro materno conocido. ....	140
7.2.2 Lista de muestras secuenciadas por localidad, indicando las mutaciones con respecto a la Secuencia de Referencia de Cambridge (SRC revisada), el rango de lectura y la ubicación en las redes de haplotipos. ....	167
7.2.3 Hipótesis filogenéticas: Redes de Haplotipos .....	209
7.2.3.1 Haplogrupo A2.....	210
7.2.3.2 Haplogrupo B2.....	215
7.2.3.3 Haplogrupo C1b.....	227
7.2.3.3 Haplogrupo C1c .....	231
7.2.3.3 Haplogrupo C1d.....	232
7.2.3.3 Haplogrupo C4c .....	233
7.2.3.4 Haplogrupo D1.....	234
7.2.3.4 Haplogrupo D4h3a .....	238
7.2.4. Frecuencia de clados por población. ....	239
7.2.5 Puntos geográficos definidos para la interpolación de frecuencias de clados .....	244
7.2.5.1 Puntos geográficos definidos para polimorfismos en la RHVI.....	244
7.2.5.2 Puntos geográficos para polimorfismos en la RHVI y RHVII.....	252
7.2.5.3 Puntos geográficos para polimorfismos en la Región Control (por fuera de las RHVI y RHVII) .....	257

7.2.6 Frecuencias poblacionales utilizadas para confeccionar los mapas de distribución geográfica de linajes.....	261
7.2.6.1 Linajes definidos por mutaciones en la RHVI.....	261
7.2.6.2 Linajes definidos por mutaciones en la RHVII.....	263
7.2.6.3 Linajes definidos por mutaciones en la Región Control (por fuera de las RHV I y II). ..	266
7.3 Lista de Abreviaturas .....	268

## INDICE DE TABLAS

Tabla 1.1. Sitios arqueológicos tempranos de Argentina y áreas vecinas.....	19
Tabla 1.2. Cantidad de habitantes por localidad, Censo Nacional de Población, INDEC 2001.....	27
Tabla 1.3. Composición de la población por provincia según lugar de nacimiento en 1914.....	28
Tabla 2.1. Localidades muestreadas, institución donde se realizó el muestreo y número de muestras..	31
Tabla 2.2. Enzimas de restricción y polimorfismos utilizados para asignar el origen continental.....	36
Tabla 2.3. Cebadores empleados para la amplificación alelo-específica.....	39
Tabla 2.4. Mutaciones de la Región Control asociadas a los haplogrupos americanos.....	40
Tabla 3.1. Origen continental de los haplogrupos mitocondriales, en porcentaje por localidad.....	47
Tabla 3.2. Test exacto de diferenciación poblacional entre pares de poblaciones.....	48
Tabla 3.3. Lugar de origen declarado del último ancestro conocido por vía materna, por localidad de muestreo, en porcentajes.....	51
Tabla 3.4. Lugar de origen declarado del último ancestro conocido por vía paterna, por localidad de muestreo, en porcentajes.....	52
Tabla 3.5. Número de hombres cada 100 mujeres a través de los últimos 7 censos nacionales.....	52
Tabla 3.6. Medidas de diversidad intrapoblacional.....	54
Tabla 3.7. Distancias de Nei entre pares de localidades.....	57

## ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1.1. Árbol mitocondrial humano con énfasis en los linajes extra-africanos; reproducido de van Oven y Kayser, 2008.....	11
Figura 1.2. Árbol mitocondrial humano con énfasis en los linajes africanos; reproducido de Behar y col. 2008.....	12
Figura 1.3. Árbol mitocondrial humano mostrando la distribución geográfica de los haplogrupos, reproducido de Olivieri y col. 2006.....	13
Figura 1.4. Árbol mitocondrial de los haplogrupos americanos basado en Perego y col. 2010.....	15
Figura 1.5. Mapa con los sitios con fechados radiocarbónicos sin calibrar > a 10.000 ap.....	18
Figura 1.6. Mapa esquemático de las regiones fitogeográficas y los grupos indígenas del siglo XVI..	25
Figura 2.1. Localidades muestreadas.....	30
Figura 2.2. Visualización de los fragmentos co-amplificados para determinar los haplogrupos C y D..	36
Figura 2.3. Visualización del fragmento amplificado para determinar el haplogrupo A.....	36
Figura 2.4. Visualización del fragmento amplificado para detectar la delección de 9 pb en región V (haplogrupo B).....	37
Figura 2.5. Visualización de los fragmentos resultantes luego de la digestión con AluI. ....	37
Figura 2.6. Visualización de los fragmentos resultantes luego de la digestión con HaeIII.....	37
Figura 2.7. Co-amplificación alelo específica, indicando la determinación de haplogrupos.....	39
Figura 3.1. Comparación de las localidades en base al porcentaje de linajes alóctonos.....	49

Figura 3.2. Correlación entre la latitud y el porcentaje de haplogrupos Nx(A,B).....	49
Figura 3.3. Correlación entre la latitud y el porcentaje de haplogrupos Lx(M,N).....	50
Figura 3.4. Análisis de Componentes Principales.....	56
Figura 3.5. Barreras genéticas identificadas con el programa Barrier 2.2.....	58
Figura 3.6. Regiones geográficas concordantes con los patrones de distribución de linajes.....	59
Figura 3.7. Red de haplotipos correspondientes al linaje B2+16188.....	60
Figura 3.8. Distribución geográfica del linaje B2+16188.....	61
Figura 3.9. Distribución geográfica de linajes propios de la Región I (a-d).....	63
Figura 3.10. Distribución geográfica de linajes propios de la Región I (e-h).....	64
Figura 3.11. Distribución geográfica de linajes propios de la Región I (i-l).....	65
Figura 3.12. Distribución geográfica del linaje D1+16293.....	66
Figura 3.13. Red de haplotipos pertenecientes a D1 + 152 16242 16311.....	67
Figura 3.14. Distribución geográfica del linaje D1+ 152 16242 16311.....	68
Figura 3.15. Distribución geográfica del linaje C1b+146 y sus linajes derivados.....	70
Figura 3.16. Red de haplotipos correspondientes al linaje C1b+146.....	71
Figura 3.17. Red de haplotipos pertenecientes al linaje C1b + 16192.....	72
Figura 3.18. Distribución geográfica del linaje C1b+16192.....	73
Figura 3.19. Distribución a nivel sudamericana del linaje C1d+195.....	75
Figura 3.20. Red de haplotipos correspondientes al linaje C1d+195.....	76
Figura 3.21. Distribución geográfica del linaje B2+16142.....	77
Figura 3.22. Red de haplotipos pertenecientes al linaje B2+16142.....	78
Figura 3.23. Distribución geográfica del linaje B2+146 215 (455+T).....	80
Figura 3.24. Red de haplotipos pertenecientes a B2 + 146 215 455+T.....	81
Figura 3.25. Distribución geográfica de linajes con centro de distribución en la Región III (a-d).....	82
Figura 3.26. Distribución geográfica de linajes propios de la Región III (a-d).....	84
Figura 3.27. Distribución geográfica de linajes propios de la Región III (e-g).....	85
Figura 3.28. Distribución geográfica de linajes propios de Andes Centrales en la Región III.....	86
Figura 3.29. Distribución geográfica de sub-linajes derivados de B2+103 (a-d).....	87
Figura 3.30. Distribución geográfica de sub-linajes derivados de B2+103 (e-f).....	88
Figura 3.31. Red de haplotipos pertenecientes a A2+150.....	89
Figura 3.32. Distribución geográfica del linaje A2+150.....	90
Figura 3.33. Red de haplotipos pertenecientes a C4c.....	91
Figura 3.34. Distribución geográfica del linaje linajes C sin la mutación 16325.....	92
Figura 3.35. Distribución geográfica de linajes identificados en la región IV.....	93
Figura 3.36. Mapas de distribución geográfica de linajes patagónicos.....	95
Figura 3.37. Redes de haplotipos de los linajes propios de Patagonia.....	96
Figura 4.1. Secuencia de bases circundante a la posición 150.....	105
Figura 4.2. Estructuras I (izquierda) y J (derecha) identificadas por Pereira y col. (2008), indicando la ubicación de las posiciones 64, 94, 146 y 150.....	106
Figura 4.3. Reestructuración en la región 55-73.....	106
Figura 4.4. Modelo de poblamiento sudamericano propuesto en esta tesis. Se señalan los focos de poblamiento discutidos en el texto. ....	115

# RESUMEN

## **Introducción y Objetivos**

El estudio de la variabilidad humana en América ha sido abordado aplicando técnicas de la antropometría, la lingüística, la etnografía y la historia. Otra técnica para evaluar similitudes y diferencias entre grupos humanos proviene de la biología molecular. El ADN mitocondrial (ADNmt) debido a su herencia exclusivamente materna no sufre recombinación y por ello permite la reconstrucción de filogenias a nivel subespecífico. Los estudios de ADNmt en poblaciones humanas han apoyado la hipótesis del origen africano de los humanos modernos y han contribuido a reconstruir las rutas migratorias de poblamiento.

Los datos referidos a América confirman el origen asiático de sus primeros pobladores y contribuyen a discutir el tiempo y modo de dispersión. Sin embargo en este continente, la población actual incluye no sólo a los descendientes de los primeros pobladores, sino también a quienes arribaron al continente como consecuencia del “descubrimiento” por parte de marinos europeos. Además de conquistadores y colonos europeos, en América se introdujo una gran cantidad de población proveniente de África subsahariana, traída como mano de obra esclava. En algunos países como la Argentina, la composición de la población se vio fuertemente alterada por el impulso de la inmigración europea durante los siglos XIX y XX. En virtud del balance desigual entre migrantes varones y mujeres, tanto en tiempos coloniales como estatales, tuvo lugar un mestizaje de tipo sexo-asimétrico entre mujeres locales y hombres foráneos, que resultó en la persistencia de linajes maternos nativos tanto en comunidades rurales como urbanas.

Teniendo en cuenta estos antecedentes, esta tesis tiene como objetivo determinar el origen continental de los linajes maternos de la población actual del Noroeste y Centro-Oeste de Argentina (NOA y COA) y analizar desde una perspectiva filogeográfica la distribución de aquellos propios de América, tanto al interior de la región analizada como en un contexto sudamericano.

## **Material y Métodos**

Por medio de campañas de muestreo en distintos hospitales y centros de salud de las provincias de Mendoza, San Juan, La Rioja, Catamarca, Salta y Jujuy; se obtuvieron muestras biológicas acompañadas de información genealógica correspondientes a 1.787 individuos, quienes manifestaron su consentimiento por escrito. La información genealógica fue codificada para establecer el lugar de nacimiento del último ancestro por vía materna del que se tuviera conocimiento (UACM) y así diferenciar a aquellos individuos de origen “local” (UACM nacido en la misma provincia o en provincia limítrofe o en país limítrofe a la provincia), versus los de origen “no local” (UACM nacido en provincia no limítrofe o en país no limítrofe a la provincia). A partir de las muestras biológicas se extrajo el ADN y se determinó el origen continental a través de la tipificación de los clados L(xM,N) propio de África subsahariana, N(xA,B) propio de Europa y Medio Oriente y ABCD americanos. La

tipificación se realizó mediante análisis de polimorfismos de fragmentos de restricción o de amplificación, por amplificación alelo específica y/o por secuenciación de la Región Control (RC) completa. Con los datos de polimorfismos en RC, se construyeron manualmente redes de haplotipos por haplogrupo a modo de hipótesis filogenéticas. Se tuvieron en cuenta tanto criterios internos (consistencia geográfica, mayor parsimonia), como criterios externos (escala de sitios altamente variables, información publicada basada en secuencias completas). De esta manera se definieron clados o linajes potencialmente monofiléticos en base a la presencia compartida de mutacion(es) que se consideraron diagnósticas de ancestralidad común. Los análisis subsiguientes se basaron en la distribución de frecuencias de estos clados por localidad. Se realizó un Análisis de Componentes Principales (ACP) y estimación de barreras para el flujo génico con el programa BARRIER 2.2, a partir de distancias de Nei entre pares de localidades y se diagramó el patrón geográfico de distribución de frecuencias de cada clado a nivel sudamericano teniendo en cuenta los datos generados en esta tesis y la compilación de más de 6.000 secuencias publicadas de haplotipos A-D. Para ello se hizo una interpolación de frecuencias con el algoritmo de krigin en el programa Surfer 8.0.

## **Resultados**

En cuanto a la información molecular referida al origen continental, se comprobó que del total de las muestras, un 90 % de los linajes maternos tiene un origen nativo americano, con un rango que va desde 71 % para la ciudad de Mendoza, hasta 99 % para Maimará. Los linajes africanos están mayormente representados en la ciudad de Mendoza con un 7% y decrecen gradualmente hacia el norte. Del mismo modo, los linajes de Europa y Oriente Medio alcanzan su mayor frecuencia en la ciudad de Mendoza (21 %) y decrecen hacia el norte. Los datos referidos al lugar de nacimiento del UACM revelan que un 91 % de los entrevistados tiene un origen “local” en el sentido mencionado anteriormente; se observa a su vez la mayor presencia de linajes “no locales” en la ciudad de Mendoza (28 %). Estos datos son consistentes tanto con la información molecular como con los testimonios históricos que marcan a la capital mendocina como un polo atrayente de población. Ninguno de los entrevistados declaró tener un ancestro de origen africano, lo cual obedece a la profundidad temporal del arribo de africanos al continente, que escapa a los alcances de la memoria individual. La inmigración europea, por otra parte, tuvo lugar hace unas 3 o 4 generaciones atrás, por lo cual en la mayoría de los casos aún persiste un recuerdo fidedigno de la misma.

En conjunto, el ACP y las barreras genéticas identificadas, permiten definir cuatro regiones de acuerdo a la variabilidad mitocondrial presente. En primer lugar la Región I que comprende a las localidades de Maimará y La Quiaca, indicando una fuerte diferenciación respecto de las restantes localidades que conforman un segundo grupo, Región II. Esta última se caracteriza por ser el centro de distribución de al menos cuatro clados que alcanzan su mayor frecuencia a la altura de la provincia de La Rioja. La segunda barrera marca el límite de expansión de los linajes que tienen mayor frecuencia en la región circumpuneña, queda así definida la Región III, que incluye a la Región I y a un

subconjunto de la Región II que comprende a las localidades de Tartagal, Jujuy, Santa María y Belén. Esta región se caracteriza también por la presencia de linajes propios de las tierras bajas (Chaco y Amazonía). La Región IV, al sur de la segunda barrera, está integrada por las localidades de las provincias de La Rioja, San Juan y Mendoza; la misma cuenta con algunos linajes propios, pero también marca el límite de la influencia de linajes propios de Patagonia.

### **Discusión y Conclusiones**

El elevado porcentaje de linajes maternos nativos hallado en este trabajo puede estar relacionado con el tipo de muestreo que por realizarse en centros de salud y hospitales públicos, tiene un sesgo hacia los sectores de la población con menor poder adquisitivo que suelen estar asociados a un mayor componente de ancestría indígena. También se debe a la menor influencia de la inmigración transatlántica de los siglos XIX y XX que resultó en la preservación de una sociedad formada mayormente por descendientes de uniones entre hombres españoles y mujeres nativas. A pesar de la existencia de movimientos migratorios interregionales, la información genealógica recabada, permite manejar como hipótesis la persistencia de linajes nativos, no sólo a nivel continental sino también a nivel regional, justificando de este modo la aproximación metodológica aquí empleada que intenta analizar la distribución de linajes maternos nativos a partir del estudio de la población actual. Este análisis demostró que existe una estructuración regional de los linajes y que si bien en cada región existen múltiples linajes, producto de diferentes procesos de movilidad poblacional a lo largo del tiempo, es posible identificar linajes que por su frecuencia y variabilidad interna, podrían estar relacionados con momentos tempranos del poblamiento.

# ABSTRACT

## Introduction

The study of human variability in America has been carried out using techniques from anthropometry, ethnography, linguistics and history. Another way to investigate similarities and differences between human groups comes from molecular biology. Mitochondrial DNA (mtDNA) has strictly maternal inheritance and so, it does not suffer recombination. This feature allows the reconstruction of intraspecific phylogenies. MtDNA studies in human populations have supported the African origin of modern humans and contributed to describe migratory routes.

American data upholds the Asian origin of first settlers and takes part in the debate about time and mode of dispersion. Nevertheless, the contemporary American population includes not only the descendants of first settlers, but also those who arrive after the European “discovery”. Conquerors and colonizers from Europe were not the only ones that arrived; also many sub-Saharan people were brought as slaves. In some countries like Argentina, the population composition was strongly altered by an ultramarine immigration of XIX and XX centuries. Due to the unequal sex distribution between immigrants, an asymmetrical miscegenation took place; it involved local women and foreign men. This results in the persistence of native maternal lineages in the extant populations.

In this context, the objective of this thesis consists in determining the continental origin of maternal lineages in the present population of Northwest and Center-West of Argentina (NWA and CWA). Then, the aim is to analyze the distribution of Native American lineages from a phylogeographical perspective.

## Materials and methods

1.787 biological samples and genealogical information were collected in hospitals and sanitary centers in the provinces of Mendoza, San Juan, La Rioja, Catamarca, Salta and Jujuy. All donors gave their informed consent. Genealogical information was encoded to establish the place of birth of the last known maternal ancestor (LKMA). Two categories were generated “local” and “non local”. The first included LKMA that were born in the same province, in an adjacent one or in an adjoining country. The second involved LKMA that were born in a distant province or in a non-adjacent country. DNA was extracted from biological samples and continental origin was estimated considering L(xM,N) as indicator of African sub-Saharan origin; N(xA,B) as indicator of West Eurasian origin and ABCD as indicator of Native American origin. Typing was made by Restriction Fragment Length Polymorphisms (RFLP), Amplification Fragment Length Polymorphisms (AFLP) and full Control Region (CR) sequencing. Phylogenetic networks were made by hand with sequence data of 1.108 individuals, using internal criteria (geographic support and most parsimonious) and external criteria (ranking of mutational hot spots in mtDNA and published information regarding full sequence).

Potential monophyletic clusters or lineages were defined considering shared presence of mutation(s). Subsequent analyses were made taking into account the cluster frequency by locality. Principal Component Analysis (PCA) and identification of genetic barriers through BARRIER 2.2 software were performed. The geographical distribution of cluster frequency was drawn using our own data plus a compilation of more than 6.000 published sequences of A-D haplotypes applying the kriggin algorithm in Surfer 8.0 software.

## **Results**

Regarding molecular data, 90% of samples have Native American origin from the maternal side. The range includes values between 71% for Mendoza city and 99% for Maimará. African lineages are most represented in Mendoza with a 7% frequency and they decline gradually towards the North. In the same way, West Eurasian lineages reach its highest frequency in Mendoza (21%) and diminish towards the North. Data concerning the place of birth of LKMA reveals that the 91% of interviewed have a “local” origin. The largest presence of “non-local lineages” takes place in Mendoza city (28%). These numbers are consistent with molecular information and with historical data, which show Mendoza as an important pole of population attraction. None of the interviewed declared an African ancestry, in consistence with time depth of the slave trade in Argentina, nobody remember it. On the contrary, European migration took place three or four generations ago, so it is present in individual memory.

Together, PCA and genetic barriers allow the identification of four regions based in mitochondrial variability. Region I includes La Quiaca and Maimará, with strong differences regarding the remaining localities that conform a second group, Region II. This last one is the center of distribution of at least four clusters that reach their highest frequency in La Rioja province. The second barrier traces the limit of expansion of lineages that have their maximum frequencies around the Puna region, thus defining Region III, which comprises Region I and a subset of Region II including Tartagal, Jujuy, Santa María and Belén. In this region we found lineages typical from the lowlands (Chaco and Amazonia). Southern to the second barrier, the provinces of La Rioja, San Juan and Mendoza form Region IV. This final one has some distinctive lineages, but also consist the influence limit of Patagonian lineages.

## **Discussion and conclusions**

The high percentage of native maternal lineages found in this study may be related to the sampling strategy conducted in health centers and public hospitals, bearing in mind that it is known that public services have a bias towards population sectors with lower purchasing power, which are usually associated with a higher Native American ancestry. Another factor involved is the lower influence in the NWA and CWA of transatlantic migration in the 19<sup>th</sup> and 20<sup>th</sup> centuries. Despite the existence of inter-regional migration, the data concerning genealogical information allows us to

sustain the hypothesis of persistence of native lineages, not just at continental level but also at regional level, thus justifying the methodological approach used here. The analyses of lineage distribution have demonstrated that there is a geographical pattern of structuring. While in each region there are multiple lineages due to different processes of population mobility over time, it is possible to identify lineages related with the early settlement inferred by their frequency and internal variability.

## CAPÍTULO I: INTRODUCCIONES

Mucho de esta tesis trata sobre el ADN mitocondrial, de hecho, necesitamos conocer las características básicas de esta molécula, para comprender el método empleado y los resultados obtenidos. Sin embargo, los objetivos de la tesis no se limitan a alcanzar un mayor conocimiento acerca de la variabilidad de linajes maternos en el área, sino que pretende emplear las herramientas generadas, para abordar desde una nueva perspectiva, la historia poblacional de la región.

Para contar la historia de los pueblos, algunos estudian los restos materiales que sobrevivieron el paso del tiempo. Un resumen desde esta perspectiva puede encontrarse en la sección 1.3.1 “Doce mil años de ocupación humana. Apuntes desde la Arqueología”. Este enfoque nos ofrece la mayor profundidad temporal y constituye la única fuente de información de que disponemos acerca de los primeros 12.000 años de historia.

Recién con la llegada de los españoles, la introducción del lenguaje escrito nos ofrece otra perspectiva de estudio denominada etnohistoria. Sección 1.3.2 “El mosaico étnico del siglo XVI. Apuntes desde la Etnohistoria y la Lingüística”. Con la debilidad de mostrar sólo la mirada de los conquistadores, este enfoque es el primero en proporcionarnos nombres propios para estos pueblos y además se centra en un momento particularmente sensible de la historia de esta región: la irrupción incaica relativamente reciente y el profundo impacto provocado por la conquista y colonización europeas. De la mano de la capacidad de nombrar, surge la necesidad de clasificar. La lingüística nos ofrece un criterio independiente para agrupar a los pueblos de la región y establecer probables relaciones de ancestralidad común.

Por último, no por su proximidad temporal, se ha de negar la historia reciente de la región, los movimientos poblacionales no se congelaron en el siglo XVI y las desigualdades económicas regionales constituyen hoy el motor de migraciones cuya continuidad temporal genera efectos evidentes en la distribución de linajes maternos actuales. Estos aspectos serán tratados en las secciones 1.3.3 “Conflictos e identidades. Desde la conquista española a la conformación del Estado Nacional” y 1.3.4 “La sociedad argentina actual. Las desigualdades regionales”.

## 1.1 EL ADN MITOCONDRIAL

Las mitocondrias son organelas intracelulares generadores de energía, llevan a cabo el proceso de fosforilación oxidativa que consiste en transformar la energía química potencial almacenada en las uniones covalentes de moléculas como la glucosa o ácidos grasos en energía química almacenada en las uniones covalentes entre fosfatos del trifosfato de adenosina (ATP). Según la teoría endosimbionte las mitocondrias fueron alguna vez organismos de vida independiente, ya que la célula eucariota evolucionó mediante un proceso de fagocitosis en el cual organismos de vida libre pasaron a vivir en forma simbiote en el interior del citoplasma de otra célula (Margulis, 1967). Una prueba de esta teoría es el hecho de que las mitocondrias portan su propio material genético y éste es de tipo procarionte. Se ha demostrado que las mitocondrias tienen afinidades genéticas con las proteobacterias, previamente llamadas bacterias purpúreas (Yang y col. 1985).

El ácido desoxirribonucleico mitocondrial (ADNmt) se presenta como una doble cadena circular cerrada. En el caso de *Homo sapiens* tiene una longitud de 16569 pares de bases (pb). Fue secuenciado en forma completa por primera vez en 1981 en la Universidad de Cambridge (Anderson y col. 1981), siendo ésta la secuencia de referencia, llamada Secuencia de Referencia de Cambridge (SRC). Posteriormente, en 1999 se publicó una revisión de dicha secuencia en donde se corrigen algunos errores (Andrews y col. 1999). Esta secuencia corregida recibe el nombre de SRC revisada (SRCr) y es por contraste con ella que se definen las mutaciones de las nuevas secuencias descriptas. Las dos cadenas que forman el ADNmt se distinguen por una asimetría en el contenido de las bases nitrogenadas Guanina (G) y Citosina (C), de modo que la cadena con mayor contenido de G tiene mayor peso molecular y recibe el nombre de cadena pesada o cadena H por la inicial de *Heavy* en inglés. La cadena complementaria, con mayor contenido de C, se denomina cadena liviana o cadena L por la inicial de *Light* en inglés. En la publicación original de 1981, los autores argumentan que eligieron presentar la secuencia de la cadena L porque esta es la que expresa el sentido de la mayoría de los ARN, que son transcriptos con la cadena H como molde.

Como todo ADN bacteriano, el ADNmt carece de intrones, es decir que prácticamente todas las bases son codificantes, con sólo algunas bases intercaladas no codificantes. De los 16569 pb que componen el ADNmt, sólo un segmento continuo de gran tamaño (1121 pb), es no codificante; este segmento se extiende entre las posiciones 16024-16569 y 001-576 y se denomina Región Control (RC) porque contiene sitios de unión de factores codificados en el núcleo que regulan la expresión del ADNmt. Entre ellos se encuentran el origen de replicación de la cadena H (OH), sitios de iniciación de la transcripción y regiones promotoras.

Por las funciones metabólicas de la mitocondria, el ADNmt se encuentra en un medio rico en mutágenos. Ello, sumado a que como todo ADN procarionte carece de proteínas histonas asociadas y su enzima polimerasa no posee actividad reparadora de errores, resulta en una tasa de mutación que

supera por varios órdenes de magnitud a la del ADN nuclear. Sin embargo, las tasas de mutación no son uniformes al interior de la molécula. Constricciones selectivas imponen una menor tasa de mutación en la región codificante con respecto a la RC; y aún dentro de la RC, existen zonas ampliamente conservadas y zonas con mayor tasa mutacional. Estas últimas reciben el nombre de Regiones Hipervariables (RHV) y son tres; la RHV I comprende los sitios entre las posiciones 16024–16365, la RHV II se expande entre las posiciones 73 y 340; y la RHV III entre 438 y 576. (Brandstätter y col. 2004).

Existe un gran debate en torno a la tasa de mutación del ADNmt. Una de las tasas más utilizadas es la de Mishmar y col. (2003) que tiene en cuenta sólo a la región codificante (entre 577 y 16023) y estiman una tasa de  $1,26 \times 10^{-8}$  sustituciones de base por nucleótido por año, o sea una mutación cada 5137 años. El problema de esta tasa es que no tiene en cuenta a la RC, la cual, por acumular mayor cantidad de mutaciones, puede ser mucho más informativa; y tampoco tiene en cuenta la acción de la selección. Recordemos que el ADNmt codifica para 13 subunidades de la cadena de fosforilación oxidativa, 2 ARN ribosómicos (ARNr) y 22 ARN de transferencia (ARNt). Una prueba de la acción de la selección fue el descubrimiento de una mayor proporción de mutaciones no silenciosas en ciertas ramas del árbol mitocondrial. En un principio este patrón se planteó como evidencia de una posible adaptación a climas fríos, ya que estas mutaciones podrían estar asociadas al desacoplamiento de la formación de ATP durante la fosforilación oxidativa, lo cual genera calor (Mishmar y col. 2003). Posteriormente se demostró que la mayor proporción de mutaciones no silenciosas es una característica de las ramas más jóvenes del árbol, independientemente de cuál sea el clima de la región donde viven las poblaciones que las poseen (Kivisild y col. 2006). Este patrón indica la acción de la selección purificadora que ha tenido tiempo para actuar en las ramas más profundas del árbol, sobre mutaciones levemente deletéreas; o también puede deberse a una relajación de las presiones selectivas en tiempos recientes. Como consecuencia de ello, con una tasa de mutación lineal, la edad de los clados más jóvenes puede ser sobreestimada. Para corregir este defecto, Kivisild y col. (2006) proponen distintas tasas para distintos tipos de mutación, una para las transversiones sinónimas ( $2,13 \times 10^{-9}$ ), otra para las posiciones que codifican ARNr ( $4,13 \times 10^{-10}$ ) y otra para las transiciones sinónimas ( $3,53 \times 10^{-8}$ ). Soares y col. (2009), en cambio, calcularon una tasa de mutación teniendo en cuenta a la molécula completa, tanto en su región codificante como no codificante y estiman una tasa de  $1,665 \times 10^{-8}$  sustituciones de base por nucleótido por año, o sea una mutación cada 3624 años. Luego realizan una corrección temporal, para adaptar el reloj molecular a cualquier profundidad temporal, al suplantarse la diversidad total observada, por una diversidad teórica calculada mediante la remoción de los linajes portadores de mutaciones deletéreas que serían eliminados por acción de la selección purificadora. Para la RC la tasa estimada por Soares y col. es de  $9,883 \times 10^{-8}$  sustituciones de base por nucleótido por año, o sea una mutación cada 9058 años.

Por otra parte, las estimaciones basadas en estudios familiares de eventos de transmisión madre-hijo, estiman tasas de mutación que superan por un orden de magnitud a las propuestas mediante una aproximación filogenética. El trabajo pionero en estimar la tasa mutacional mediante el método genealógico fue el de Howell y col. (1996). Posteriormente, en 2003 el mismo grupo calcula una tasa de mutación para la RC de  $4,75 \times 10^{-6}$  por sitio por año, lo que equivale a una mutación cada 1980 años (Howell y col. 2003). Según estos autores la disparidad entre las tasas mutacionales calculadas por el método filogenético y el genealógico no puede explicarse por un único factor, sino que se debe a la presencia de sitios altamente variables, al efecto de la deriva, de la selección y a la imposibilidad de detección de las mutaciones recurrentes en los estudios filogenéticos. Según Macaulay y col. (1997), debido a que un número significativo de las mutaciones observadas en estudios genealógicos han surgido recientemente y probablemente no lleguen a fijarse, la tasa filogenética (que contempla a las mutaciones que han alcanzado una frecuencia apreciable a nivel poblacional) es preferible para estudios de gran profundidad temporal, mientras que sería recomendable usar la tasa estimada mediante el método genealógico para estudios de fenómenos más próximos a nivel temporal. Svante Paäbo (1996) también sostiene el mismo argumento y señala que las mutaciones detectadas en estudios genealógicos son las que presentan una tasa mutacional sumamente elevada y por tanto no puede extrapolarse la tasa calculada en base a ellas para todo el genoma mitocondrial.

Recién en 2005, Santos y col. realizan un estudio de aproximación genealógica donde por primera vez se incluye una corrección por sexo, por la obvia razón de que las nuevas mutaciones cuyos portadores sean del sexo masculino tienen una probabilidad de fijación nula, ya que no serán transmitidas a la descendencia. También corrigen la tasa mutacional en función de la probabilidad de fijación intra-individual, ya que las nuevas mutaciones detectadas están presentes sólo en un porcentaje del total de las mitocondrias del individuo y la probabilidad de que sean transmitidas a la descendencia depende de su frecuencia inicial. Con estas correcciones, la tasa mutacional estimada para las RHV I y II es de  $2,415 \times 10^{-7}$ , equivalente a una mutación cada 6593 años en esas regiones. Este valor, cae dentro del rango contemplado por las estimaciones mediante el método filogenético y de esta manera se comprueba empíricamente la posibilidad de una reconciliación entre ambos métodos de estimación de tasas mutacionales.

Todo lo expuesto indica que existe una gran variabilidad entre sitios en cuanto a la tasa de mutación. Ya en 1991, Kocher y Wilson demostraron que la distribución del número de sustituciones por sitio no se ajusta a una distribución de Poisson sino a una distribución binomial negativa. Ésta se genera cuando el parámetro  $\lambda$  de la distribución de Poisson varía de acuerdo a una distribución gamma. Para establecer esta distribución gamma es necesario definir el parámetro  $\alpha$ . Cuanto menor es  $\alpha$ , mayor es la variabilidad de la tasa mutacional entre sitios. Aris-Brosou y Excoffier (1996) consideran que un valor de  $\alpha=0,4$  equivale a decir que 200 de 300 loci tienen igual probabilidad de sufrir una mutación; mientras que con un valor de  $\alpha=0,1$  la cantidad de loci potencialmente variables

se reduce a 100 y con  $\alpha=0,01$ , el número es de 20. En ese trabajo concluyen que la variabilidad inter-sitio en cuanto a la tasa de mutación es mayor en la RHV II que en la RHV I. Al mismo resultado llegan Meyer y col. (1999), quienes definen un  $\alpha= 0,26$  para la RHV I y este es el valor más usado en la actualidad. En tanto que para la RHV II es de  $\alpha=0,13$ .

Diversas causas explican la disparidad inter-sitio en cuanto a la tasa mutacional; por un lado, las transiciones son más frecuentes que las transversiones y dentro de las transiciones, son más frecuentes las que involucran a pirimidinas que las correspondientes a purinas (Tamura y Nei, 1993). Pero más allá de estas tendencias, existen posiciones denominadas *hotspots* (puntos calientes) que exhiben una tasa mutacional excepcionalmente alta. De acuerdo a Soares y col. (2009), por ejemplo, las diez primeras posiciones son ocupadas por las bases 16519, 152, 16311, 146, 195, 16189, 16129, 16093, 16362 y 150. Algunas de estos puntos calientes pueden explicarse por la secuencia de bases que flanquean a la posición en cuestión, por ejemplo, la transición en la posición 16189, constituye un cambio de Timina (T) por C en medio de una secuencia de nueve C. En ocasiones, la presencia de una mutación trae aparejada otra, como en el caso de la transición ya mencionada en la posición C, que suele estar asociada a una transversión en la posición 16183, generando una C adicional en el homopolímero. Estos cambios están asociados a una mayor tasa de error de la ADN polimerasa en regiones con homopolímeros. Así como también son comunes las mutaciones de tipo *indels* (deleciones o inserciones) en los homopolímeros y en regiones denominadas microsatélites, que consisten en la repetición sucesiva de dos o más pares de bases. En la RC, éstas ocurren en torno a las posiciones 16193, 310, 523 y 573. Ante este panorama, resulta difícil de aceptar una tasa de mutación uniforme para la RC.

Análisis de mutaciones en tumores y del daño en el ADN que se observa en muestras antiguas, también apuntan a los mismos sitios como los más propensos a sufrir mutaciones (Stoneking, 2000, Gilbert y col. 2003), indicando que los *hotspots* podrían ser hipermutables debido a una mayor exposición al daño. Siguiendo esta línea de razonamiento, Pereira y col. (2008) proponen que la mayor propensión al cambio que sufren algunos sitios estaría determinada por la formación de estructuras secundarias intracatenarias que tendrían oportunidad de generarse por el retardo en el inicio de la replicación de la cadena liviana. Mediante simulaciones informáticas, identificaron trece estructuras secundarias con posibilidad de formarse en la Región Control. Para ocho de ellas encuentran que son más frecuentes las mutaciones en las bases no apareadas, que en las que forman el tallo de la estructura. Respecto de la estructura formada por las bases comprendidas entre las posiciones 16028-16120 presentan también evidencia de la acción de la selección positiva ya que al comparar la RC humana con secuencias de *Pan troglodytes* y *Pan pygmaeus* detectan la ocurrencia de mutaciones compensatorias en el tallo.

Más allá de las discusiones en torno a la tasa de mutación, el ADNmt presenta claras ventajas a la hora de encarar un estudio filogenético. Por empezar, existen muchas copias de ADNmt en las

células humanas mientras que sólo existen dos copias de cada gen o segmento de ADN nuclear, pueden encontrarse cientos de copias de ADNmt ya que cada célula, dependiendo del tipo, puede contener desde una a cientos de mitocondrias y a su vez cada mitocondria contiene varias copias de ADN. Esta propiedad constituye una ventaja en cuanto a la extracción del ADNmt, pudiéndose recobrar muestras incluso en restos antiguos o degradados. Por eso el ADNmt es el marcador elegido en estudios paleontológicos, arqueológicos y forenses.

No necesariamente todas las copias de ADNmt que porta un individuo son idénticas. La existencia de distintos tipos de ADNmt en un mismo individuo se llama heteroplasmia. La frecuencia observada de heteroplasmia en humanos depende del nivel de sensibilidad con que se mida. Las estimaciones iniciales indicaban poca o ninguna heteroplasmia porque se basaban en métodos poco sensibles. Actualmente se estima que aproximadamente un 14% de la población tiene un segundo tipo de ADNmt presente en una frecuencia de al menos 1% (Tully y col. 2000). Sin embargo, la homogeneidad general del ADNmt a nivel individual indica que en estadios tempranos de la ovogénesis existe un cuello de botella que reduce el número de mitocondrias. En la práctica la existencia en bajísimas proporciones de un segundo tipo de ADNmt no resulta en un problema metodológico en el campo de la antropología molecular, ya que pocas veces es detectado. Y cuando sí lo es, se reporta como una ambigüedad en un sitio, lo cual en general no afecta la asignación a un determinado linaje. La heteroplasmia puede sí tener otras implicancias en el campo forense (Ivanov y col. 1996).

Aunque la herencia paterna del ADNmt ocurre en mejillones y ha sido reportada en híbridos de *Drosophila*, ratones y aves, no es un fenómeno común en humanos. Existe un único reporte de un hombre con una patología causante de severa intolerancia al ejercicio, cuyo ADNmt muscular resultó ser principalmente de herencia paterna (Schwartz y Vissing, 2002). Posteriores investigaciones en otros pacientes con miopatías mitocondriales, no pudieron demostrar nuevos casos de transmisión paterna. Se ha demostrado además que en el ovocito, las mitocondrias del espermatozoide son destruidas y el ADNmt paterno es marcado por la ubiquitina para su destrucción (Sutovsky y col. 1999). De modo que la transmisión paterna puede considerarse un fenómeno extremadamente raro, y es poco probable que haya contribuido al acervo genético mitocondrial actual.

El modo uniparental de transmisión es una de las grandes ventajas del ADNmt ya que ante la ausencia de recombinación, las diferencias entre secuencias pueden ser atribuidas sólo al efecto de la mutación. Asumiendo un carácter homólogo para estas mutaciones, pueden reconstruirse filogenias: árboles evolutivos donde los individuos y no las especies son las unidades taxonómicas operativas. Esto permite trabajar a nivel intraespecífico sin la necesidad de definir poblaciones *a priori*.

## 1.2 EL USO DEL ADNMT EN ANTROPOLOGÍA

### 1.2.1 RECONSTRUCCIÓN DE LA FILOGENIA

A pesar del rechazo posmoderno a las tipologías, clasificar y nombrar ha sido desde el comienzo una de las actividades principales del quehacer científico. Para poder explicar los fenómenos del mundo que nos rodea, un primer paso consiste en desarrollar términos para nombrarlo y clasificarlo. Más allá de las clasificaciones intuitivas, basadas en agrupar lo semejante, existen métodos sistemáticos para construir conjuntos jerárquicos sustentados por una teoría. El método más difundido es el de la sistemática filogenética o cladística que tiene la virtud de que las agrupaciones jerárquicas construidas se fundan en una hipótesis evolutiva, ya que los grupos se definen por la presencia de caracteres compartidos que han sido heredados de un ancestro común. El entomólogo alemán Willi Hennig fue quien expuso con claridad los principios de la sistemática filogenética (Hennig, 1968). Uno de los principios rectores es el de la parsimonia, según el cual, ante dos modelos explicativos alternativos igualmente aceptables, se recomienda optar por el que requiera menor número de supuestos. En el caso de las reconstrucciones filogenéticas, el desafío consiste en minimizar los cambios o número de pasos necesarios para lograr la transformación de un estado al siguiente. Si se considera a cada cambio como una hipótesis de que ese cambio efectivamente ocurrió, el modelo más adecuado será aquel que requiera menor número de hipótesis *ad-hoc*.

El principio de parsimonia es el más simple y permite dirimir entre diferentes hipótesis propuestas, sin embargo, existe la posibilidad de que la ocurrencia de un tipo de cambio sea mucho más probable que la de otro. Por ejemplo, en el caso de las mutaciones en el ADN, son más probables las transiciones que las transversiones. Cuando esto ocurre, resulta más apropiado el método de Máxima Verosimilitud (*Maximun Likelihood*) que no sólo cuenta el número de pasos sino que estima la probabilidad de ocurrencia de cada uno de ellos. Este método tiene el inconveniente de que es necesario un conocimiento previo e independiente del fenómeno en estudio y muchas veces surge disparidad de criterios entre investigadores, generándose debates en torno a cuál es el evento más probable.

Tradicionalmente la sistemática filogenética ha sido aplicada en niveles supra-específicos, ya que por debajo del nivel de especie, las relaciones de reproducción entre los individuos producen un patrón reticulado o red de linajes anastomosados, en vez de un patrón jerárquico ramificado. Sin embargo, en caracteres con herencia uniparental, la ausencia de recombinación permite la aplicación de los principios de la sistemática filogenética a nivel infra-específico.

En el caso del ADNmt, los caracteres a comparar son las bases nitrogenadas que por su repetición sucesiva determinan una secuencia. Como ya se dijo anteriormente, cada individuo posee una única versión de esta secuencia, heredada únicamente por vía materna y por lo tanto en condición

haploide. Por eso una determinada secuencia de bases recibe el nombre de haplotipo. Un haplotipo puede diferenciarse de otro por una sola base que equivale a un evento mutacional, o por muchos de ellos. La tarea en la reconstrucción de la filogenia consiste en agrupar los haplotipos más parecidos, y por ello más cercanamente emparentados. Un conjunto de haplotipos que comparten una serie de mutaciones que habrían estado presentes en un ancestro común se denomina haplogrupo. Los haplogrupos se nombran con letras mayúsculas del alfabeto latino o mediante la combinación de letras y números.

### 1.2.1.1 Filogeografía global

La reconstrucción de la filogenia del ADNmt a nivel mundial ha estado regida por el principio de prioridad, es decir que los nombres que se asignaron a los haplogrupos no se corresponden con un orden lógico o con una organización jerárquica sino que han sido otorgados a medida que fueron descriptos. Los haplogrupos americanos, por ejemplo recibieron las cuatro primeras letras A-D (Torroni y col, 1993), a pesar de que investigaciones posteriores determinaron que los dos primeros forman parte de un conjunto mayor o súperhaplogrupo denominado N y los dos últimos corresponden al súperhaplogrupo M. Otra incongruencia resulta de que una sola letra es utilizada para nombrar a conjuntos de diferente jerarquía siendo imposible, sin un conocimiento previo, deducir cuáles son las categorías inclusivas. Así mismo, algunos haplogrupos incluyen mucha más variabilidad que otros. Al punto de que para la mayor variabilidad presente en la especie humana que se encuentra en el continente africano, se ha reservado una sola letra “L”. El clado L, es en realidad un parahaplogrupo debido a que no incluye a todos los descendientes de un mismo ancestro, ya que los súperhaplogrupos M y N constituyen ramas derivadas de L. Algunas denominaciones van incluso en contra de cualquier lógica, por ejemplo el haplogrupo D1 que fuera descripto inicialmente, constituye un subconjunto dentro de D4. De modo que D4h tiene la misma jerarquía que D1. Luego de la irregularidad inicial, generada por la descripción en primer término de linajes derivados, los principios de nomenclatura se han normalizado y consisten en la sucesión intercalada de letras y números para cada nuevo nivel jerárquico, como por ejemplo C1d1b.

Hechas estas advertencias previas, pasemos a describir brevemente lo que se conoce hasta el momento de la filogenia global mitocondrial.

En el 2008 van Oven y Kayser publicaron una reconstrucción del árbol mitocondrial humano, basada en 4198 secuencias completas. La publicación fue acompañada de una versión en línea que se actualiza constantemente, a la que se accede a través de <http://www.phylotree.org> En dicha publicación presentan un esquema simplificado, necesario para comprender la nomenclatura de los haplogrupos (Figura 1.1). Sin embargo, para poder apreciar la dimensión de la variabilidad existente a nivel mundial, nos son más útiles las imágenes publicadas por Behar y col. (2008) (Figura 1.2) y por Olivieri y col. (2006) (Figura 1.3).

EL verdadero poder de reconstrucción histórica de la filogenia emerge cuando los datos referentes a la variabilidad son yuxtapuestos con los de la distribución geográfica de dicha variabilidad, dando lugar a una disciplina llamada filogeografía (Avise, 1987). Algunas de las propuestas teóricas de esta disciplina serán ejemplificados con los datos de la distribución de la variabilidad humana.

*-La región que presenta mayor variedad de linajes se postula como el lugar de origen del clado.*

En la figura 1.2 puede apreciarse que a partir de la raíz se genera una dicotomía que separa a los linajes L0 del resto de los linajes L1'2'3'4'5'6; de todos éstos, sólo dos ramas diferenciadas dentro de L3 (M y N), se distribuyen fuera de África. De este esquema se desprende que la mayor variabilidad de linajes mitocondriales presente en la especie humana se encuentra en el continente africano apoyando la teoría de un origen africano de los humanos modernos, en concordancia con los datos paleontológicos. Dentro de África, Behar y col. (2006) emplean también este concepto cuando señalan como evidencia del origen Khoisan (sur de África) de los linajes L0d y L0k, la mayor frecuencia y variación interna de dichos linajes entre estos pueblos. Mientras que la alta frecuencia y variación interna de los linajes L1'5 en los no khoisan indicaría que la presencia de estos linajes entre los Khoisan es producto de flujo génico reciente.

*-Los nodos internos son los más antiguos, mientras que los nodos externos son más recientes.*

Continuando con el ejemplo anterior, podemos observar que los nodos correspondientes a los linajes extra africanos tienen una ubicación externa, indicando una expansión reciente fuera de África en contraposición a la mayor antigüedad de la presencia humana en el continente africano.

Este principio también se aplica para el caso del poblamiento temprano de Asia. Metspalu y col. (2006) proponen un poblamiento rápido inicial a lo largo de la costa sur asiática y presentan como evidencia el hecho de que en el sur y sudeste de Asia y Sahul, se encuentran haplogrupos que divergen directamente de las ramas troncales de M, N y R (Figura 1.3). La ubicación interna de estos linajes es interpretada como evidencia de una antigüedad semejante para todos ellos, indicando un proceso de poblamiento rápido en vez de uno lento, que hubiera resultado en una ubicación más externa y una consiguiente menor antigüedad, de los linajes del extremo oriental de la región (Sahul). Como contrapartida, señalan al poblamiento de América que es claramente posterior, y cuyos haplogrupos fundadores constituyen nodos externos de los linajes asiáticos (Figura 1.4).

*-Cuando linajes con grandes discontinuidades genéticas se encuentran en simpatria, se debe al contacto secundario de linajes previamente diferenciados en alopatria.*

Este concepto está implícito en la interpretación acerca del origen de los linajes M1 y U6 que se encuentran en el norte y este de África. Éstos presentan una clara discontinuidad genética respecto

de los linajes L(xM,N) (Figura 1.3). Olivieri y col. (2006) analizan la variabilidad y distribución de estos linajes y concluyen que los haplogrupos M1 y U6 representan una migración en sentido inverso, desde Asia hacia África, que habría tenido lugar cuando un cambio en las condiciones climáticas fragmentó y redujo las áreas desérticas de Medio Oriente, permitiendo a los humanos modernos que habían emigrado fuera de África, reingresar al continente a través del Levante.

*-Los linajes que han sufrido una expansión reciente, tienden a tener redes de haplotipos con forma de estrella. Es decir que un haplotipo común ancestral se encuentra en el centro y los haplotipos derivados se unen en forma independiente al haplotipo central.*

En la población europea actual, las redes de haplotipos se caracterizan por presentar gran cantidad de ramas que parten del nodo central, con pocas ramificaciones posteriores. Este patrón ya lo habían señalado Bandelt y col. (1995) para la población europea en general y fue confirmado mediante estudios de mayor resolución respecto del haplogrupo H (Achilli y col. 2004) y el haplogrupo V (Torroni y col. 2001). Estos haplogrupos habrían sufrido una expansión reciente hace unos 10.000 años, coincidente con el inicio del Holoceno y el repoblamiento post-glacial de Europa a partir del refugio ubicado en la región franco-cantábrica.

*-Cuando la interrupción del flujo génico entre dos poblaciones es reciente, los alelos de una población pueden estar más emparentados con los de la otra población que con los de la propia, en este punto se dice que las poblaciones no han alcanzado el estado de "monofilia recíproca" (Avice, 2000).*

En el caso del poblamiento de América los linajes que ingresaron constituyen un subconjunto de los que en ese momento estaban presentes en Asia. Del cuello de botella ocurrido resultó que tres de los haplogrupos (A, B y X) pertenecen al súperhaplogrupo N, mientras que los dos restantes (C y D) corresponden al súperhaplogrupo M. De modo que desde el punto de vista de la filogenia mitocondrial un individuo americano portador de un linaje A, está más emparentado con un europeo portador de un linaje H que con un miembro de su propia comunidad con linaje C (Figura 1.1). Este ejemplo esquemático nos introduce en las dificultades que reviste pasar de un análisis a nivel de linajes a una interpretación poblacional.

Los casos presentados constituyen un ejercicio de aplicación de algunos de los conceptos teóricos de la Filogeografía y de ningún modo pretenden ser una imagen acabada de la información actual acerca de la distribución mundial de linajes mitocondriales. En la sección posterior, se expondrá con más detalle el caso americano.

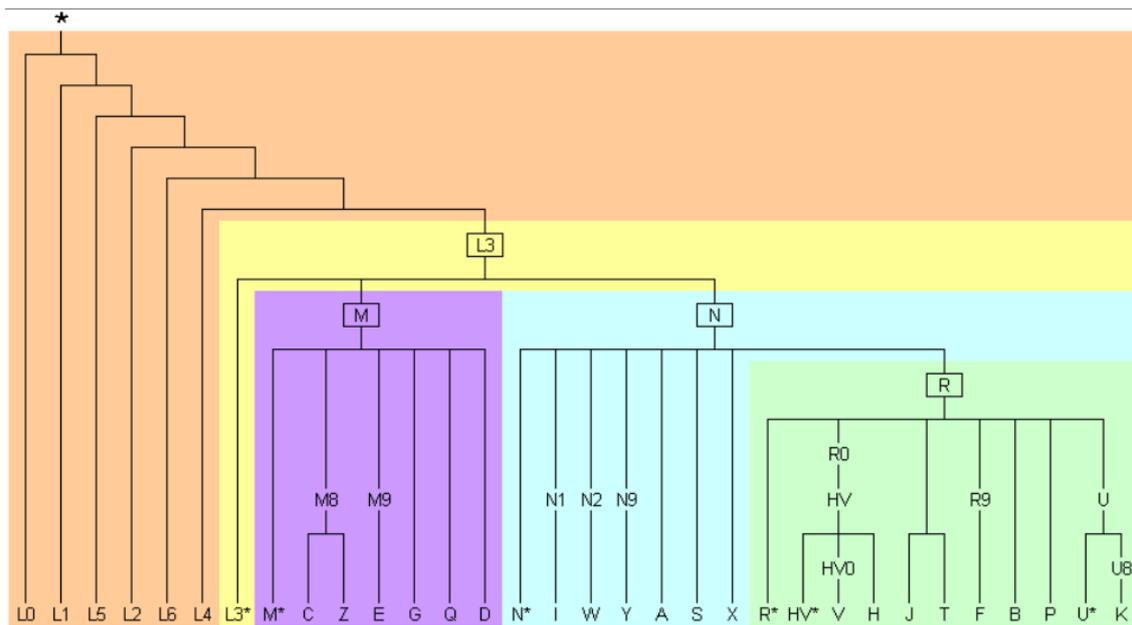


Figura 1.1. *Árbol mitocondrial humano con énfasis en los linajes extra-africanos; reproducido de van Oven y Kayser, 2008.*

La raíz está indicada con una estrella que representa al ancestro común más reciente. Los haplogrupos que están señalados con una estrella representan al resto de los linajes descendientes del clado, para el cual no se han reservado letras.

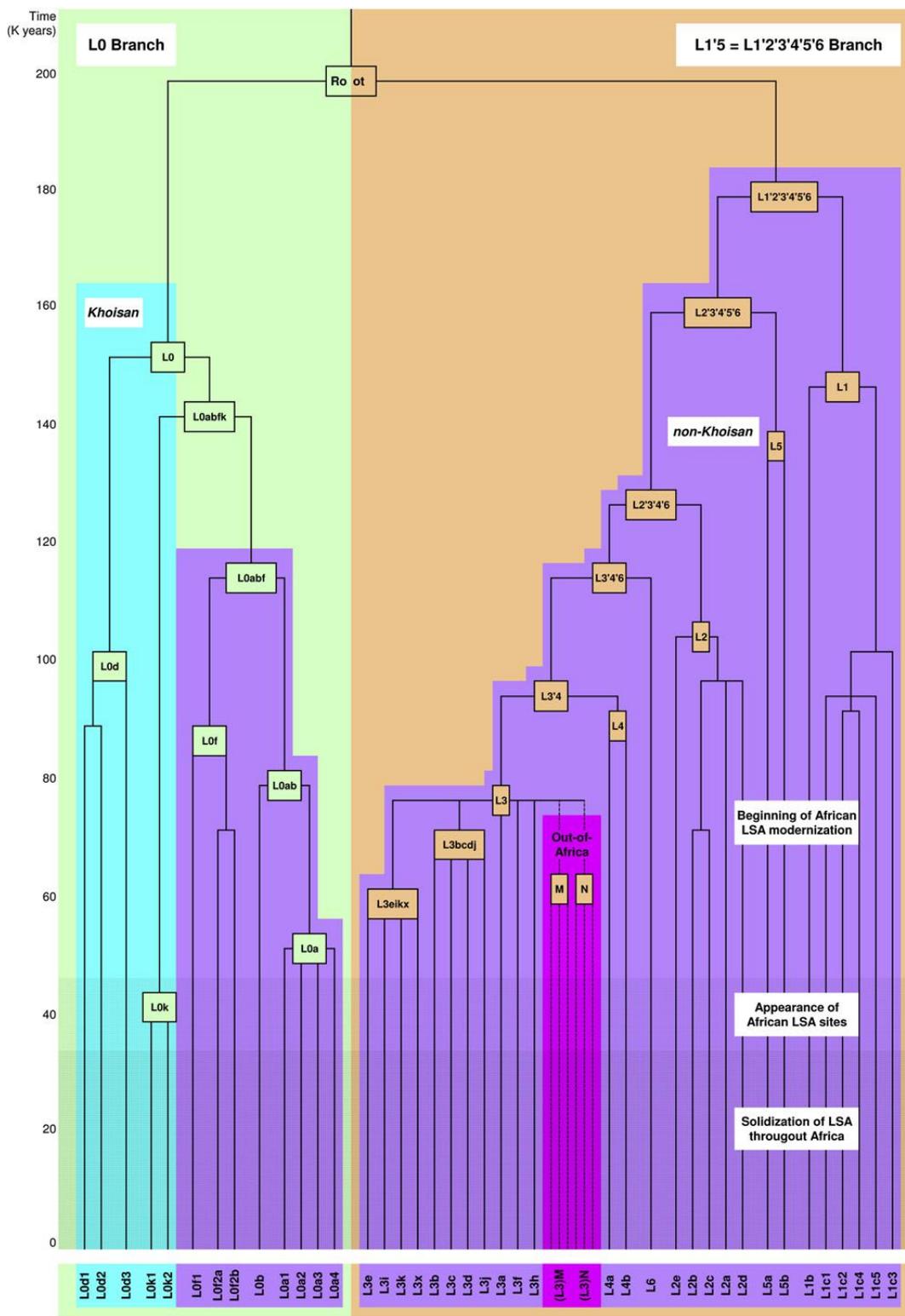


Figura 1.2. Árbol mitocondrial humano con énfasis en los linajes africanos( reproducido de Behar y col. 2008).

Se indican los tiempos aproximados del progreso de la etapa industrial africana llamada Edad de la piedra tardía, en inglés *Late Stone Age* (LSA).

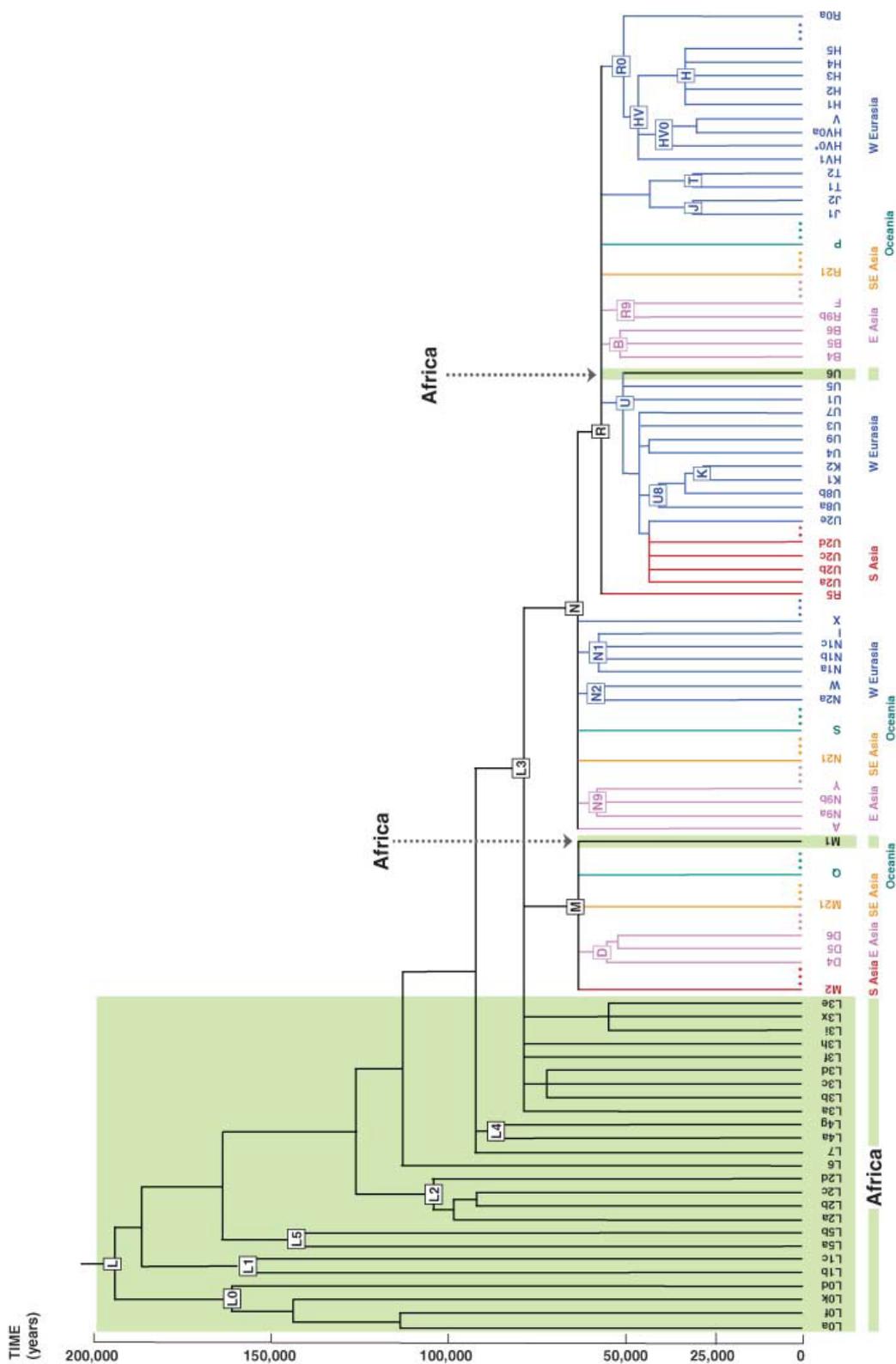


Figura 1.3. Árbol mitocondrial humano mostrando la distribución geográfica de los haplogrupos, reproducido de Olivieri y col. 2006.

### 1.2.1.2 Filogenia americana. El poblamiento inicial.

El privilegio de haber recibido las cuatro primeras letras del abecedario para nombrar a los haplogrupos mitocondriales le fue otorgado al continente americano. En un estudio pionero Torroni y col. (1993) definen a los haplogrupos ABCD en base a la detección de mutaciones en la región codificante por medio de enzimas de restricción. Posteriormente se define un quinto haplogrupo denominado X, cuya distribución está restringida a América del Norte (Forster y col. 1996). Sin embargo, el colosal aumento en el poder de resolución otorgado por la secuenciación del genoma mitocondrial completo, llevó al número de linajes fundadores de 5 a al menos 13 (A2, B2, C1b, C1d, C1c, C4c, D1, D2a, D3, D4h3a, D4e1c, X2a y X2g) (Figura 1.4), (Tamm y col. 2007; Achilli y col. 2008; Perego y col. 2009; Perego y col. 2010; Malhi y col. 2010; Kumar y col. 2011). A pesar del incremento en el número de linajes, los haplogrupos americanos continúan siendo apenas un subconjunto de los linajes asiáticos, indicando la ocurrencia de un cuello de botella antes o durante el poblamiento. Los modelos actuales, plantean un tiempo de pausa, donde una población habría permanecido en un refugio situado en Beringia, el tiempo suficiente para dar lugar a la aparición de nuevos alelos de distribución exclusiva en América (Tamm y col. 2007).

Dos subhaplogrupos dentro de A2 (A2a y A2b), junto con D2a y D3 son exclusivos del norte de Norteamérica y se encuentran también presentes en el Ártico asiático. Con tiempos de coalescencia posteriores al último máximo glacial, son interpretados como evidencia de flujo génico reciente (hace al menos 1000 años) entre los grupos esquimales de ambos continentes (Helgason y col. 2006).

A diferencia de los haplogrupos ABCD, que claramente derivan de linajes asiáticos, para el haplogrupo X no se ha descrito una población portadora de linajes cercanamente emparentados; si bien el haplogrupo X se encuentra ampliamente distribuido en el norte de África, Europa, Asia central y Siberia, ninguno de los linajes del viejo mundo (X1, X2b-X2f), puede ser planteado como ancestro de los linajes americanos (X2a y X2g). Los linajes X que dieron origen a los americanos parecen haberse extinguido (Reidla y col. 2003). Otra característica particular del haplogrupo X es que sólo se encuentra en América del Norte y su distribución presenta mayor frecuencia en el centro del subcontinente. Perego y col. (2009) interpretaron esta evidencia como el rastro de una ruta migratoria que habría atravesado el corredor libre de hielo entre los casquetes cordillerano y lauréntico, permitiendo a la población expandirse ampliamente en la región de los Grandes Lagos. En el mismo trabajo analizan la distribución del linaje D4h3a que se caracteriza por una restricción a lo largo de la costa pacífica, tanto en América del Norte como del Sur y sería el rastro de otra ruta migratoria seguida por los primeros pobladores americanos. Esta ruta costera explicaría el rápido avance de los inmigrantes, que habrían alcanzado el extremo sur del continente poco tiempo después del ingreso por Beringia. Como señalan los mismos autores, estos haplogrupos no se localizan en forma aislada sino que las poblaciones que los portan, cargan también con otros haplogrupos de distribución pan-

americana. Por eso es necesario afinar las filogenias del resto de los haplogrupos para poder confirmar estos patrones de distribución y/o plantear otros nuevos.

Nueve de los haplogrupos fundadores alcanzan América del sur, sin embargo, debido su reciente descripción, los haplogrupos C1b, C1c, C1d\*, C1d1, C4c y D4h3a, aún no han sido caracterizados masivamente a nivel poblacional por lo que las interpretaciones respecto a su distribución continúan siendo parciales. Así mismo, la variabilidad existente dentro de A2, B2 y D1 tampoco ha sido analizada a nivel poblacional y la tarea de definir subhaplogrupos capaces de aumentar el poder de discriminación, en especial en Sudamérica, continúa en marcha.

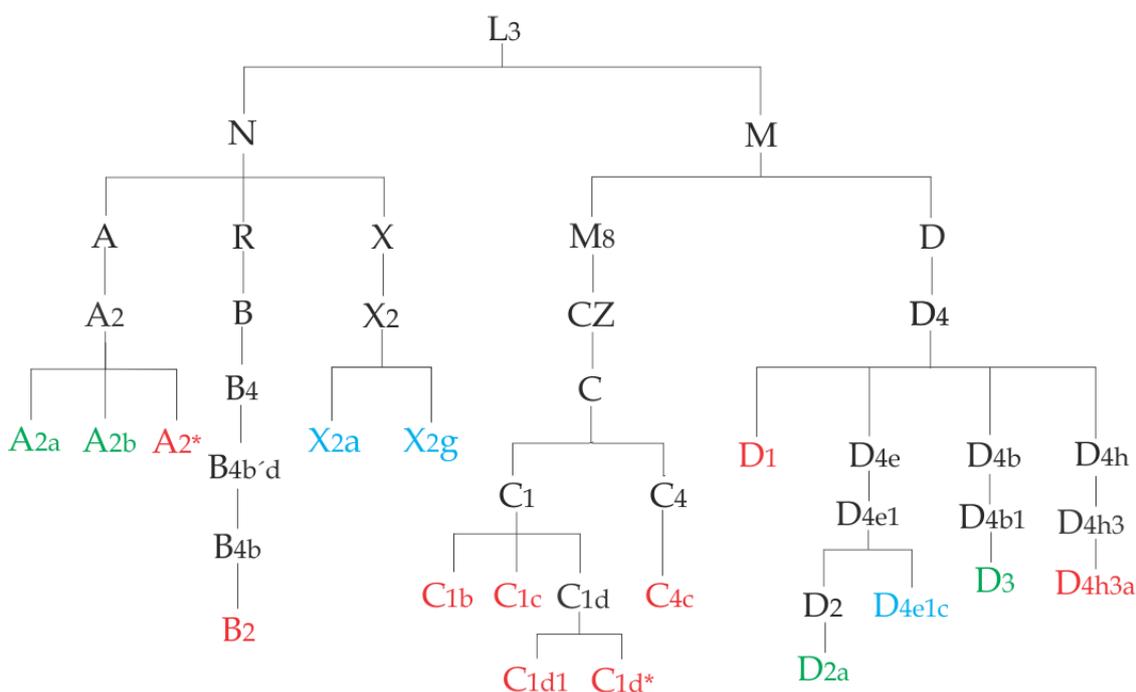


Figura 1.4. *Árbol mitocondrial de los haplogrupos americanos basado en Perego y col. 2010. Y Kumar y col. 2011.*

Los haplogrupos en verde se distribuyen en el norte de Norteamérica y en la región circumpolar, los indicados en azul se encuentran sólo en América del norte, mientras que los señalados en rojo son de distribución pan-americana. El asterisco representa al resto de los linajes descendientes del clado.

### 1.2.2 LA POBLACIÓN AMERICANA ACTUAL. ADNMT Y MESTIZAJE.

Uno de los principales problemas en torno al estudio de los linajes nativos americanos proviene del profundo impacto de la llegada masiva de contingentes europeos y africanos llegados al continente luego de la conquista española. Como resultado, algunos pueblos originarios fueron desplazados, reducidos o aniquilados. En otras regiones, sin embargo el contacto propició el mestizaje sexo-asimétrico que resultó en la preservación de los linajes maternos nativos en elevadas proporciones dentro de la población actual.

Como se mencionó anteriormente, cuando los linajes se han diferenciado en alopatría, la discontinuidad genética resultante, permite diferenciarlos cuando se encuentran en simpatria. El continente americano es hoy el lugar de encuentro de linajes originados en África y en el oeste de Eurasia, que pueden distinguirse claramente a nivel molecular, por lo que muchos trabajos en América latina han utilizado al ADNmt como herramienta para caracterizar los procesos regionales de mestizaje (Dipierri y col. 1998; Martínez-Marignac y col. 1999; Alves-Silva y col. 2000; Carvajal-Carmona y col. 2000; Sans y col. 2006; Bonilla y col. 2004; Salas y col. 2008; García y Demarchi, 2009; Avena y col. 2007, 2009, 2010; Marrero y col. 2007; Bobillo y col. 2010).

Como resultado de más de diez años de investigación, queda claro que aún en poblaciones sin un reconocimiento indígena desde el punto de vista cultural, se encuentra gran porcentaje de linajes maternos nativos. Esta situación dio lugar a la elaboración del concepto de homopatria, que refiere al hecho de que las poblaciones actualmente asentadas en la región donde habitó determinado grupo étnico, conservarían linajes propios de dicho grupo y que por lo tanto el estudio de la población actual, es válido para hacer interpretaciones respecto de la distribución geográfica de linajes indígenas (Gonçalves y col. 2010).

### 1.3 NOROESTE Y CENTRO-OESTE ARGENTINOS (NOA Y COA), DISTINTAS MIRADAS SOBRE EL TERRITORIO

#### 1.3.1 DOCE MIL AÑOS DE OCUPACIÓN HUMANA. APUNTES DESDE LA ARQUEOLOGÍA

La escala espacial con que trabajan los arqueólogos suele ser de menores dimensiones que la que aquí se maneja. Algunas regiones se han estudiado en mayor profundidad, mientras que para otras existe poca información; del mismo modo ocurre con los períodos temporales, para los cuales la información es variable, ya sea por razones técnicas o académicas. Para escribir las líneas siguientes se han tenido en cuenta trabajos de compilación que son debidamente citados. Los trabajos originales de descripción de cada sitio deberán buscarse en la bibliografía del trabajo citado.

En Sudamérica, se han hallado restos arqueológicos con una antigüedad que supera los 11.000 años antes del presente (AP). Esta misma fecha era la propuesta para el momento de ingreso de los primeros americanos en América del norte, dada la abundancia de sitios con las características puntas de proyectil estilo Clovis. El modelo “Clovis, los primeros” fue sostenido en especial por investigadores norteamericanos que no daban crédito a los hallazgos en América del Sur. Sin embargo, el continuo hallazgo de sitios en el extremo sur de Sudamérica con una antigüedad de entre 10.000 y 12.000 años, es un indicio de que para ese momento ya existía una ocupación humana estable, capaz de dejar claros signos arqueológicos y que por lo tanto la llegada a estas tierras debió ser ligeramente

anterior (Steele y Politis, 2009). Los hallazgos tempranos en América del sur obligan a retrotraer la fecha de ingreso de los primeros americanos.

Para poder explicar la presencia tan temprana en el extremo sur del continente se propone una ruta costera de ingreso, apoyada en la localización de los sitios más tempranos y en modelos de desplazamiento humano que demuestran que los movimientos siguiendo la línea de costas son más rápidos que los intracontinentales. En la Figura 1.5, se indica la ubicación de los sitios sudamericanos con antigüedades mayores a 10.000-AP.

Rothhammer y Dillehay (2009) señalan que al contrario de lo que ocurre con la expansión de la industria lítica Clovis en América del Norte, en Sudamérica no se encuentra una industria lítica homogénea y expandida por todo el subcontinente. Por el contrario, los sitios tempranos sudamericanos muestran evidencia de adaptaciones a los recursos locales sin presencia de material transportado largas distancias. A su vez, la evidencia paleoclimática registra oscilaciones de las condiciones ambientales a fines del Pleistoceno (circa 10.000-AP) que pudieron haber fragmentado los hábitats humanos por la expansión de zonas áridas. La adaptación a los recursos locales, sumado al posible aislamiento de estos primeros grupos habría tenido como consecuencia la gran diversidad lingüística y cultural que se encuentra hoy en el último confín de la tierra en ser habitado por el hombre.

En el Holoceno temprano (entre los 10.000 y 7.000 años-AP), la cantidad de comunidades de cazadores-recolectores aumentó. Su modo de vida básico no se modificó demasiado, aunque tras la desaparición de la megafauna el guanaco se transformó en el recurso esencial. En la región que nos ocupa, la presencia de esas comunidades se extendió al actual territorio de la provincia de San Juan, donde se hallaron restos de la industria lítica denominada La Fortuna, fechada en unos 8.500-AP. Y a las Sierras Centrales (Córdoba y San Luis), donde se desarrolla la fase Ayampitín caracterizada por las puntas del mismo nombre que fueron halladas inicialmente en un sitio a cielo abierto en la Pampa de Olaen (Córdoba) sin un contexto estratigráfico. Posteriormente fueron halladas en la Gruta de Intihuasi (San Luis) en los estratos inferiores con una datación de 8.000-AP (González, 1960). Un sitio recientemente descrito en Pampa de Achala, Córdoba, denominado El Alto 3 posee un fechado radiocarbónico de 11.010bp, sin embargo el material fechado se encuentra ligeramente por debajo de los restos arqueológicos (Rivero y Roldán, 2005). En la puna de Catamarca el sitio Quebrada Seca 3 posee fechados de 9.790-AP. Por tanto, hace 8.000 años grupos de cazadores recolectores estaban bien afirmados en los bordes de la puna, en San Juan y Mendoza y en las Sierras Centrales.



Figura 1.5. Mapa con los sitios con fechados radiocarbónicos sin calibrar > a 10.000-AP. Basado en Politis y col. 2004; Rivero y Berberian, 2007; Steele y Politis, 2008 y Rothhammer y Dillehay, 2009.

<b>País</b>	<b>Región</b>	<b>Nombre del Sitio</b>	<b>Fechados radiocarbónicos sin calibrar</b>	<b>Fuente (compilación)</b>
Chile	Centro-Norte	Tagua Tagua	11.000	Rivero y Berberían 2007
Chile	Centro-Norte	Tuina	10.820	Rivero y Berberían 2007
Chile	Centro-Norte	San Lorenzo	10.400	Rivero y Berberían 2007
Chile	Centro-Norte	Salar de Punta Negra	10.470	Rivero y Berberían 2007
Chile	Centro-Norte	El Membrillo	13.500	Rivero y Berberían 2007
Chile	Centro-Norte	Quereo 1	12.000	Rivero y Berberían 2007
Chile	Centro-Norte	Quebrada de Santa Julia	11.090	Jackson y col. 2007
Argentina	Jujuy	Inca Cueva 4	10.620	Rivero y Berberían 2007
Argentina	Jujuy	Huachichocana	10.200	Rivero y Berberían 2007
Argentina	Jujuy	Pintoscajoc	10.720	Rivero y Berberían 2007
Argentina	Mendoza	Agua de la Cueva	10.950	Rivero y Berberían 2007
Argentina	Mendoza	Gruta del Indio	10.350	Rivero y Berberían 2007
Argentina	Buenos Aires	Cerro el Sombrero	10.725	Politis y col. 2004
Argentina	Córdoba	El Alto 3	11.010	Rivero y Roldan, 2005
Argentina	Buenos Aires	Cerro la China	11.150	Politis y col. 2004
Argentina	Buenos Aires	Arroyo Seco 2	12.240	Politis y col. 2004
Argentina	Buenos Aires	Paso Otero 5	10.440	Politis y col. 2004
Argentina	Buenos Aires	Cueva Tixi	10.375	Politis y col. 2004
Argentina	Buenos Aires	Abrigo los Pinos	10.465	Politis y col. 2004
Argentina	Buenos Aires	Cueva Burucuyá	10.000	Politis y col. 2004
Argentina	Buenos Aires	Amalia	10.400	Politis y col. 2004
Argentina	Buenos Aires	Arroyo de Frías	10.300	Politis y Bonomo, 2011
Uruguay		K87	10.400	Politis y col. 2004
Uruguay		Urupez	10.690	Rivero y Berberían 2007
Uruguay		Pay Paso	10.930	Suarez, 2011
Chile	Sur	Monte Verde	12.740	Rivero y Berberían 2007
Chile	Sur	Cueva del Medio	12.390	Rivero y Berberían 2007
Chile	Sur	Tres Arroyos	11.880	Rivero y Berberían 2007
Chile	Sur	Cueva Sofía 1	11.570	Rivero y Berberían 2007
Chile	Sur	Cueva Fell	11.000	Rivero y Berberían 2007
Argentina	Santa Cruz	Los Toldos 3	12.600	Rivero y Berberían 2007
Argentina	Santa Cruz	Piedra Museo	12.890	Rivero y Berberían 2007
Argentina	Santa Cruz	Cerro Tres Tetas	11.560	Rivero y Berberían 2007
Argentina	Santa Cruz	Casa del Minero	10.999	Rivero y Berberían 2007

Tabla 1.1. Sitios arqueológicos tempranos de Argentina y áreas vecinas.

Resaltado en gris, los sitios chilenos próximos al NOA y COA con edades más antiguas.

Durante el Holoceno medio (7.000 a 5.000-AP) hubo fluctuaciones climáticas que aumentaron las condiciones de aridez en la región. Si bien estos cambios no se dieron en forma simultánea, se observa una reducción en el número, e incluso la ausencia de sitios en los ambientes más frágiles, produciéndose un “silencio arqueológico” en algunas áreas (Gil y col. 2005 y bibliografía allí citada).

En la región circumpuneña, el aumento de la aridez modificó la distribución de sitios, provocando la concentración en torno a los lugares con agua disponible. Hace unos 5.000 años en la cuenca de Antofagasta de la Sierra (sitio Quebrada Seca), los sitios muestran mayor densidad y variedad de vestigios que reflejan ocupaciones más intensas. El aumento de la densidad de población puede haber sido uno de los factores que propiciaran los comienzos de la domesticación de plantas y animales. En algunas quebradas de acceso a la Puna (Inca Cueva, Huachichocana) y en las cabeceras del Valle Calchaquí (Puente del Diablo) hay indicios arqueológicos del inicio de la domesticación de unos 4.000 años de antigüedad.

En la región occidental de cuyo, entre el 7.000 y el 4.000-AP se desarrolló la cultura de Los Morrillos, denominada en forma homónima al sitio donde primero se la describió, en el valle de Calingasta. Los indicios de cultivos incipientes tempranos provienen de algunos abrigos y cuevas de los valles de Iglesia y Calingasta, en el oeste de San Juan, como Punta de Barro, Los Morrillos y Ansilta, donde se encontraron indicios de un núcleo de agricultura incipiente que se conoce con el nombre del último de los sitios mencionados. También en el valle mendocino de Uspallata y en la Gruta del Indio, se encontraron indicios del cultivo de quinua y calabazas. Se cree que el inicio de la domesticación pudo haber estado influenciado por la llegada de grupos desde el actual territorio chileno ya que al oeste de los Andes los testimonios de prácticas de cultivo y domesticación de animales son mucho más tempranos. En Tiviliche, una aldea situada a 41 km de la costa, se recuperaron las primeras evidencias de cultivo de maíz y la crianza de *Cavia* sp., con fechados de entre 7.800 y 6.600-AP.

Hacia el 2.500-AP comenzaron a desarrollarse sociedades aldeanas, basadas en el cultivo y el pastoreo. También se dio el desarrollo de la tecnología cerámica y metalúrgica. Los asentamientos de los tempranos agricultores sedentarios se distribuyen en los distintos ambientes andinos; se los encuentra en el norte y el sur de la puna, las quebradas de Humahuaca y del Toro, en los valles principales de Salta, Tucumán, Catamarca, La Rioja, San Juan y norte de Mendoza. En las yungas orientales, grupos aldeanos vivieron en el oriente de Jujuy y Salta y el norte de Tucumán, destacándose los valles de San Francisco y Bermejo. Con la incorporación de la cerámica, los arqueólogos cuentan con un elemento poderoso para la identificación de estilos regionales. A diferencia de la tecnología lítica que está limitada por las características de la materia prima, la tecnología cerámica es mucho más plástica, permitiendo mayor variedad de expresiones artísticas. Estas expresiones son el correlato arqueológico de una cultura o grupo humano y su permanencia temporal o dispersión espacial es interpretada como la continuidad de un espacio social y/o político.

En base a la secuencia descrita para el Valle de Hualfín en Catamarca, Rex González (1979) elaboró la periodificación que es utilizada como referencia de trabajo en las investigaciones arqueológicas en el NOA. Para la etapa agro alfarera consideró tres períodos, temprano, medio y tardío. El período temprano se caracteriza por la diferenciación de estilos regionales, mientras que el

período medio está definido por la expansión del estilo Aguada; por su amplia distribución, desde el norte de San Juan hasta los Valles Calchaquíes de Salta, éste consiste en un momento de integración regional que tiene lugar entre el 600 y el 900 de nuestra era, aproximadamente. El período Aguada se da en simultáneo con el Horizonte Tiahuanaco-Wari en los Andes Centrales y posee algunas de sus características como la importancia del complejo mágico-religioso asociado al consumo de alucinógenos. Si bien se discute hasta qué punto la difusión de un estilo cerámico implica la unidad del área donde se lo encuentra, o si se trata de la adopción de un sistema simbólico por parte de las elites para legitimar su poder, un mismo estilo cerámico implica necesariamente la interacción fluida dentro de un sistema de intercambio. Al mismo tiempo, en la región de la Puna se identifica otro circuito de interacción denominado Yavi-Isla, por el nombre de sus principales sitios arqueológicos. Este circuito, fuertemente vinculado con el norte del actual Chile y suroeste de la actual Bolivia, habría funcionado de manera independiente del sistema Aguada ubicado más al sur. Mientras tanto en el sur de San Juan y norte de Mendoza, a los registros del período medio se los aglutina, en general, dentro de la “Cultura de Agrelo”.

En el período tardío, en el área de expansión Aguada, vuelven a surgir diferentes estilos cerámicos en áreas más acotadas. Paralelamente, los lugares preferenciales de residencia se trasladan de los valles a zonas más elevadas e inaccesibles, construyéndose fortalezas defensivas o *pukaras*. Todo esto es evidencia de que hubo una desintegración del sistema Aguada, surgiendo o agravándose los conflictos entre distintas entidades regionales. El período tardío es también llamado de “Desarrollos Regionales” y en cada área se identifican estilos cerámicos que, en algunos casos, son asociados con los pueblos asentados en el momento de contacto hispano-indígena. La cerámica Belén en el valle de Belén y la cerámica Santa María en el valle homónimo, ambos en Catamarca, son consideradas los antecedentes arqueológicos de grupos diaguitas. La cerámica Angualasto de La Rioja y San Juan es asociada a los Capayanes, la cultura Viluco del sur de San Juan y norte de Mendoza con los grupos huarpes (Lagiglia, 1976) y la cerámica Yavi del norte jujeño a los Chichas (Ávila, 2005 y bibliografía allí citada).

Esta asociación de las culturas arqueológicas del período tardío con los grupos descriptos por la etnohistoria, es una prueba del escaso impacto que tuvo la ocupación incaica iniciada por la expansión territorial del imperio en 1476. Si bien los signos de la expansión incaica a nivel arqueológico son evidentes por la presencia de tambos, caminos y cerámica. Los sitios que ocuparon suelen ser diferentes a los de los grupos locales, todo indica que el poco tiempo que pasó desde la ocupación incaica hasta la llegada de los españoles, no fue suficiente para alterar las tradiciones locales. El mayor impacto de la expansión incaica fue la relocalización de pueblos enteros que eran trasladados ya sea como castigo, o como estrategia política para afianzar el control territorial.

### 1.3.2 EL MOSAICO ÉTNICO DEL SIGLO XVI. APUNTES DESDE LA ETNOHISTORIA Y LA LINGÜÍSTICA

Los nombres con que se identifica a los grupos humanos no corresponden ya a los de un estilo cerámico sino que, con la introducción de las fuentes escritas, surge una pluralidad de denominaciones que resulta difícil de interpretar. Muchas veces se hace referencia a un mismo grupo con distintos nombres: aquel con el que ellos mismos se identifican, aquel con el que otros grupos los nombran o el topónimo de la región que ocupan. Otras veces se identifican parcialidades a las que se puede agrupar bajo un mismo nombre, o un mismo nombre encierra entidades culturales diferentes. Se intentará aclarar el panorama étnico de la región siguiendo a Lorandi (1998), Albeck y Ruiz (2003), Michieli (1996) y Censabella (1999). La ubicación geográfica de las áreas y los pueblos indígenas mencionados en el texto, se ilustran en la Figura 1.6.

La prolongación meridional del altiplano, llamada Puna, se extiende en la Argentina en el oeste de las provincias de Jujuy, Salta y Catamarca. La información procedente de los documentos etnohistóricos ha dado lugar a planteos contradictorios sobre la adscripción étnica de los grupos que habitaban esta región. La parte de Puna árida compartida por los actuales países de Bolivia, Chile y Argentina se percibe como un mosaico de etnias e identidades. Para el territorio correspondiente a la Puna argentina se ha hablado de la presencia de Chichas en el extremo norte, Atacamas al oeste y sur, además de otros grupos como los Apatamas, los Casabindo y los Cochinocha en Jujuy. Los Apatamas aparentemente fueron un subgrupo de los Chichas y los Casabindo y Cochinocha han sido adscriptos alternadamente como etnia chicha, atacameña y aún se los ha considerado Diaguitas. En la actualidad se percibe a los Casabindo y a los Cochinocha como grupos con una identidad distintiva que los diferenciaría de grupos aledaños.

El área Valliserrana Central comprende diversos valles, quebradas y pampas, abiertos entre cadenas montañosas que se escalonan a lo largo de las provincias de Salta, Catamarca y La Rioja y el oeste de Tucumán. Podemos incluir aquí también a los valles del norte de San Juan. Toda el área fue ocupada por una gran unidad étnico-lingüística denominada Diaguita, de habla cacana. Dentro de este amplio territorio y del conjunto diaguita se pueden distinguir diversos grupos étnicos o parcialidades. Si bien en los primeros escritos todos estos indios fueron designados como Diaguitas, con el tiempo los pueblos que ocupaban los actuales Valles de Calchaquí y Santa María (o Valles Calchaquíes como denominación general) empezaron a ser identificados como Calchaquí. Este apelativo es una hispanización proveniente de la extensión del "apellido" de un líder de la resistencia indígena llamado Juan Calchaquí. Las investigaciones etnohistóricas demuestran que más tarde, a medida que los diversos grupos que habitaban estos valles pudieron ser individualizados con mayor precisión, el gentilicio Calchaquí no aparece como autodesignación de ningún grupo étnico en particular. No obstante, se generalizó su uso para señalar en general a todos los habitantes de los Valles Calchaquíes.

Las parcialidades más importantes de habla cacana se distribuyeron de norte a sur de la siguiente manera: el extremo sur del Valle Calchaquí y norte del actual Santa María fue habitado por los Tolombón, Colalao y Paccioca; el centro del Valle de Santa María los Quilmes; en el sur del valle se hallaban los Yocabil, la mayoría recostados en las laderas del Aconquija; hacia el sur, en los actuales Valles de Hualfín y en Andalgalá, los Malfin en el primero y éstos y los Andalgalá en el segundo; en el Valle de Abaucán, próximo a la cordillera que nos separa de Chile, a los Abaucán; en el norte de La Rioja hallamos a los Sanagasta y en el sur de La Rioja y norte de San Juan a los Capayanes y Yacampis. Los historiadores que basan sus investigaciones en fuentes documentales de la administración colonial de la gobernación del Tucumán no suelen tener en cuenta al territorio de San Juan, ya que éste perteneció administrativamente a la Capitanía General de Chile, sin embargo en los trabajos de Michieli (1983, 1996) pueden hallarse pruebas de que los pueblos del norte de San Juan pertenecían también a la confederación Diaguita. En especial, la autora señala la participación activa que tuvieron los Capayanes y los Yacampis durante los alzamientos indígenas ocurridos entre 1630 y 1633.

Hacia el este, ocupando las pampas altas y las vertientes orientales de las cadenas que forman el límite del noroeste argentino, se encuentra la antigua provincia prehispánica del Tucumán. El Tucumán Prehispánico fue habitado por diversos grupos con menor coherencia política que los del área diaguita y, en general, presentan características culturales mixtas, entre andinas y chaqueñas. En las primeras épocas de la ocupación hispana, esta región fue identificada como la tierra del cacique Tucma o Tucuman, pero nunca se logra una identificación étnica precisa de los vasallos del dicho cacique. Compartiendo el territorio con ellos se hallaban los Lule, Vilelas, Solco y Tonocoté que fueron llamados por conquistadores con el nombre genérico de "juríes", que significa "los que se visten con plumas de avestruz", éstos se distinguen del resto de los pueblos nombrados, por ser de hábitos semisedentarios.

En el seno del área diaguita se identifican ciertos grupos que eran reconocidos en las crónicas como pueblos extranjeros o advenedizos. Se trata de los contingentes que fueron trasladados por el imperio incaico para hacer efectivo el control de la región. Existen varias evidencias que apuntan a que los Diaguitas no acataron el dominio incaico y por ello la explotación económica, así como la defensa militar de los nuevos territorios, fue llevada a cabo por mano de obra trasladada desde otras regiones del imperio. En el Valle Calchaquí propiamente dicho en sus sectores alto y medio se encontraban los Pulares, el territorio que ocupaban también fue llamado "provincia de Chicoana" en referencia a la patria natal de sus habitantes que fueron traídos desde el Chicoana cercano a Cuzco. En el sur del valle de Santa María, se encontraban los Ingamana, más allá de su nombre, una señal de su carácter extranjero quedó en evidencia cuando entre 1658 y 1659, mantuvieron una conducta ambigua en la guerra contra los españoles y finalizaron por colaborar con ellos, perjudicando a las restantes poblaciones del valle. Otro indicio del traslado de pueblos por parte de los Incas proviene de la

arqueología: en todos los asentamientos estatales ubicados dentro del área diaguita siempre está presente la cerámica que proviene del territorio que hoy consideramos el Tucumán Prehispánico. Si se descarta que esta alfarería, extraña a la región diaguita, provenga de intercambios, lo más probable es que dicha cerámica haya sido elaborada *in situ* por *mitmakuna* traídos a esa frontera oriental. Lorandi (op. cit.) plantea la hipótesis de que los indios del Tucumán, acosados por los Lule nómadas, se protegieran bajo el "paraguas" imperial y que estos nativos fieles fueran también instalados en la zona de los valles centrales como *mitmakuna*, una de cuyas funciones fue la de contener a los "bárbaros" del este. Más tarde, habiendo regresado estos *mitmakuna* a su antiguo natural luego de la caída del Cuzco, fueron los que expandieron el quichua en los llanos de Tucumán y Santiago del Estero, subregión que nunca fue incorporada al Tawantinsuyu pero que en tiempos preincaicos había sido su hábitat como lo muestra la arqueología.

En la frontera sur del área diaguita, en el mapa de distribución étnica del siglo XVI, encontramos a los Huarpes. Éstos también eran sedentarios y tenían prácticas agrícolas que incluían el riego artificial. Sin embargo se diferencian desde un punto de vista lingüístico de los Diaguitas, ya que sus dialectos Allentiac (al norte) y Millcayac (al sur) no se relacionaban con el cacán. La frontera este, en cambio, presenta un marcado contraste ecológico y cultural. En el este de las actuales provincias de Salta y Jujuy, el paisaje serrano da lugar al de la yunga tropical. Este territorio fue ocupado por grupos de las denominadas "tierras bajas", caracterizado por un modo de vida seminómada con agricultura extensiva.

Más allá de la unidad lingüística aceptada para los miembros de la confederación Diaguita, las relaciones entre las distintas lenguas de los grupos descriptos, permanecen en terreno especulativo, sin existir un consenso en cuanto a una probable relación genética (en el sentido de origen común) entre ellas. En cambio, los grupos de las tierras bajas de Salta y Jujuy pertenecen a familias lingüísticas bien definidas. A ello contribuye el hecho de que son lenguas habladas en la actualidad y que han podido ser mejor estudiadas. A la familia Tupí-guaraní pertenecen los Chiriguano; a la familia Mataco-mataguaya, los Wichi, los Chorotes y Chulupís o Nivaclés; al tronco lingüístico Guaycurú, los Tobas; y a la familia Arawak, los Chané. Algunos de estos grupos como los Tobas y los Chiriguano, por su característica belicosidad, impusieron el límite oriental de la expansión incaica, del mismo modo que los Mapuches lo hicieron en el extremo sur. En algunos casos el asentamiento en territorio argentino es mucho más reciente y fue como consecuencia de la Guerra del Chaco que involucró a Bolivia y Paraguay y tuvo lugar entre 1932 y 1935, que motivó los desplazamientos hacia un lugar más seguro. También la Argentina se convirtió en lugar atractivo por la oferta de trabajo en los ingenios azucareros El Tabacal, en Salta y San Pedro y Ledesma, en Jujuy.

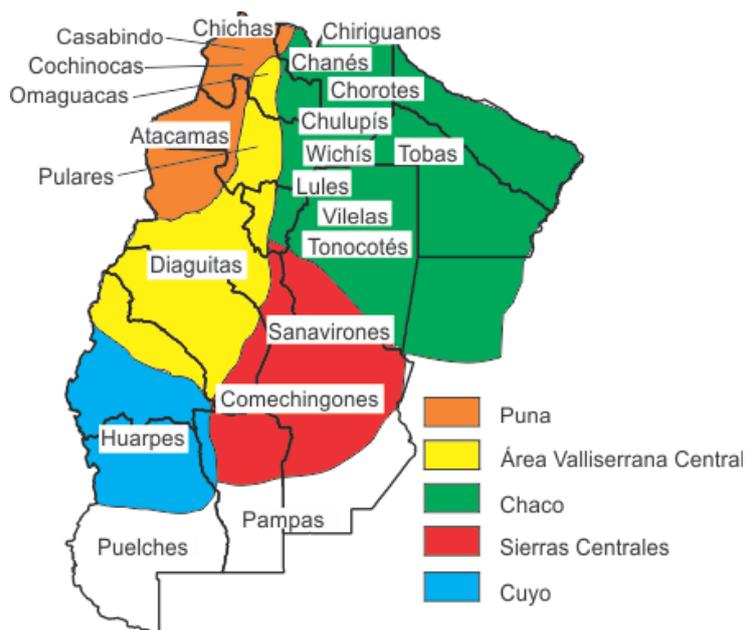


Figura 1.6. Mapa esquemático de las regiones fitogeográficas y los grupos indígenas del siglo XVI.

### 1.3.3 CONFLICTOS E IDENTIDADES. DESDE LA CONQUISTA ESPAÑOLA A LA CONFORMACIÓN DEL ESTADO NACIONAL

Para pensar el territorio en tiempos de la conquista española, debemos dejar de lado nuestra actual visión que tiene como centro a Buenos Aires y recordar que hasta 1776, los núcleos del control colonial se hallaban en Lima y en Santiago de Chile, de modo que NOA y COA fueron objetivos de conquista tempranos, fundándose las principales ciudades en la segunda mitad del siglo XVI.

El modo de vida sedentario y la previa experiencia del dominio incaico en la región se plantean como factores coadyuvantes en la rápida incorporación al estado colonial. Pero ésta no estuvo libre de rebeliones y luchas, las más conocidas son las guerras Calchaquíes que se iniciaron en 1562 con la destrucción de las primeras ciudades fundadas y continuaron hasta la derrota definitiva de los Quilmes en 1667.

A pesar de que los pueblos sublevados fueron trasladados en forma compulsiva o reducidos a la esclavitud, los colonizadores no tenían como objetivo el exterminio de los pueblos originarios, sino su incorporación como mano de obra. Así, los grupos sometidos fueron organizados en encomiendas, institución colonial que pretendía una actitud paternalista de protección y educación, principalmente religiosa.

En síntesis, los pueblos del territorio que nos ocupa ya habían sido incorporados en tiempos coloniales. Sus identidades indígenas se fueron desdibujando, tanto desde lo individual por el desprestigio social de la casta, como desde el sistema estatal que sustituyó la categoría de “indio” por la de “campesino”.

Por razones tanto geográficas como históricas, la localidad de Tartagal se distingue del resto de las incluidas en este trabajo. Si bien administrativamente pertenece a la provincia de Salta y este es el justificativo para su incorporación, se encuentra en la región fitogeográfica del Chaco, el paisaje cambia sustancialmente y también las características de los pueblos que la habitan. Lo dicho anteriormente acerca de la incorporación colonial es válido para la región de Tartagal, este territorio se mantuvo bajo control indígena hasta fines del siglo XIX, la presencia actual y el reconocimiento propio y ajeno de los pueblos originarios es indiscutible. Los grupos han mantenido su lengua y la vida en comunidad, constituyéndose en localidades cercanas o barrios dentro de la ciudad.

### 1.3.4 LA SOCIEDAD ARGENTINA ACTUAL. LAS DESIGUALDADES REGIONALES.

Algunos efectos de la migración postconquista son fácilmente identificables, debido a la gran distancia espacial que separa a los inmigrantes de los locales; cuando se trata de europeos o africanos, sus linajes maternos se distinguen claramente por la acumulación de numerosas mutaciones distintivas. Pero cuando los inmigrantes son intracontinentales, como el caso de la inmigración desde países limítrofes o el fenómeno de concentración poblacional en torno a la Capital Federal, no es tan clara la distinción molecular entre migrantes y locales, y se hace necesaria una diferenciación al interior de los haplogrupos. División que está en proceso de construcción y a la que esperamos aportar con este trabajo.

Como punto de partida, consideraremos la información de la historia reciente, sobre todo en lo referido a censos poblacionales, para establecer un cuadro aproximado de los principales centros atractores de población según la conformación geopolítica actual.

Una medida que nos da rápidamente una idea de la importancia de cada una de las localidades muestreadas es el número de habitantes. Debido a que los muestreos se realizaron durante los años 2007 y 2008, se tomaron como referencia los datos correspondientes al censo nacional de 2001 publicados por el INDEC. En la tabla 1.2 se ordenan las localidades en forma decreciente según la cantidad de habitantes del área de influencia. Las capitales provinciales se ubican en los primeros lugares, seguidas de la localidad de Tartagal.

El área del gran Mendoza corresponde a la región muestreada con mayor cantidad de habitantes, con el doble de población que la localidad que le sigue en orden de magnitud. A nivel nacional, constituye el cuarto aglomerado urbano, luego de Buenos Aires, Córdoba y Rosario. La importancia económica de la localidad, situada en la principal ruta de comercio con Chile y centro del desarrollo industrial vitivinícola, la convierte en un polo atractor de población. Esta tendencia se refleja ya en el censo de 1914 cuando queda registrado que un 28% de los habitantes eran nacidos en Europa o Medio Oriente, constituyendo Mendoza la provincia andina con mayor afluencia de inmigrantes (Tabla 1.3). La especialización agrícola centrada en la producción de frutos implica una

cosecha manual que requiere gran cantidad de mano de obra estacional. Esta condición provoca la afluencia de inmigrantes tanto nacionales como internacionales y entre estos últimos se destacan los procedentes de Chile y Bolivia (Paredes, 2004).

La importancia de las localidades de San Juan, Jujuy y La Rioja radica en que constituyen las capitales de sus respectivas provincias. La afluencia de inmigrantes proviene principalmente del territorio provincial. A nivel provincial, la inmigración ultramarina registrada en 1914 representa un 12% para San Juan, un 5% en Jujuy y sólo un 2% en La Rioja. En un estudio intercensal realizado por Lattes (1976), queda en evidencia la escasa influencia de la migración como fuente de crecimiento para estas provincias.

<b>Localidad</b>	<b>Cantidad de Habitantes de la localidad</b>	<b>Área de influencia</b>	<b>Cantidad de Habitantes de la localidad más el área de influencia</b>
Mendoza	110.993	Gran Mendoza (Capital, Godoy Cruz, Guaymallén, Las Heras, Luján de Cuyo y Maipú.)	848.660
San Juan	112.778	Gran San Juan (Capital, Rawson, Rivadavia, Santa Lucía, Chimbás, Nueve de Julio y Pocito)	421.640
S. S. de Jujuy	231.229	Gran Jujuy (Dr. Manuel Belgrano y Palpalá)	278.336
La Rioja	143.684	Departamento Capital	146.648
Tartagal	56.308	Departamento Gral. José de San Martín	139.204
V. Tulumaya	7.005	Departamento Lavalle	32.129
Belén	11.003	Departamento Belén	25.475
Santa María	10.800	Departamento Santa María	22.127
La Quiaca	13.761	Departamento Yavi	18.160
Chepes	9.781	Departamento Rosario Vera Peñaloza	13.299
Maimará	2.740	Departamento Tilcara	10.403
Calingasta	2.039	Departamento Calingasta	8.176

Tabla 1.2. *Cantidad de habitantes por localidad, Censo Nacional de Población, INDEC 2001.*

		Argentinos	Europa y Oriente Medio	País limítrofe	Otros	N
Mendoza	Varones	63,15	33,11	3,55	0,20	148.227
	Mujeres	73,92	23,30	2,66	0,12	129.308
	Total	68,16	28,54	3,14	0,16	277.535
San Juan	Varones	83,34	14,66	1,91	0,08	59.142
	Mujeres	89,07	9,49	1,39	0,05	60.110
	Total	86,23	12,06	1,65	0,07	119.252
La Rioja	Varones	96,99	2,37	0,61	0,03	36.592
	Mujeres	98,83	0,77	0,38	0,01	43.162
	Total	97,99	1,50	0,49	0,02	79.754
Catamarca	Varones	96,48	3,12	0,38	0,01	46.717
	Mujeres	98,81	0,85	0,33	0,02	53.674
	Total	97,73	1,91	0,35	0,01	100.391
Salta	Varones	89,18	7,15	3,57	0,11	73.578
	Mujeres	94,26	3,31	2,38	0,04	67.349
	Total	91,61	5,31	3,00	0,08	140.927
Jujuy	Varones	71,67	6,82	21,06	0,46	42.010
	Mujeres	85,05	3,11	11,72	0,12	34.621
	Total	77,72	5,14	16,84	0,31	76.631

Tabla 1.3. *Composición de la población por provincia, según lugar de nacimiento. Fuente: Tercer Censo Nacional, 1914. Elaboración propia.*

Luego de las capitales provinciales sigue en importancia la localidad de Tartagal, ubicada en el noreste de la provincia de Salta, cabecera del departamento de General San Martín que limita al norte con Bolivia. A diferencia de la mayor parte del territorio incluido en esta tesis, cuya incorporación como parte del sistema occidental se remonta al siglo XVI con el establecimiento del poder colonial español, el territorio correspondiente a la localidad de Tartagal fue despojado del control indígena recién luego de 1884 cuando el gobierno nacional inició la conquista definitiva del Chaco. El trazado del límite con Bolivia se estableció en 1889, incorporándose así el territorio correspondiente a Tartagal como parte de Argentina. La historia de esta ciudad está fuertemente vinculada al desarrollo de las industrias tabacalera, azucarera y petrolera. Esta característica económica convierte a Tartagal en la tercera localidad en importancia de la provincia de Salta, luego de la capital y de Orán, y se ve traducida en un incremento poblacional asociado a la atracción de mano de obra (Benclowicz, 2011).

La localidad de Villa Tulumaya merece una atención especial ya que es la cabecera del departamento de Lavalle, ubicado en el noreste de la provincia de Mendoza, una región caracterizada por su gran aridez. Esta aridez se ve compensada por la formación de lagunas como producto de la pérdida de pendiente de los ríos de la cordillera. El complejo de lagunas de Guanacache y del Rosario

constituyó un área de asentamiento huarpe, donde se dio la especialización en el aprovechamiento de los recursos acuáticos. Durante la colonización, esta región permaneció al margen del dominio español y se constituyó en una especie de refugio para aquellos que escapaban del traslado compulsivo hacia Chile. Este traslado que afectó especialmente a los hombres, fue llevado a cabo debido a que los primeros encomenderos cuyanos no pretendían colonizar la zona, sino obtener la abundante mano de obra que se encontraba al este de la cordillera para sacar mayor provecho de sus haciendas ya establecidas al oeste (Lobos, 2004). La persistencia de la comunidad huarpe en esta región queda en evidencia en la actualidad como se expuso en la sección anterior y, por tanto la localidad de Villa Tulumaya, como cabecera del departamento de Lavalle, se distingue sustancialmente por su composición poblacional respecto de la ciudad de Mendoza, a pesar de estar separadas tan sólo por 30 km.

Las restantes localidades, al igual que Tartagal y Villa Tulumaya, constituyen cabeceras de departamentos, de ahí la presencia de centros de salud donde tuvo lugar el muestreo. Se destacan por su carácter de localidades de frontera, Calingasta y La Quiaca. La Quiaca, ubicada a 1 km de Villazón (Bolivia) se encuentra sobre la ruta nacional N° 40 y consiste un importante punto de tráfico internacional. Esta característica le otorga un cierto dinamismo en cuanto a la movilidad de sus habitantes. Calingasta, en cambio, se encuentra aislada geográficamente, rodeada por la cordillera de los Andes al oeste y la sierra del Tontal al este. Un único acceso pavimentado se da a través de la ruta provincial N° 436, la cual es un derrotero sinuoso que sigue las curvas del río San Juan. Y no cuenta ni contó nunca con servicio de ferrocarril.

Los determinantes geopolíticos actuales generan zonas de expulsión y de atracción de población que deben ser tenidos en cuenta a la hora de analizar los patrones de distribución de linajes maternos.

## CAPÍTULO II: MATERIALES, SUJETOS Y MÉTODOS

### 2.1 MUESTREO

En cuanto a las localidades...

Inútil sería pretender un muestreo aleatorio, lujo de los biólogos, casi una utopía para los antropólogos. La elección de las localidades incluidas en el presente estudio aspira a una representatividad provincial ya que en la mayoría de los casos incluye a la ciudad capital, al tiempo que comprende también una localidad pequeña donde se presupone una continuidad local con mayor profundidad temporal. Sin embargo estos criterios también se vieron afectados por cuestiones de logística y organización: obtención de los permisos, empatía con el personal directivo de los centros de salud, accesibilidad y disponibilidad de tiempo de los integrantes del equipo de campaña (ver agradecimientos). Como resultante de esta combinación de factores, se obtuvieron 1787 muestras en doce localidades de seis provincias del centro-oeste y noroeste de Argentina (Figura 2.1). En algunos de los puntos de muestreo se incluyeron muestras de parajes cercanos (Tabla 2.1). Una mirada introspectiva del proceso de muestreo puede encontrarse en Motti (2010).



Figura 2.1. Localidades muestreadas.

Provincia	Localidad	N	Lugares de colecta (localidad)	N
Salta	Tartagal	258	Hospital "Juan Domingo Perón", (Tartagal)	191
			Hospital "Dr. Luis Adolfo Güemes" (Aguaray)	43
			Regimiento de Infantería de Monte 28, (Tartagal)	24
Jujuy	S.S. de Jujuy	42	Hospital "Pablo Soria" (San Salvador de Jujuy)	42
	La Quiaca	222	Puesto de Salud (Santa Catalina)	3
			Laboratorio Privado (La Quiaca)	41
			Puesto de Salud (La Ciénaga)	9
			Hospital "Dr. Jorge Uro" (La Quiaca)	169
	Maimará	192	Hospital "Dr. Julio F. Campero" (Maimará)	140
			Puesto de Salud (Purmamarca)	35
Puesto de Salud (Tumbaya)			17	
Catamarca	Santa María	170	Hospital Zonal "Luis A. Vargas" (Santa María)	148
			Hospital de San José (San José)	22
	Belén	161	Hospital Zonal "Dr. Segundo Muñiz" (Belén)	107
			Laboratorio Privado (Belén)	54
La Rioja	La Rioja	236	Hospital Regional "Dr. Enrique Vera Barros" (La Rioja)	236
	Chepes	73	Hospital "Luis Pasteur" (Chepes)	73
San Juan	San Juan	119	Instituto de Hemoterapia del Hospital Rawson (San Juan)	106
			Hospital San Roque (Jáchal)	13
	Calingasta	71	Hospital "Dr. Aldo Cantoni" (Calingasta)	66
			Centro de Salud (Tamberías)	5
Mendoza	Mendoza	141	Hospital "Luis Carlos Lagomaggiore" (Mendoza)	141
	Villa Tulumaya	102	Hospital "Dr. Domingo Sícoli" (Villa Tulumaya)	102
	Total	1787		

Tabla 2.1. Localidades muestreadas, institución donde se realizó el muestreo y número de muestras.

En cuanto a los individuos...

Ya en el título de esta tesis se manifiesta la amplitud en cuanto al criterio de inclusión de muestras, efectuando un único recorte que excluye a las poblaciones extintas. Elegí el término "actual" y no el de "cosmopolita" ya que considero que la universalidad que pretende este último no es tal en la realidad. Los fenómenos migratorios propios de la región en estudio que fueron descriptos en la introducción, circunscriben los componentes poblacionales y es en tal sentido que se interpreta el origen continental de los haplogrupos, descartando por ejemplo un origen asiático reciente. El término actual posee otras ventajas adicionales: "actual" no niega aborigen ni niega europeo, ya que no faltaron casos en que los entrevistados se autorreconocieron tanto como pertenecientes a un pueblo originario como descendientes de europeos; "actual" elude las polisemias de los términos criollo o mestizo; a saber, al comienzo de la conquista *criollo* se decía de aquel de padres españoles, nacido en América, mientras que el mestizo era el resultante de la unión de español y nativo. Pero el devenir del

tiempo y las sucesivas generaciones desdibujaron las delimitaciones. La categoría *criollo* recobró significado a partir del fenómeno de inmigración masiva europea de los siglos XIX y XX, distinguiendo a aquellos nacidos en América de los recién llegados y sus descendientes. Esta demarcación que resultaba útil unas tres generaciones atrás, hoy se vuelve confusa ya que muchos de los entrevistados declararon tener tanto abuelos criollos como inmigrantes de ultramar. Por lo tanto, puede ser difícil distinguir entre individuos de ascendencia criolla y/o europea. Sí es posible hacer esa diferenciación respecto de los linajes maternos y/o paternos. En esta tesis los linajes maternos serán considerados “criollos”, cuando la información referida al último ancestro conocido por vía materna no dé cuenta de un origen europeo.

## 2.2 INFORMACIÓN GENEALÓGICA

En todas las localidades, excepto San Salvador de Jujuy, se realizó, junto con la toma de muestra biológica, una encuesta genealógica. Reuniéndose en total, 1.734 perfiles. A cada donante se le preguntó por nombres, apellido y lugar de nacimiento de los ascendientes hasta dos generaciones atrás. El cuestionario empleado puede leerse en el Anexo 7.1.1, y el formulario de consentimiento informado en el Anexo 7.1.2. La información obtenida se volcó en planillas Excel, y toda localidad de nacimiento informada fue codificada empleando un sistema jerárquico de tres letras para designar cada una de las divisiones políticas “País”, “Provincia” y “Departamento o Partido” (o sus equivalentes en otros países). Una persona nacida en Tartagal, por ejemplo, tendría codificada esa información como “ARG SAL GSM, Tartagal”. Esta codificación permitió agilizar la búsqueda centrada en el lugar de nacimiento del último ancestro materno conocido. Éste fue, en la mayoría de los casos la abuela materna, pero en caso de desconocimiento, se apeló al lugar de nacimiento de la madre o del donante mismo. Así se generó una tabla en la que cada muestra es asociada a una localidad correspondiente al lugar de procedencia de su linaje materno, y en base a eso se elaboró un criterio para considerar a cada muestra como “local” o “no local”. Este criterio es relativo a la localidad de toma de la muestra y considera a una muestra de origen local cuando el lugar de nacimiento del último ancestro por vía materna fue dentro de la misma provincia a la que pertenece la localidad muestreada, o dentro de cualquier provincia limítrofe, o bien en un país limítrofe a la provincia en que se encuentra la localidad muestreada.

## 2.3 EXTRACCIÓN DE SANGRE O SALIVA

La extracción de sangre fue realizada por el personal de cada hospital o centro de salud donde se llevara a cabo el muestreo. En el caso de que se tratara de pacientes ambulatorios que concurrieran a hacerse un análisis de sangre o de donantes voluntarios de sangre, procedíamos a la entrega de un tubo de 15 mL conteniendo 200 µl de EDTA 0,5 M, donde el técnico colocaba una fracción de la sangre

extraída. En los casos en que se acercaron personas interesadas en participar del proyecto pero que no necesitaban realizarse un análisis de sangre, pudieron optar por una extracción *ad hoc* o la toma de una muestra de saliva mediante un enjuague bucal con alto contenido de alcohol. Este último procedimiento resultó en menores cantidades de ADN obtenido y menor tiempo de preservación a campo, implicando en algunos casos la imposibilidad de obtener resultados durante el análisis de las muestras.

## 2.4 EXTRACCIÓN DE ADN

### 2.4.1 PRIMERA ETAPA, A CAMPO.

Entre 5 y 15 mL de sangre total fueron centrifugados a 4000 revoluciones por minuto, durante unos 20 minutos para lograr la separación de los componentes sanguíneos. De este modo se logra la conformación de una capa de linfocitos (*buffy coat*) que puede ser separada mecánicamente con una pipeta automática. Para eliminar los hematíes que eventualmente se co-extraen, el *buffy coat* es resuspendido en 10 mL de solución de lisis de glóbulos rojos (ver anexo 7.1.3 Soluciones de trabajo). Luego se precipitan los glóbulos blancos por centrifugado y de ser necesario, se repite la operación de lavado, previa resuspensión por pipeteo. Una vez eliminada la mayor proporción de glóbulos rojos, la fracción nucleada se conserva en 3 mL de solución de lisis de glóbulos blancos (anexo 7.1.3), condición en que las muestras son conservadas a campo y trasladadas hasta el IMBICE para su posterior procesamiento.

### 2.4.2 SEGUNDA ETAPA, EN EL IMBICE

A cada una de las muestras se agregó solución de lisis de glóbulos blancos hasta alcanzar un volumen final de 6 mL. En este estado, las muestras fueron colocadas en un rotor durante 24 hs para homogeneizar el lisado. Posteriormente, se procedió a la precipitación de las proteínas con el agregado de 3 mL de NaCl 5,4 M. El precipitado de proteínas fue descartado y el sobrenadante transvasado a otro tubo donde los ácidos nucleicos fueron precipitados con 1 volumen de alcohol isopropílico. Se descartó el sobrenadante y el ADN fue lavado con etanol 70 % y rehidratado en 1 mL de Tris-EDTA (TE).

## 2.5 TIPIFICACIÓN DE HAPLOGRUPOS MITOCONDRIALES

A lo largo del desarrollo de esta tesis fueron empleadas distintas estrategias metodológicas para diagnosticar haplogrupos. En primera instancia se recurrió a la técnica de PCR-RFLP que consiste en la amplificación de un segmento determinado del ADN por medio de la Reacción en

Cadena de la Polimerasa (PCR por sus siglas en inglés) y la posterior digestión con enzimas de restricción que resulta en un polimorfismo en el largo de los fragmentos de restricción (RFLP por sus siglas en inglés) siguiendo un protocolo modificado a partir de Bailliet y col. (1994). Posteriormente se ensayó y comprobó la eficacia de las amplificaciones alelo-específicas, que no requieren del uso de enzimas. El protocolo desarrollado por Umetsu (2005) fue acondicionado para adaptarse a las características de nuestra población, cuyos resultados fueron presentados en Motti y col. (2009). Por último, se secuenció la Región Control en muestras que no habían sido previamente tipificadas para la región codificante. En estos casos, la asignación de haplogrupo está dada por la asociación comprobada de una serie de polimorfismos en la Región Control con los haplogrupos de interés (Bandelt y col. 2003; Tamm y col. 2007; Achilli y col. 2008; Perego y col. 2010).

Teniendo en cuenta la historia demográfica de la región en estudio, consideramos que la población actual es la resultante del encuentro de tres componentes continentales mayoritarios: la población originaria nativa americana, la población proveniente de Europa y Medio Oriente y también la población africana que fuera traída compulsivamente como mano de obra esclava. Es por esto que el análisis de los polimorfismos en el ADN mitocondrial se centró en la búsqueda de mutaciones diagnósticas de los clados propios de dichos continentes. Los linajes asignados a los haplogrupos A-D fueron considerados de origen nativo, mientras que aquellos asignados a los para-haplogrupos L(xM,N) y N(xA,B) fueron interpretados como aportes provenientes de África y de Eurasia occidental (Europa y Medio Oriente), respectivamente. Somos conscientes que este enfoque experimental entraña el riesgo de asignar un origen continental erróneo para algunos linajes, a saber:

- considerar como nativos aquellos linajes A-D que en realidad derivan de inmigrantes del este asiático, o incluso de países europeos y de Medio Oriente donde algunos de estos haplogrupos han sido descritos esporádicamente en muy baja frecuencia (entre otros, véase los ejemplos de Alves-Silva y col. 2000, Brandstätter y col. 2007, Grzybowski y col. 2007, Haber y col. 2011);

- considerar como africanos a aquellos linajes L(xM,N) que son genuinamente europeos (Cerezo y col. 2012);

- considerar como europeos o de Medio Oriente algunos clados de haplogrupo U6 que podrían en efecto haber ingresado desde el Africa sub-sahareana en tiempos coloniales.

La evidencia obtenida en el marco de esta tesis (encuestas genealógicas y secuencias de la Región Control), así como publicaciones de otros autores sobre poblaciones argentinas (Bobillo y col. 2010, Catelli y col. 2011), nos permiten aseverar que esos errores, de haber ocurrido, habrían tenido un impacto menor en las estimaciones de origen continental. A modo de ejemplo, nótese que Bobillo y col. (2010) detectaron sólo un linaje A-D de origen no americano en su muestra de 338 argentinos, de los cuales 189 fueron A-D. Del mismo modo, Catelli y col. (2011) hallaron dos casos de linajes A-D que en principio no parecen ser de origen americano en una muestra de 384 individuos. Al menos dos

de estos casos parecen estar relacionados con ancestría reciente del este asiático, un hecho que hubiera sido fácilmente detectado en la encuesta genealógica.

### 2.5.1 TIPIFICACIÓN MEDIANTE ANÁLISIS DE POLIMORFISMOS DE LONGITUD DE LOS AMPLICONES Y DE LOS FRAGMENTOS DE RESTRICCIÓN

Esta estrategia consistió en la amplificación secuencial de las muestras en busca de mutaciones diagnósticas de los haplogrupos en la región codificante. Esta metodología implica que una vez que fuera descubierta una de las mutaciones no se continuara con la búsqueda de las siguientes, ya que se las considera excluyentes. Inicialmente se analizaron las muestras para los polimorfismos diagnósticos de los haplogrupos A-D, y aquellas muestras no asignadas a un clado nativo fueron entonces analizadas para C10873T, una de las cinco transiciones que definen al súper-haplogrupo N. Los linajes no atribuidos a ninguno de estos haplogrupos fueron considerados en forma preliminar como pertenecientes al para-haplogrupo L(xM,N), dada la baja probabilidad de la otra interpretación posible, esto es que fueran otros clados anidados dentro de M. La distribución de M se restringe a Oceanía y las porciones central, sureña y oriental de Asia, estando además presente bajo la forma del haplogrupo M1 en Europa, Medio Oriente y Norte de África (Olivieri et al. 2006). Las muestras inicialmente consideradas como miembros del clado L(xM,N) fueron secuenciadas entre las posiciones 16024 y 576 para confirmar y refinar su asignación (ver sección 2.6 Secuenciación).

El detalle de los cebadores y enzimas de restricción empleadas para determinar los haplogrupos se encuentra en la Tabla 2.2. Nótese que en algunos casos la digestión positiva es señal de la presencia de la mutación diagnóstica (ejemplo +*AluI* para el haplogrupo C), mientras que en otros casos es la ausencia de digestión la que indica la presencia de la mutación (-*AluI* para el haplogrupo D). Los cebadores empleados para generar los amplicones para diagnosticar A y B son aquellos descritos en Bailliet y col. (1994), mientras que los restantes fueron diseñados para esta tesis utilizando Primer3 (<http://frodo.wi.mit.edu/>). El nuevo diseño de los fragmentos para analizar C y D tuvo en consideración la conveniencia de generar productos co-amplificables y co-digeribles de modo tal que tanto los amplicones como los fragmentos de digestión fueran fácilmente analizables en geles de agarosa.

Para los fragmentos correspondientes a los haplogrupos A, B, C y D se aplicaron las siguientes condiciones de amplificación: 2 minutos de desnaturalización inicial a 94°C y 35 ciclos de desnaturalización a 94°C por 1 minuto, hibridación a 55°C por 1 minuto y extensión a 72°C durante dos minutos, seguidos por una extensión final de 5 minutos. Para el fragmento correspondiente a N se mantienen iguales condiciones, excepto la temperatura de hibridación que fue de 60°C.

Los fragmentos correspondientes a C y D fueron co-amplificados y co-digeridos ya que requieren de la misma enzima y el tamaño de los fragmentos permite una fácil resolución. Los fragmentos correspondientes a los haplogrupos A y B fueron amplificados en forma independiente. En todos los casos se incluyó un control negativo, conteniendo todos los reactivos necesarios para la PCR

pero sin ADN. Los productos de amplificación para los haplogrupos A, C y D fueron verificados junto con un marcador de peso molecular en geles de agarosa al 2 %, teñidos con Bromuro de Etidio (Figuras 2.2 y 2.3). En el caso del haplogrupo B, el producto de amplificación fue corrido en geles de acrilamida al 6 % (Figura 2.4).

Hg	Mutación diagnóstica	Cebadores 5'-3'	Enzima de restricción	Tamaño del fragmento amplificado	Tamaño de los fragmentos digeridos
A	663*G	L-582 TGTAGCTTACCTCCTCAAAGC H-745 TTGATCGTGGTGATTTAGAGG	<i>Hae</i> III	163 pb	81/82
B	Delección 9pb Región V	L-8209 CATCGTCCTAGAATTAATTCC H-8304 CTTTACAGTGGGCTCTAGAGG	–	87 o 96 pb	–
C	13263*G	L-13128 CCCCTAGCAGAAAATAGCC H-13526 TCGATGATGTGGTCTTTGGA	<i>Alu</i> I	398 pb	135/263
D	5178*A	L-4983 CAAACCCAGCTACGCAAAATL H-5325 TGATGGTGGCTATGATGGTG	<i>Alu</i> I	342 pb	147/195
N	10873*T	L-10621 CCCACTCCCTCTTAGCCAAT H-10987 TGTGAGGGGTAGGAGTCAGG	<i>Mn</i> II	366 pb	114/252

Tabla 2.2. Enzimas de restricción y polimorfismos utilizados para asignar el origen continental.

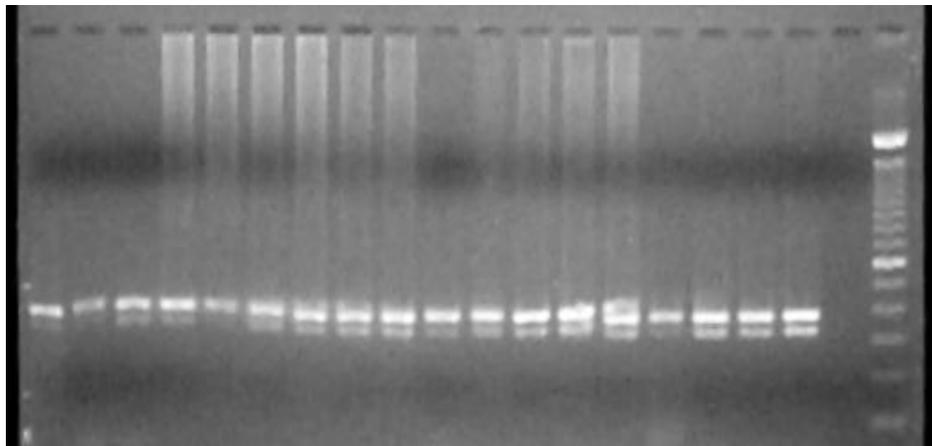


Figura 2.2. Visualización de los fragmentos co-amplificados para determinar los haplogrupos C y D.

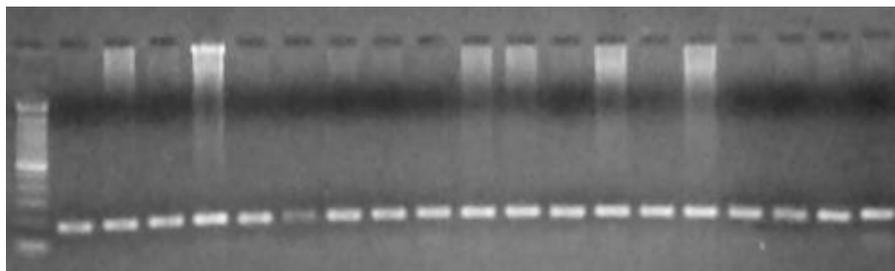


Figura 2.3. Visualización del fragmento amplificado para determinar el haplogrupo A.

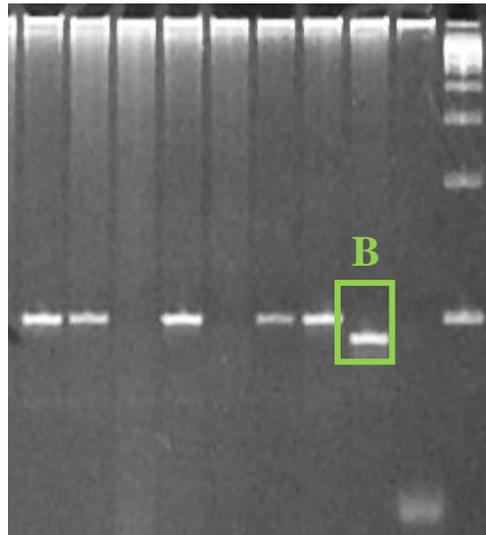


Figura 2.4. Visualización del fragmento amplificado para detectar la delección de 9 pb en región V (haplogrupo B).

Para el proceso de digestión se siguieron las indicaciones provistas por el proveedor de la enzima, empleando una unidad de enzima por muestra en un volumen final de 30  $\mu$ L. Los productos de la digestión fueron sometidos a corridas electroforéticas en geles de agarosa al 2,5 % empleando un 0,5 % de agarosa de bajo punto de fusión para aumentar el poder de resolución (Figuras 2.5 y 2.6).

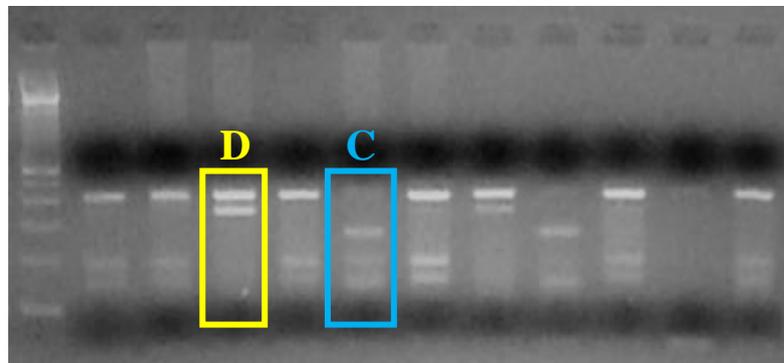


Figura 2.5. Visualización de los fragmentos resultantes luego de la digestión con AluI.

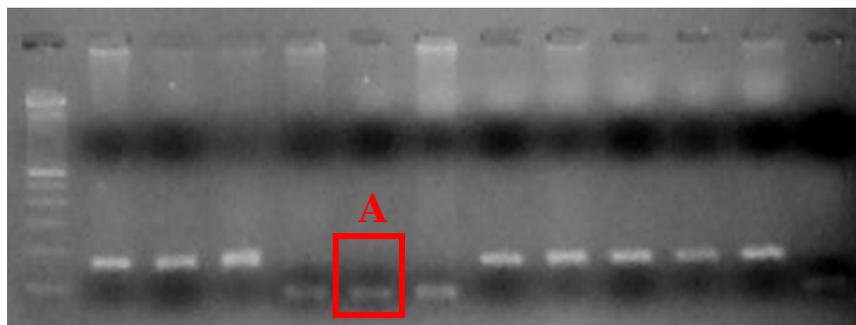


Figura 2.6. Visualización de los fragmentos resultantes luego de la digestión con HaeIII.

## 2.5.2 TIPIFICACIÓN MEDIANTE POLIMORFISMOS DE LONGITUD DE LOS PRODUCTOS DE AMPLIFICACIÓN (APLP)

En esta estrategia cada polimorfismo es investigado mediante el empleo de tres cebadores, dos de los cuales son alelo-específicos y difieren fundamentalmente en su base del extremo 3', cuya posición coincide con la de la mutación investigada. Además de otras diferencias menores en su secuencia, uno de los cebadores posee una extensión variable de 1-7 nucleótidos en el extremo 5' de modo que el producto de amplificación varía en su longitud según cuál de los dos cebadores haya intervenido.

Para esta tesis se seleccionaron, de entre los publicados por Umetsu y col. (2005), cinco tríos de cebadores cuyo análisis simultáneo permite analizar los clados de interés. Tres tríos interrogan mutaciones diagnósticas de los haplogrupos A, D y M8 (al que pertenecen los haplogrupos C y Z), mientras que los dos restantes caracterizan los macro-haplogrupos M y N. El haplogrupo B fue analizado independientemente tal como se describe en el apartado 2.5.1.

Dado que todas las amplificaciones de mutaciones de punto se generan en una única reacción de PCR múltiplex, este enfoque experimental tiene la virtud de economizar trabajo, reactivos y ADN, al tiempo que minimiza errores de asignación. Toda muestra asignable al haplogrupo A deberá también ser asignable al clado N, mientras que aquellas pertenecientes a C o D deberán asimismo llevar el patrón de amplicones esperados para miembros del clado M. Esta técnica también tiene el potencial de detectar clados alóctonos de M, así como de poner en evidencia la presencia de linajes asignables a L(xM,N).

En la Tabla 2.3 se detallan las secuencias de los cebadores, indicando con letra minúscula las bases que generan una región de no apareamiento. Estas regiones son necesarias para homogeneizar la afinidad de ambos cebadores, en iguales condiciones de temperatura. Para lograr la co-amplificación de estas cinco regiones en una única reacción de PCR se ajustó la concentración de cada cebador mediante el método de prueba y error. Las condiciones de amplificación fueron: 2 minutos de desnaturalización inicial a 94°C y 35 ciclos de desnaturalización a 94°C por 1 minuto, hibridación a 52°C por 1 minuto y extensión a 72°C durante dos minutos, seguidos por una extensión final de 5 minutos.

El producto de amplificación fue visualizado en geles de poliacrilamida al 10 %. Se corrieron 4 uL del producto de amplificación durante 3,5 horas a 163 voltios, y el gel fue luego teñido en solución de TBE 1x con Bromuro de Etidio o con Gel Red® (Figura 2.7).

	Cebadores	Secuencia	Concentración	Tamaño (Haplogrupo detectado)
M	F-10400*T	taattaTACAAAAAGGATTAGACTGtgC	47 $\mu$ M	149 pb (M)
	F-10400*C		47 $\mu$ M	142 pb
	R-10400	GAAGTGAGATGGTAAATGCTAG	47 $\mu$ M	
N	F-10873*T	aatataCCTAATTATTAGCATCAaCCCT	51 $\mu$ M	136 pb (N)
	F-10873*C	CCTAATTATTAGCATCATtCCC	64 $\mu$ M	130pb
	R-10873	tGGTAtGAGTCAGGTAGTTAG	64 $\mu$ M	
D	F-5178*A	tgatcaaCGCACCTGAAACAAGA	44 $\mu$ M	107 pb (D)
	F-5178*C	gTCGCACCTGAAgCAAGC	32 $\mu$ M	102 pb
	R-5178	CCCATTTGaGCAAAAAGCC	32 $\mu$ M	
M8	R-15487*T	gtcttGGTCGCCTAGGAaGTCA	25 $\mu$ M	70 pb (M8)
	R-15487*A	tGGTCGCCTAGGAGtTCT	45 $\mu$ M	66 pb
	F-15487	CTTACTTCTCTTCCTTCTCTCC	25 $\mu$ M	
A	F-1736*A	taaAGCCAAACCATTTtCCCAA	28 $\mu$ M	55 pb
	F-1736*G	AGCCAAACCATTTAtCCAG	28 $\mu$ M	52 pb (A)
	R-1736	aCCAGGTTTCAATTTCTATCG	28 $\mu$ M	

Tabla 2.3. Cebadores empleados para la amplificación alelo-específica.

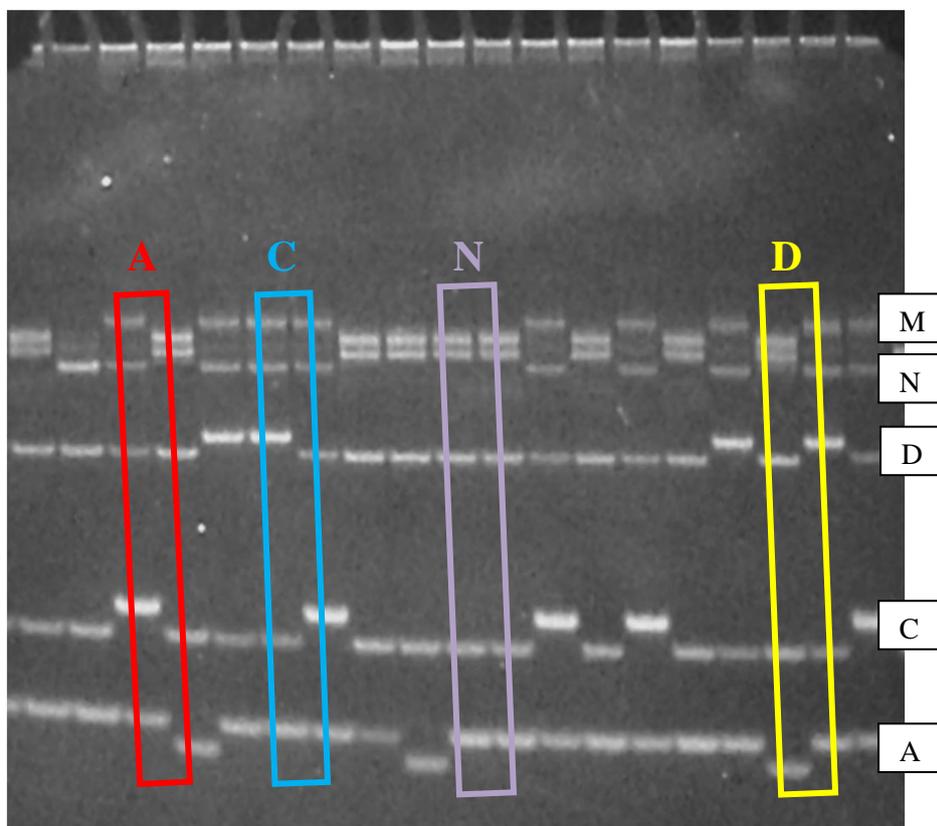


Figura 2.7. Co-amplificación alelo específica, indicando la determinación de haplogrupos.

**2.5.3 ASIGNACIÓN MEDIANTE SECUENCIACIÓN DE LA REGIÓN CONTROL**

La asociación entre mutaciones en la región codificante que definen a los haplogrupos americanos y haplotipos en la Región Control fue descrita en el trabajo de Torroni y col. (1993). En algunas muestras que no fueron analizadas mediante PCR-RFLP ni mediante APLP, se estableció el haplogrupo de pertenencia siguiendo a Bandelt y col. (2003) y Tamm y col. (2007) para los haplogrupos americanos (Tabla 2.4), y se empleo Haplogrep (Kloss-Brandstaetter y col. 2010) y Phylotree (van Oven y Kayser, 2008) para los linajes alóctonos.

Haplogrupo	Diferencias respecto de la SRCr	
	Porción 5' Región Control	Porción 3' Región Control
A2	(16111) 16223 16290 16319 16362	(64) 73 146 153 235 263 315+C 522-523d
B2	16183C 16189 16217	73 263 315+C 499
C1b	16223 16298 16325 16327	73 249d 263 290-291d 315+C 489 493 522-523d
C1c	15930 16223 16298 16325 16327	73 249d 263 290-291d 315+C 489
C1d	16051 16223 16298 16325 16327	73 194 249d 263 290-291d 315+C 489 522-523d
C4c	16223 16298 16327	73 249d 263 315+C 489
D1	16223 16325 16362	73 263 315+C 489
D4h3a	16223 16241 16301 16342 16362	73 152 263 315+C 489

Tabla 2.4. *Mutaciones de la Región Control asociadas a los haplogrupos americanos.*

No se indican las variantes de longitud alrededor de posición SCRr 309. Las variantes entre paréntesis pueden no estar presentes.

**2.5.3.1 Secuenciación**

Un subconjunto de muestras de cada población fue secuenciado. En todos los casos se obtuvo información de la Región Control completa (posiciones 16024 y 576). En la mayoría de los casos, la lectura se extendió más allá de ambos extremos, incluyendo las bases entre las posiciones 15898 y 628. Esta extensión del rango permitió la identificación del subhaplogrupo C1c, definido por una transición en la posición 15930. La información detallada del rango de lectura correspondiente a cada muestra puede encontrarse en el anexo 7.2.2 Secuencias.

Esta labor fue realizada por investigadores colaboradores de un laboratorio estatal de EE.UU. como parte de un convenio de colaboración, según las condiciones descritas en el trabajo de Brandstatter y col. (2004), que se transcriben a continuación.

Las amplificaciones fueron llevadas a cabo usando los cebadores F15878 (AAA TGG GCC TGT CCT TGT AG) y R649 (TTT GTT TAT GGG GTG ATG TGA) o F15971 (TTA ACT CCA CCA TTA GCA CC) y R599 (TTG AGG AGG TAA GCT ACA TA). La Reacción en Cadena de la

Polimerasa automatizada fue realizada en la estación de trabajo robótica MWG RoboAmp 4200. Cada reacción fue llevada a cabo en 50 µl de volumen final, que incluyó: 1× de buffer de reacción AmpliTaq Gold (Applied Biosystems), 200 µM de cada dNTP, 200 nM de cada cebador y, ya sea 5 unidades de los cebadores F15878 y R649 o 2,5 unidades de F15971 y R599. Las condiciones de ciclado para los cebadores F15878/R649 fueron de 95°C durante 10 minutos y luego 36 ciclos de 94°C por 1 minuto, 56°C por 1 minuto y 72°C por 2 minutos, mientras que para los cebadores F15971/R599 fueron de 95°C durante 10 minutos y luego 36 ciclos de 94°C por 30 segundos, 56°C por 30 segundos y 72°C durante 1 minuto. Los productos del PCR fueron purificados con exonucleasa I (2.5 unidades) y fosfatasa alcalina de camarón (5 unidades) y luego secuenciados con el kit de secuenciación Big Dye Terminator Cycle (Applied Biosystems, Foster City, CA) en el MWG RoboAmp 4200. Las reacciones de secuenciación fueron analizadas con Applied Biosystems 377 o con Applied Biosystems 3100 DNA Analyzer, llevando a cabo purificaciones con columnas AGTC (Edge Biosystems, Gaithersburg, MD). Los cebadores empleados para la secuenciación, en adición a los utilizados para la amplificación fueron: F16190 (CCC CAT GCT TAC AAG CAA GT), F16450 (GCT CCG GGC CCA TAA CAC TTG), F15 (CAC CCT ATT AAC CAC TCA CG), F314 (CCG CTT CTG GCC ACA GCA CT), R274 (TGT GTG GAA AGT GGC TGT GC), R16400 (GTC AAG GGA CCC CTATCT GA) y R16175 (TGG ATT GGG TTT TTA TGT A).

### 2.5.3.2 Alineamiento

Las secuencias fueron alineadas con el programa MEGA 4.0 (Tamura y col. 2007), mediante el algoritmo ClustalW y luego corregidas manualmente siguiendo el criterio filogenético de Bandelt y Parson (2008). Para uniformizar el tamaño de las secuencias, se efectuó un corte para incluir sólo el fragmento comprendido entre las posiciones 16024 y 576 (Región Control completa). Se descartaron los polimorfismos de longitud en los segmentos poli-C en torno a las posiciones 16193, 310 y 573, así como también las variaciones correspondientes al microsatélite AC en la Región Hipervariable III.

## 2.6 ANÁLISIS DE VARIABILIDAD INTRAPOBLACIONAL

Teniendo en cuenta la secuencia de nucleótidos entre las posiciones 16024 y 576, se generó un archivo en formato FASTA con el programa MEGA4. Este archivo fue luego modificado con un procesador de texto para reemplazar los caracteres ambiguos M, N, R e Y, por el signo “?” ya que éste es un requisito para que los datos puedan ser procesados por el programa DNAsp (Rozas y col. 2003). Este programa permite la definición de múltiples conjuntos de secuencias y se utilizó para generar los conjuntos poblacionales así como también conjuntos que incluyeron sólo a las muestras A-D dentro de cada población. Los datos así organizados fueron exportados en formato acorde al programa Arlequín versión 3.5.1.2 (Excoffier y col. 2005), con el que se llevaron a cabo los test estadísticos que se

describen a continuación. Para todos ellos la probabilidad de cada valor se calculó por remuestreo por permutación en base a 100.000 permutaciones, estableciéndose el valor de significancia en  $p < 0,05$ .

### 2.6.1 DIVERSIDAD HAPLOTÍPICA ( $H$ )

La diversidad haplotípica se define como la probabilidad de que dos haplotipos, seleccionados al azar en una muestra, sean diferentes entre sí. Mientras mayor sea esta probabilidad, más diversa será la muestra y, por ende, también la población de la que fue tomada. Se utilizó la fórmula de Nei (1987):

$$\hat{H} = \frac{n}{n-1} \left( 1 - \sum_{i=1}^k p_i^2 \right)$$

siendo  $n$  el número de alelos en la muestra,  $k$  el número de haplotipos y  $p_i$  la frecuencia de los  $i$  haplotipos.

### 2.6.2 DIVERSIDAD NUCLEOTÍDICA ( $\Pi$ )

Debido a que un haplotipo puede diferir de otro ya sea por una sola mutación o por muchas de ellas, una medida de la variabilidad con mayor poder de resolución es la Diversidad Nucleotídica, definida como la probabilidad de que dos nucleótidos homólogos elegidos al azar sean diferentes.

La diversidad nucleotídica fue calculada en base al algoritmo de Tamura-Nei (1993) que tiene en cuenta una tasa de sustitución diferencial para transiciones y transversiones así como también según se trate de purinas o pirimidinas. Se utilizó, tal como sugieren los autores en el mencionado trabajo, un parámetro gamma de corrección de 0,11. Esta corrección se aplica cuando no se asume una tasa mutacional uniforme para todos los sitios, como es el caso de la Región Control del ADN mitocondrial.

### 2.6.3 NÚMERO MEDIO DE DIFERENCIAS NUCLEOTÍDICAS ENTRE PARES DE HAPLOTIPOS (NEI, 1987)

Consiste en el promedio de diferencias nucleotídicas entre todos los pares posibles de haplotipos de una muestra, según la fórmula:

$$\hat{\pi} = \frac{n}{n-1} \sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^k p_i p_j \hat{d}_{ij}$$

donde  $d_{ij}$  es una estimación del número de mutaciones ocurridas desde la divergencia entre los haplotipos  $i$  y  $j$ ,  $k$  es el número de haplotipos,  $p_i$  es la frecuencia del haplotipo  $i$ , y  $n$  es el tamaño muestral.

## 2.7 TEST EXACTO DE DIFERENCIACIÓN POBLACIONAL

Para evaluar estadísticamente la existencia de diferencias significativas entre pares de poblaciones se empleó el Test exacto de diferenciación poblacional, desarrollado por Raymond y Rousset (1995) y Goudet et al. (1996), que consiste en probar la hipótesis de distribución de los individuos al azar entre pares de poblaciones.

## 2.8 ANÁLISIS DE DIFERENCIACIÓN INTERPOBLACIONAL

### 2.8.1 CONSTRUCCIÓN DE HIPÓTESIS FILOGENÉTICAS: DEFINICIÓN DE LINAJES

Cada haplogrupo americano puede ser subdividido en sublinajes monofiléticos o clados. Debido a que los datos para esta tesis se restringen a la Región Control, el carácter monofilético de los linajes es una hipótesis basada en la presencia compartida de una o varias mutaciones. Para definirlos se construyeron manualmente redes medianas de haplotipos por haplogrupo, teniendo en cuenta a las secuencias generadas en esta tesis cuyo rango de lectura cubre a toda la Región Control. Los cubos e hipercubos generados por las mutaciones recurrentes fueron resueltos teniendo en cuenta criterios globales como la escala de sitios calientes publicada por Soares y colaboradores (2009), así como también criterios específicos para cada haplogrupo, en base a observaciones de datos publicados y propios. Los polimorfismos de longitud de los segmentos poli-C y del microsatélite AC fueron considerados, indicándolos como paralelismos o reversiones cuando fue necesario. Un linaje es definido toda vez que una mutación es compartida por al menos dos individuos y dicha mutación no reviste carácter homoplásico al interior del haplogrupo, o cuando las mutaciones compartidas son dos o más, desestimando en este último caso la condición homoplásica si la hubiere. También se consideraron linajes válidos a aquellos con evidente coherencia geográfica, aún cuando se diera la posibilidad de recurrencia aislada de la o las mutaciones que lo definen.

### 2.8.2 ANÁLISIS DE COMPONENTES PRINCIPALES

Una vez definidos los linajes potencialmente monofiléticos, éstos fueron considerados como variables independientes cuyos valores de frecuencia caracterizan a cada localidad. Se desestimaron los haplotipos que no pudieron ser identificados como pertenecientes a alguno de dichos linajes (haplotipos no asignados) debido a que en ellos no es posible constatar un vínculo filogenético más allá del que corresponde a cada linaje fundador. Luego, se realizó un Análisis de Componentes Principales con el programa NTSYSpc Versión 2.11S (Rohlf, 2000), a fin de generar un ordenamiento capaz de representar en dos dimensiones las relaciones de similitud y diferenciación entre las localidades analizadas.

### 2.8.3 IDENTIFICACIÓN DE BARRERAS GENÉTICAS

Teniendo en cuenta a las frecuencias de linajes definidos como variables, se estimaron las distancias de Nei entre pares de localidades con el programa NTSYSpc y en base a esa matriz se identificaron barreras genéticas mediante el programa Barriers 2.2 (Manni y col. 2004). Este programa realiza una aproximación geométrica computacional que fracciona el área geográfica en cuestión atribuyendo un área específica a cada punto de muestreo, de esta manera quedan definidos los límites de cada localidad y se definen a aquellas localidades que comparten un límite como adyacentes. A continuación se identifican los pares de localidades adyacentes que presentan mayor diferenciación y comienzan a trazarse las barreras genéticas. Una vez iniciada, la barrera continúa por la línea de mayor debilidad, es decir por aquel límite continuo que ostente la mayor diferenciación entre las localidades que separa. De esta manera, el orden de importancia de las barreras identificadas radica en la diferenciación entre el par de localidades que lo inició y no necesariamente entre cada par de localidades a uno y otro lado de la barrera.

### 2.8.4 ANÁLISIS DE DISTRIBUCIÓN DE LINAJES A NIVEL SUDAMERICANO

#### **2.8.4.1 Compilación de secuencias sudamericanas**

Las secuencias de ADN mitocondrial publicadas al 20/04/2011 fueron compiladas en una base de datos Excel en donde constó la localidad de pertenencia, el número de muestras A-D y el rango de lectura. También se incluyeron datos inéditos generados por el Laboratorio de Genética Molecular Poblacional del IMBICE. Se excluyeron aquellas secuencias publicadas cuya referencia geográfica resultaba extremadamente vaga como por ejemplo “aborígenes de Brasil”, así como aquellas cuyo punto de muestreo acusaba un N muy bajo (menor a 20) y cuando dicho punto no podía ser reunido con otro por encontrarse en una zona con mayor resolución en la definición de puntos de referencia [por ejemplo Tucumán n=9 de Tamm y col. (2007)]. Tampoco se tuvieron en cuenta secuencias descritas por características especiales que no contaban con una referencia del total de muestras que fue necesario analizar para su hallazgo, por ejemplo en el caso de trabajos de genética médica que informan casos patológicos o cuando el trabajo versa en linajes específicos como las secuencias con 16178 en Dornelles y col. (2005) o el linaje C1d en Perego y col. (2010). Estas secuencias no fueron tenidas en cuenta porque no es posible establecer su frecuencia a nivel poblacional.

#### **2.8.4.2 Definición de puntos geográficos**

A partir de la base de datos generada, las secuencias fueron ordenadas por región. Se privilegió un criterio geográfico y no étnico para el agrupamiento de las muestras, ya que éste permite incluir a todas las muestras con linaje materno nativo, más allá de la identificación étnica de los

individuos. Las localidades correspondientes al muestreo se consideraron como puntos independientes, mientras que otras localidades fueron agrupadas, generándose un punto de referencia artificial de ubicación intermedia. Esta decisión metodológica se tomó en base a la necesidad de mantener un número de muestras elevado para cada punto y también debido a que en algunos de los trabajos tomados como fuente no hay precisión respecto del punto de muestreo.

Fue necesario definir distintos conjuntos de puntos geográficos para analizar la distribución de linajes definidos por mutaciones en la RHVI, RHVII y la Región Control no comprendida por estas regiones, respectivamente. Esto es debido a que existe menor número de muestras con mayor rango de secuenciación y fue necesario en algunos casos considerar regiones geográficas más amplias para poder mantener un N superior a 20. Las coordenadas correspondientes a los puntos geográficos fueron establecidas mediante la digitalización de puntos en el mapa base, mediante el programa Surfer 8 (Golden Software, 2002).

### **2.8.4.3 Interpolación de frecuencias poblacionales**

Para cada punto geográfico se determinó el número de muestras A-D correspondiente y en base al mismo, se calcularon las frecuencias de cada linaje. La interpolación de las frecuencias se realizó con el algoritmo de Kriging en el programa Surfer 8.

## CAPÍTULO III: RESULTADOS

Los resultados se presentan articulados en dos ejes que se corresponden con los principales objetivos de esta tesis, a saber:

- Probar que es posible acceder al conocimiento de los linajes maternos nativos, a través del estudio de la población actual, al menos para el territorio que abarca el estudio.
- Analizar la distribución geográfica de linajes nativos.

Para alcanzar el primer objetivo, analizamos dos fuentes independientes de información que ofrecen distintos niveles de aproximación a la problemática: por un lado la tipificación de mutaciones diagnósticas en el ADN mitocondrial permite asignar un origen continental a los linajes discriminando entre los componentes provenientes de América, África subsahariana y el oeste de Eurasia. Pero para acceder al segundo objetivo es necesario no sólo probar el carácter local a nivel continental, sino regional. Con una menor profundidad temporal y un menor nivel de confiabilidad ya que apela a la memoria individual, contamos con la información genealógica suministrada por cada donante acerca del lugar de nacimiento del último ancestro conocido por vía materna (UACM). Como contrapartida también analizo el lugar de nacimiento del último ancestro conocido por vía paterna (UACP).

El segundo ítem supone un paso metodológico previo que consiste en la definición de linajes en base a la presencia de mutaciones diagnósticas en la Región Control. Luego, se analiza en contexto sudamericano, la distribución espacial de las frecuencias de los linajes definidos.

### 3.1 ORIGEN DE LOS LINAJES MATERNOS

Los seres humanos nos desplazamos, pertenecemos a una especie que ha colonizado todos los continentes y ambientes a excepción de la Antártida. Por eso, si nos preguntamos acerca de la continuidad local de un pueblo, debemos precisar a qué nivel de profundidad temporal queremos acceder. En el nivel más profundo, todos los linajes humanos se remiten al continente africano, por lo que fuera de éste todos serían necesariamente alóctonos. Sin llegar a tal extremo y atendiendo a la diferenciación de linajes a nivel continental, podemos distinguir con suficiente claridad, movimientos migratorios recientes intercontinentales. Conociendo la información histórica sobre los procesos de poblamiento de la Argentina, este punto no genera mayor controversia y es abordado a través de la identificación de mutaciones diagnósticas para los haplogrupos propios de América, África subsahariana y el oeste de Eurasia.

Ahora bien, América es un continente muy amplio, con conocidas variaciones climáticas, ecológicas y culturales, por lo que no basta con una definición continental de lo local. Surge la cuestión de distinguir regionalmente el origen de las muestras americanas. Distinguir diferencias regionales a nivel genético constituye el segundo objetivo principal de esta tesis, por lo que *a priori*, el

origen local de las muestras debe ser abordado desde otras fuentes de información. Del siglo XVI a esta parte existen fuentes escritas, con mayor o menor precisión, que documentan el volumen y el sentido de los desplazamientos humanos. Contamos además con una fuente directa de información proporcionada por cada donante, referida al lugar de nacimiento propio y de sus ancestros, la cual se analiza bajo el ítem “Información genealógica”. La lista completa de muestras analizadas, asociada al haplogrupo mitocondrial definido y al lugar de nacimiento del último ancestro materno conocido se encuentra en el Anexo 7.2.1.

### 3.1.1 HAPLOGRUPOS MITOCONDRIALES

A nivel global, la mayor frecuencia corresponde a linajes nativos de América (90, 2%). Dentro de la fracción alóctona un cuarto está constituido por linajes africanos y el resto por los linajes euroasiáticos (Tabla 3.1). En líneas generales la tendencia es similar en todas las localidades, sin embargo, un test exacto de diferenciación poblacional (Raymond y Rousset, 1995) muestra que existen diferencias significativas en cuanto a los aportes relativos continentales entre pares de poblaciones (Tabla 3.2).

	N	Origen continental		
		América	Europa y Medio Oriente	África Subsahariana
		Clados		
		A, B, C y D	Nx(A,B)	Lx(M,N)
Mendoza	141	71,63	21,28	7,09
Villa Tulumaya	102	79,41	14,71	5,88
San Juan	119	83,19	13,45	3,36
Calingasta	71	92,96	2,82	4,23
Chepes	73	86,30	13,70	0,00
La Rioja	236	82,20	13,98	3,81
Belén	161	92,55	3,73	3,73
Santa María	170	94,12	4,71	1,18
Jujuy	42	97,62	0,00	2,38
Maimará	191	98,95	1,05	0,00
Tartagal	258	97,29	1,94	0,78
La Quiaca	222	98,20	1,35	0,45
<b>TOTAL</b>	<b>1.787</b>	<b>90,26</b>	<b>7,28</b>	<b>2,46</b>

Tabla 3.1. *Origen continental de los haplogrupos mitocondriales, en porcentaje por localidad.*

	MZA	VT	SJN	CAL	CHE	LRJ	BEL	SMA	JUJ	MM	TTG	LQ
MZA		-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+
VT	-		-	+	-	-	+	+	+	+	+	+
SJN	-	-		+	-	-	+	+	+	+	+	+
CAL	+	+	+		+	+	-	-	-	+	-	-
CHE	+	-	-	+		-	+	+	+	+	+	+
LRJ	+	-	-	+	-		+	+	+	+	+	+
BEL	+	+	+	-	+	+		-	-	+	-	+
SMA	+	+	+	-	+	+	-		-	+	-	-
JUJ	+	+	+	-	+	+	-	-		-	-	-
MM	+	+	+	+	+	+	+	+	-		-	-
TTG	+	+	+	-	+	+	-	-	-	-		-
LQ	+	+	+	-	+	+	+	-	-	-	-	

Tabla 3.2. *Test exacto de diferenciación poblacional entre pares de poblaciones según el origen continental de los linajes* - =  $p > 0,05$ ; + =  $p < 0,05$ .

En un espacio de dos dimensiones donde las abscisas representan a la fracción europea y las ordenadas a la fracción africana, puede apreciarse la dispersión de las localidades (Figura 3.1). Las localidades de Jujuy, La Quiaca, Maimará, Santa María y Tartagal presentan niveles bajos en ambas categorías, mientras que Belén y Calingasta mantienen bajos porcentajes de linajes europeos pero aumenta la contribución relativa de linajes africanos, que superan el 3 %. La localidad de Chepes presenta el caso contrario, ya que no se observan linajes africanos, pero la fracción europea asciende a 13,7 %. La Rioja y San Juan se sitúan en el centro de la distribución con porcentajes de europeos similares a Chepes (entre 10 y 15 %) y porcentajes de africanos similares a Belén y Calingasta (entre 3 y 5 %). Villa Tulumaya se reúne con La Rioja, San Juan y Chepes en cuanto a los linajes europeos, pero se distingue por un mayor porcentaje de linajes africanos que superan el 5 %. Por último, Mendoza es la localidad con mayor porcentaje de linajes autóctonos; en cuanto a los africanos es similar a Villa Tulumaya pero es en el porcentaje de linajes de Europa y Oriente Medio, donde ésta localidad se diferencia sustancialmente del resto, superando el 20 %, en coincidencia con lo esperado según los datos históricos referidos a la distribución diferencial por regiones de la inmigración europea de fines del siglo XIX y principios del XX.

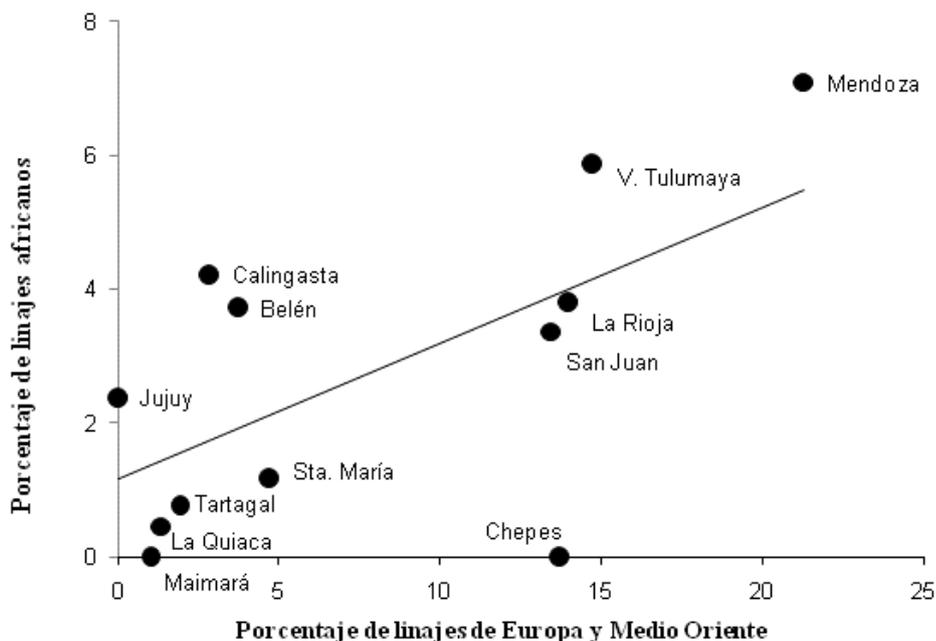


Figura 3.1. Comparación de las localidades en base al porcentaje de linajes alóctonos.

La conformación de estos grupos no se ajusta estrictamente a demarcaciones provinciales ni tampoco puede generalizarse que las diferencias obedecen a la oposición ciudad capital vs. localidad del interior, ya que Jujuy no se agrupa con ninguna otra ciudad capital. La asociación entre el porcentaje de linajes africanos y euroasiáticos es muy baja (coeficiente de correlación = 0,62), pero sí puede encontrarse una asociación entre cada una de estas variables y la latitud en que se ubican las poblaciones (coeficiente de correlación entre el porcentaje de haplogrupos N(xA,B) y la latitud= 0,82\*\*, Figura 3.2; coeficiente de correlación entre el porcentaje de haplogrupos L(xM,N) y la latitud= 0,71\*\*, Figura 3.3).

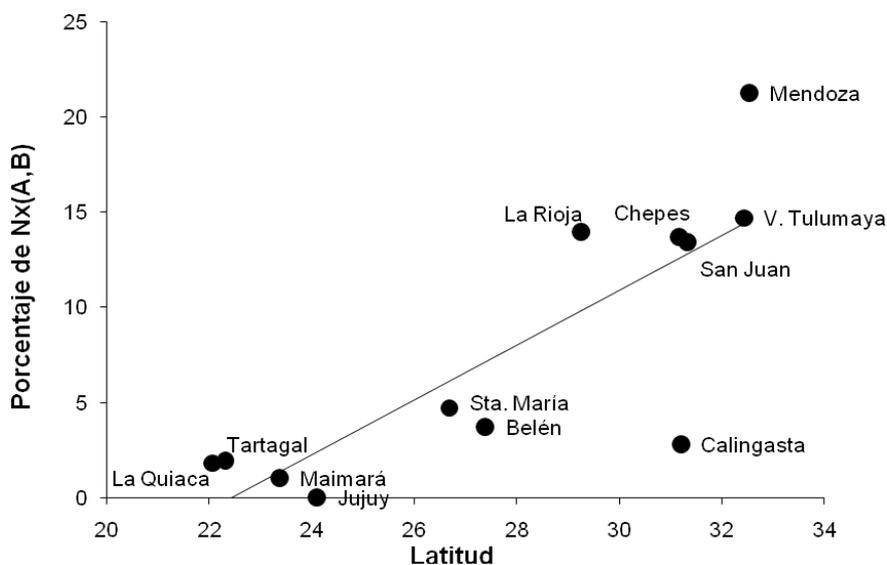


Figura 3.2. Correlación entre la latitud y el porcentaje de haplogrupos Nx(A,B)

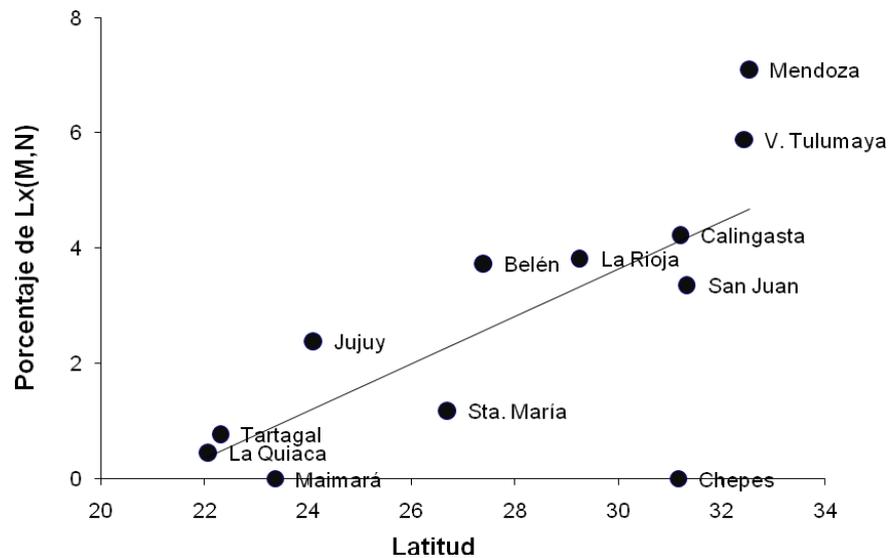


Figura 3.3. Correlación entre la latitud y el porcentaje de haplogrupos Lx(M,N)

De modo que el criterio más apropiado para explicar los datos observados es la diferenciación Norte-Sur que señala, para los linajes europeos, el asiento preferencial de inmigrantes ultramarinos entre finales del siglo XIX y principios del XX. Y en el caso de los linajes africanos, la ubicación estratégica de las rutas de paso de los esclavos ingresados por el puerto de Buenos Aires, hacia Chile.

En relación al objetivo inicial que consiste en probar la continuidad local (en este caso a nivel continental) de los linajes maternos, en todas las localidades el porcentaje más alto corresponde a los linajes nativos, aún la ciudad de Mendoza, con un 70 % de linajes A-D, constituye una prueba de que en la población actual persisten en altas proporciones los haplogrupos mitocondriales nativos.

### 3.1.2 INFORMACIÓN GENEALÓGICA

La información proporcionada por los donantes entrevistados rara vez se extiende más allá de la tercera generación, es decir los abuelos de los mismos. Y en los casos en que se nombra una generación anterior, los bisabuelos, las referencias suelen ser vagas tanto en cuanto al lugar preciso del nacimiento como a cuál de los progenitores se está haciendo referencia. Por tal razón, tomamos como dato el lugar de nacimiento de los abuelos, ya sea por vía materna o paterna. Cuando el dato era desconocido o carecía de la precisión suficiente como para diferenciar entre las categorías que hemos dado en llamar “local” y “no local”, consideramos a la generación parental o al donante mismo. En un 77 % de los casos, la información se refiere a la tercera generación.

Los resultados correspondientes al lugar de nacimiento del último ancestro conocido por vía materna (Tabla 3.3) se comparan con los equivalentes para la vía paterna (Tabla 3.4). En ambos casos la categoría “local” engloba a la mayor parte del universo considerado. Pero se observa una diferencia de seis puntos que confirma el patrón esperado de una mayor tendencia local en los linajes maternos con respecto a los paternos. Esta diferencia está dada principalmente por la categoría “Ultramar” en donde se observan cinco puntos de diferencia entre las líneas materna y paterna de ancestros. Este hecho concuerda con lo conocido a través de los datos censales correspondientes a los elevados índices de masculinidad entre la población migrante de los siglos XIX y XX (Tabla 3.5).

		Línea materna					
		Local			No Local		
	N	Misma Provincia	Provincia limítrofe	País limítrofe a la provincia	Resto de Argentina	Resto de Sudamérica	Europa y Asia Menor
Mendoza	139	50,36	18,71	3,60	10,07	7,91	9,35
V. Tulumaya	102	50,00	25,49	1,96	10,78	7,84	3,92
San Juan	119	80,67	9,24	2,52	4,20	0,00	3,36
Calingasta	71	61,97	2,82	33,80	0,00	0,00	1,41
Chepes	73	69,86	24,66	0,00	4,11	0,00	1,37
La Rioja	234	62,82	23,93	0,43	11,11	0,85	0,85
Belén	159	89,94	4,40	0,63	2,52	1,26	1,26
Sta. María	170	72,94	20,59	0,00	3,53	0,59	2,35
Tartagal	253	49,01	15,42	30,43	4,35	0,00	0,79
Maimará	192	75,00	7,81	14,06	0,52	1,56	1,04
La Quiaca	222	47,30	9,91	39,64	1,80	0,45	0,90
Subtotal		63,38	14,82	13,15	4,90	1,61	2,13
Total	1.734	91,35			8,65		

Tabla 3.3. Lugar de origen declarado del último ancestro conocido por vía materna, por localidad de muestreo, en porcentajes

Podemos afirmar, en base a estos resultados que en más del 90 % de los casos los linajes maternos tienen una continuidad local al menos en el corto plazo que puede abordarse a través de la historia oral. Como medida precautoria, decidimos no eliminar ni redistribuir las muestras de acuerdo al origen declarado, no por falta de confianza en la veracidad, sino por no intervenir en lo que efectivamente consiste en la distribución actual de los linajes maternos. A su vez, los casos conocidos de migración reciente servirán para ilustrar ejemplos de afinidad biológica con muestras correspondientes al lugar de origen.

	Línea paterna						
	N	Local			No Local		
		Misma Provincia	Provincia limítrofe	País limítrofe a la provincia	Resto de Argentina	Resto de Sudamérica	Europa y Asia Menor
Mendoza	139	41,01	12,23	3,60	13,67	5,76	23,74
V. Tulumaya	102	44,12	17,65	5,88	17,65	4,90	9,80
San Juan	119	75,63	4,20	4,20	6,72	0,00	9,24
Calingasta	71	54,93	4,23	30,99	4,23	0,00	5,63
Chepes	73	71,23	17,81	0,00	0,00	1,37	9,59
La Rioja	234	59,40	16,67	1,28	14,10	1,71	6,84
Belén	159	84,91	7,55	0,00	3,77	0,00	3,77
Sta. María	170	69,41	20,59	0,00	4,71	1,18	4,12
Maimará	192	77,08	7,29	11,98	1,04	1,04	1,56
Tartagal	253	47,04	18,58	22,92	3,95	0,40	7,11
La Quiaca	222	50,00	9,91	31,08	4,95	0,45	3,60
Subtotal	1.734	60,73	12,98	11,01	6,81	1,38	7,09
Total			84,72			15,28	

Tabla 3.4. Lugar de origen declarado del último ancestro conocido por vía paterna, por localidad de muestreo, en porcentajes.

Censo	Índice de masculinidad en población extranjera
1869	251
1895	173
1914	167
1947	139
1960	120
1970	111

Tabla 3.5. Número de hombres cada 100 mujeres entre la población extranjera, a través de los primeros seis censos nacionales. (Otero, 2006)

Otros puntos a destacar son la elevada proporción de ancestros con origen en los países limítrofes en las ciudades de frontera como Calingasta (33,8 %), La Quiaca (39,29 %) y Tartagal (31,40 %). Y el hecho de que en los casos de ancestros nacidos en países no limítrofes a la provincia, las localidades donde esta categoría alcanza valores más elevados son Mendoza y Villa Tulumaya (~8%) y corresponden en un 79 % a ancestros oriundos de Bolivia. Esta conexión está registrada históricamente y se debe a la capacidad atrayente, en términos del mercado laboral, propio de estas ciudades.

### 3.1.3 CORRESPONDENCIA ENTRE AMBAS FUENTES DE INFORMACIÓN

En este punto sólo podemos hacer una comparación entre el porcentaje de quienes declararon un ancestro por vía materna de origen ultramarino y el porcentaje de linajes mitocondriales pertenecientes al suprahaplogrupo N, ya que no se registraron casos en que se declarara un origen africano y que las restantes categorías en que se discrimina la información genealógica no pueden ser abordadas desde la genética molecular.

En el caso de las localidades de Mendoza, Villa Tulumaya y San Juan, es coincidente el mayor porcentaje de linajes mitocondriales de Europa y Medio Oriente con un mayor porcentaje de ancestros nacidos en el Viejo Mundo. Por el contrario, llama la atención la falta de registro a través de la historia oral de un origen ultramarino en las localidades de La Rioja y Chepes; en estas localidades los haplogrupos mitocondriales provenientes de Europa y Medio Oriente alcanzan un porcentaje relativamente alto (13 %) pero el porcentaje de donantes que declararon tener conocimiento de que su abuela fuera inmigrante fue bajo (~1 %), similar al del resto de las localidades, en las cuales la información molecular registra porcentajes de linajes autóctonos mucho más bajos.

### 3.2 ANÁLISIS DE VARIABILIDAD INTRAPOBLACIONAL

Teniendo en cuenta la secuencia de nucleótidos entre las posiciones 16024-16569 y 001-573, y sin considerar las variaciones en el número de residuos citosina en los homoplímeros en torno a las posiciones 16189 y 309 ni las variaciones en el número de repetidos del microsatélite AC en 573, se estimaron las medidas de diversidad intrapoblacional que se presentan en la Tabla 3.6. Para estimar estas medidas, se tuvieron en cuenta sólo las secuencias correspondientes a los haplogrupos nativos A-D. La lista completa de las secuencias obtenidas se encuentra en el Anexo 7.2.2.

Todas las medidas señalan a La Rioja como la localidad menos diversa, este dato es sorprendente teniendo en cuenta que se trata de una capital provincial. Luego de La Rioja, le siguen en orden ascendente en cuanto a la diversidad haplotípica, las localidades de Calingasta, Belén, Chepes y Santa María, estos datos se corresponden con su condición de localidades pequeñas. Luego siguen San Juan y Villa Tulumaya, alterándose el orden esperado de acuerdo al tamaño poblacional de las mencionadas ciudades, e indicando una diversidad nucleotídica menor a la esperada para la ciudad de San Juan, por tratarse de una capital provincial.

Población	N	h	s	k	Diversidad Nucleotídica Tamura-Nei	Diversidad haplotípica	N° de haplotipos únicos	Porcentaje de haplotipos únicos
Mendoza	55	48	85	13.200303 +/- 6.030645	0.011818 +/- 0.005989	0.9939 +/- 0.0051	43	78,18
V. Tulumaya	63	50	96	15.967935 +/- 7.216151	0.014308 +/- 0.007170	0.9898 +/- 0.0053	43	68,25
San Juan	100	67	105	14.683792 +/- 6.627831	0.013146 +/- 0.006572	0.9822 +/- 0.0059	51	51,00
Calingasta	65	35	74	14.006145 +/- 6.364882	0.012550 +/- 0.006324	0.9553 +/- 0.0145	23	35,38
Chepes	44	31	58	12.563568 +/- 5.776942	0.011258 +/- 0.005748	0.9799 +/- 0.0099	22	50,00
La Rioja	78	40	69	11.895943 +/- 5.440315	0.010669 +/- 0.005407	0.9257 +/- 0.0234	28	35,90
Belén	61	37	67	13.221086 +/- 6.030492	0.011836 +/- 0.005987	0.9727 +/- 0.0094	26	42,62
Sta. María	111	62	108	14.939246 +/- 6.732214	0.013339 +/- 0.006656	0.9810 +/- 0.0046	39	35,14
Jujuy	34	32	81	15.790606 +/- 7.222964	0.014137 +/- 0.007190	0.9964 +/- 0.0082	30	88,24
Maimará	162	107	171	11.906295 +/- 5.414642	0.010602 +/- 0.005337	0.9920 +/- 0.0020	75	46,30
Tartagal	167	127	192	14.748186 +/- 6.633346	0.013203 +/- 0.006573	0.9945 +/- 0.0017	106	63,47
La Quiaca	169	126	200	12.293567 +/- 5.579718	0.010803 +/- 0.005426	0.9951 +/- 0.0015	98	57,99

Tabla 3.6. *Medidas de diversidad intrapoblacional*

h: Número de haplotipos

s: Número de sitios polimórficos

k (número promedio de las diferencias entre 2 secuencias) T-N

Las restantes localidades cuentan con un valor de más de 0,99 en cuanto a la diversidad nucleotídica, siendo el valor más alto el correspondiente a Jujuy, sin embargo, cabe señalar que en esta localidad el número de muestras es bajo y esto puede estar afectando los valores de diversidad. En las localidades de Maimará y La Quiaca la diversidad nucleotídica es relativamente baja, a pesar de su gran diversidad haplotípica, este patrón se corresponde con la existencia de numerosos haplotipos, pero en su gran mayoría correspondientes al haplogrupo B, lo cual disminuye la diversidad nucleotídica.

### 3.3 DISTRIBUCIÓN REGIONAL DE LOS LINAJES MATERNOS NATIVOS

#### 3.3.1 DEFINICIÓN DE LINAJES

En base a 1108 secuencias de la Región Control completa (16024- 16569 y 001-576) que corresponden a los haplogrupos nativos A2, B2, C1b, C1c, C1d, C4c, D1 y D4h3a, se construyeron por cada haplogrupo redes de haplotipos que representan una hipótesis filogenética. El total de redes construidas se encuentra en el Anexo 7.2.3. Hipótesis filogenéticas.

La construcción de dichas redes fue hecha en forma manual ya que además del criterio de parsimonia, se tuvieron en cuenta criterios de coherencia geográfica y en algunos casos información inédita de la región codificante que se obtuvo en el IMBICE durante la redacción de esta tesis. Otra razón para la no utilización de un programa informático para la construcción de redes fue la observación de la dependencia de la frecuencia de mutación de ciertas posiciones respecto de las mutaciones circundantes. Es sabido que al seno de cada haplogrupo existen posiciones que se mantienen relativamente estables, como es el caso de 16519 que está “congelada” en el haplogrupo B2; mientras que otras presentan gran inestabilidad, como por ejemplo 64 dentro de A2. Es por eso que el pesado de los caracteres es el producto de la combinación de criterios externos como la escala de posiciones variables publicada por Soares y col. (2009) y también de criterios internos definidos en base a la observación de la inesperada estabilidad de ciertas posiciones conocidas por su alta tasa mutacional, al interior de un haplogrupo, como es el caso de la mutación 150 en A2 que según postulamos aquí, puede ser utilizada como mutación diagnóstica de un linaje de distribución local.

La inclusión de los datos de la RHV-II, que presenta sitios con gran inestabilidad, dificultaba en grado extremo la interpretación de las redes generadas mediante el programa Network. La construcción manual de las redes permitió mantener la información de todas las posiciones mutadas, incluso de sitios hipervariables, al mismo tiempo que se mantiene un esquema de clara representación gráfica, manteniendo sólo los ciclos y cubos que no pudieron resolverse por criterios tales como el de parsimonia, la coherencia geográfica, la información de secuencias completas o el pesado de caracteres. De todos modos, recalamos la idea de que se trata de hipótesis filogenéticas que sólo podrán ser contrastadas cuando se incremente el número de secuencias completas disponibles.

En base a las redes construidas se definieron linajes potencialmente monofiléticos teniendo en cuenta la presencia compartida de una o más mutaciones, la coherencia geográfica y en algunos casos, información de región codificante generada en el IMBICE. Las mutaciones diagnósticas de cada linaje y su frecuencia poblacional se exponen en el Anexo 7.2.4.

### 3.3.2 ANÁLISIS DE COMPONENTES PRINCIPALES

De la tabla anterior, se desprende la definición de 97 variables, que comprenden al 90 % de la muestra (todos los linajes definidos excepto los haplotipos no asignados). Estas variables, al ser resumidas en dos componentes principales, representan el 40 % de la variabilidad. En la Figura 3.4 puede observarse que el componente 1, el cual representa 26 % de la variabilidad, separa claramente a las localidades de La Quiaca y Maimará por un lado, luego a la localidad de Tartagal y finalmente al resto de las localidades que se disponen en un cline desde Santa María a Calingasta. El componente 2 reúne el 14 % de la variabilidad y señala de manera contundente la particularidad de la localidad de Tartagal.

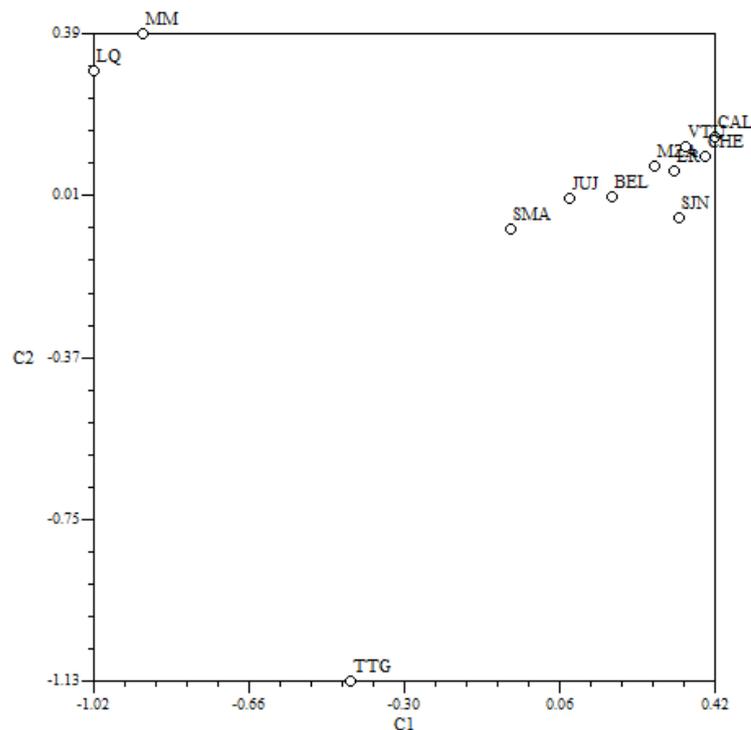


Figura 3.4. Análisis de Componentes Principales.

Componente 1= 26%. Componente 2= 14%.

## 3.3.3 IDENTIFICACIÓN DE BARRERAS GENÉTICAS

A partir de las frecuencias de los 97 linajes definidos, se calcularon las distancias de Nei entre pares de localidades (Tabla 3.7) y esa matriz fue utilizada para la identificación de barreras genéticas, que coinciden con las mayores distancias entre pares de localidades adyacentes. En la tabla 3.7 se señalan en rojo las distancias que generan el inicio de las barreras.

La primera barrera identificada, corresponde a la separación de las localidades de Maimará y La Quiaca del resto de las localidades. La segunda barrera está ubicada a la altura del límite entre las provincias de La Rioja y Catamarca, separando las localidades al norte y al sur de la misma. Una tercera barrera separa a Mendoza y a Villa Tulumaya de sus vecinas. Y recién con una cuarta barrera se aísla a la localidad de Tartagal del resto (Figura 3.5). El orden de prioridad de las barreras responde a las mayores distancias genéticas encontradas entre pares de localidades adyacentes. En el caso de la barrera “c”, la distancia mayor que da inicio a la misma, ocurre entre Villa Tulumaya y Chepes (0,8284), sin embargo las distancias entre las localidades que separa la continuación de la barrera son muy bajas: entre Villa Tulumaya y San Juan, 0,5077 y entre Mendoza y Calingasta 0,5991. En cambio la distancia que genera la barrera “d” entre Jujuy y Tartagal es de 0,7261, de modo que en términos regionales no se justifica separar a las localidades de las provincias de Mendoza y de San Juan.

	MZA	VTU	SJN	CAL	CHE	LR	BEL	SMA	JUJ	MM	TTG	LQ
MZA	0											
VTU	0,4347	0										
SJN	0,3938	0,5077	0									
CAL	0,5991	0,6751	0,3008	0								
CHE	0,6184	0,8284	0,3337	0,7887	0							
LR	0,4794	1,0678	0,4277	1,0508	0,1689	0						
BEL	1,2355	1,8156	1,259	1,9981	1,0645	0,9743	0					
SMA	0,7921	1,3472	0,5157	0,9308	0,6671	0,4922	0,2791	0				
JUJ	0,9103	1,3206	0,8287	1,6764	0,7883	0,6425	1,0649	0,7164	0			
MM	1,7962	1,9775	1,8035	2,3865	2,3388	2,4907	0,6701	0,7066	0,8	0		
TTG	1,066	1,3399	0,8109	1,6976	1,0087	1,023	1,3724	0,8954	0,7261	1,1492	0	
LQ	1,9972	2,1206	2,0553	2,5834	2,8597	2,9412	0,9468	0,9071	0,6791	0,1923	1,154	0

Tabla 3.7. Distancias de Nei entre pares de localidades.

Destacados en rojo, los valores que dan origen a las principales barreras genéticas.

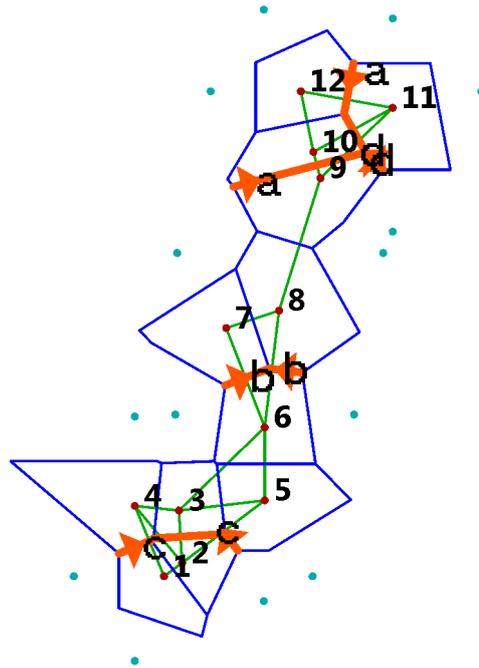


Figura 3.5. Barreras genéticas identificadas con el programa Barrier 2.2.

Localidades: 1= Mendoza, 2= Villa Tulumaya, 3= San Juan, 4= Calingasta, 5= Chepes, 6= La Rioja, 7= Belén, 8= Santa María, 9= SS de Jujuy, 10= Maimará, 11= Tartagal, 12= La Quiaca. Las letras del alfabeto indican el orden de prioridad de las barreras.

### 3.3.4 ANÁLISIS GEOGRÁFICO DE LA DISTRIBUCIÓN DE FRECUENCIAS DE LINAJES

Los métodos empleados supra permiten analizar en forma conjunta toda la información disponible y de esta manera nos acercan un panorama general de la variabilidad genética actual. Un análisis más fino teniendo en cuenta la variabilidad y distribución particular de cada uno de los linajes es sin embargo necesario para comprender a qué responden estos patrones generales. La sección siguiente se ocupará de describir e interpretar la frecuencia, variabilidad y distribución de los linajes más conspicuos, que explican en gran medida el agrupamiento de las poblaciones y las barreras definidas. La presencia compartida de linajes permite diferenciar cuatro regiones limitadas por dichas barreras (Figura 3.6). Estas cuatro regiones no son necesariamente excluyentes sino que representan conjuntos cuya relación mutua puede ser de exclusión (regiones I y II; III y IV) de pertenencia (la Región I pertenece a la región III) o de intersección (la Región III comparte con la Región II algunas localidades). En el Anexo 7.2.5 se listan los puntos geográficos definidos para la interpolación de frecuencias a nivel sudamericano, se indican las poblaciones incluidas dentro de cada uno y la fuente bibliográfica.

En el Anexo 7.2.6 se expresan las frecuencias poblacionales utilizadas para confeccionar los mapas de distribución de linajes.

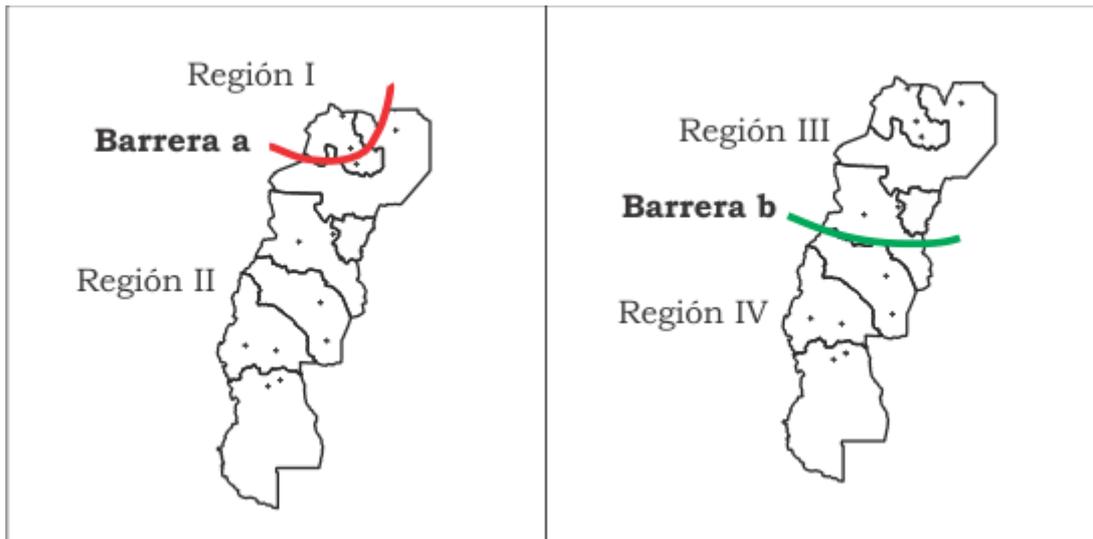


Figura 3.6. Regiones geográficas concordantes con los patrones de distribución de linajes.

### 3.3.4.1 Región I

Tanto el Análisis de Componentes Principales como las barreras para el flujo génico identificadas, concuerdan en señalar la particularidad de las localidades de Maimará y La Quiaca. En esta sección presentamos la distribución a nivel sudamericano de los linajes que confieren una distinción a estas dos localidades.

#### B2+16188

El linaje definido por la mutación 16188 dentro del haplogrupo B2 incluye a 66 muestras (6% de un total de 1108 muestras analizadas) que representa el 17% de las muestras de La Quiaca y 12% de las muestras de Maimará, seguido de cerca por un 9% para la ciudad de San Salvador de Jujuy. La red de haplotipos del linaje (Figura 3.7) refuerza su preponderancia en las localidades de Maimará y La Quiaca ya que en éstas, no sólo la frecuencia es mayor, sino también la variabilidad. Se observa una gran diversidad, con numerosas ramificaciones y haplotipos alejados del nodal por hasta cinco mutaciones, señal de una cierta profundidad temporal. Resulta interesante destacar que son muy pocos los haplotipos faltantes, indicando que la diferenciación del haplotipo se habría dado *in situ*, es decir que este linaje tiene una gran antigüedad en la provincia de Jujuy.

El mapa de la distribución sudamericana de este linaje (Figura 3.8) muestra que la mayor frecuencia se encuentra en La Paz, Bolivia (Afonso y col. 2010; Gaya-Vidal y col. 2011); sin embargo la red de haplotipos presentes en la Argentina no se corresponde con la de un área marginal, sino que la diversidad y la presencia de haplotipos intermedios apuntan a considerar este territorio como parte del área central de origen y diversificación del linaje. En el mismo sentido apunta la presencia

geográficamente restringida y en relativamente alta frecuencia de un haplotipo privado en Santa María.

En el territorio argentino la frecuencia es alta en la provincia de Jujuy y se observa también el efecto de las migraciones hacia los centros de atracción económica en términos de la configuración geopolítica actual, es decir hacia las provincias de Mendoza y Buenos Aires que ofrecen mayores y mejores oportunidades de trabajo y atraen población de las provincias menos favorecidas del NOA.

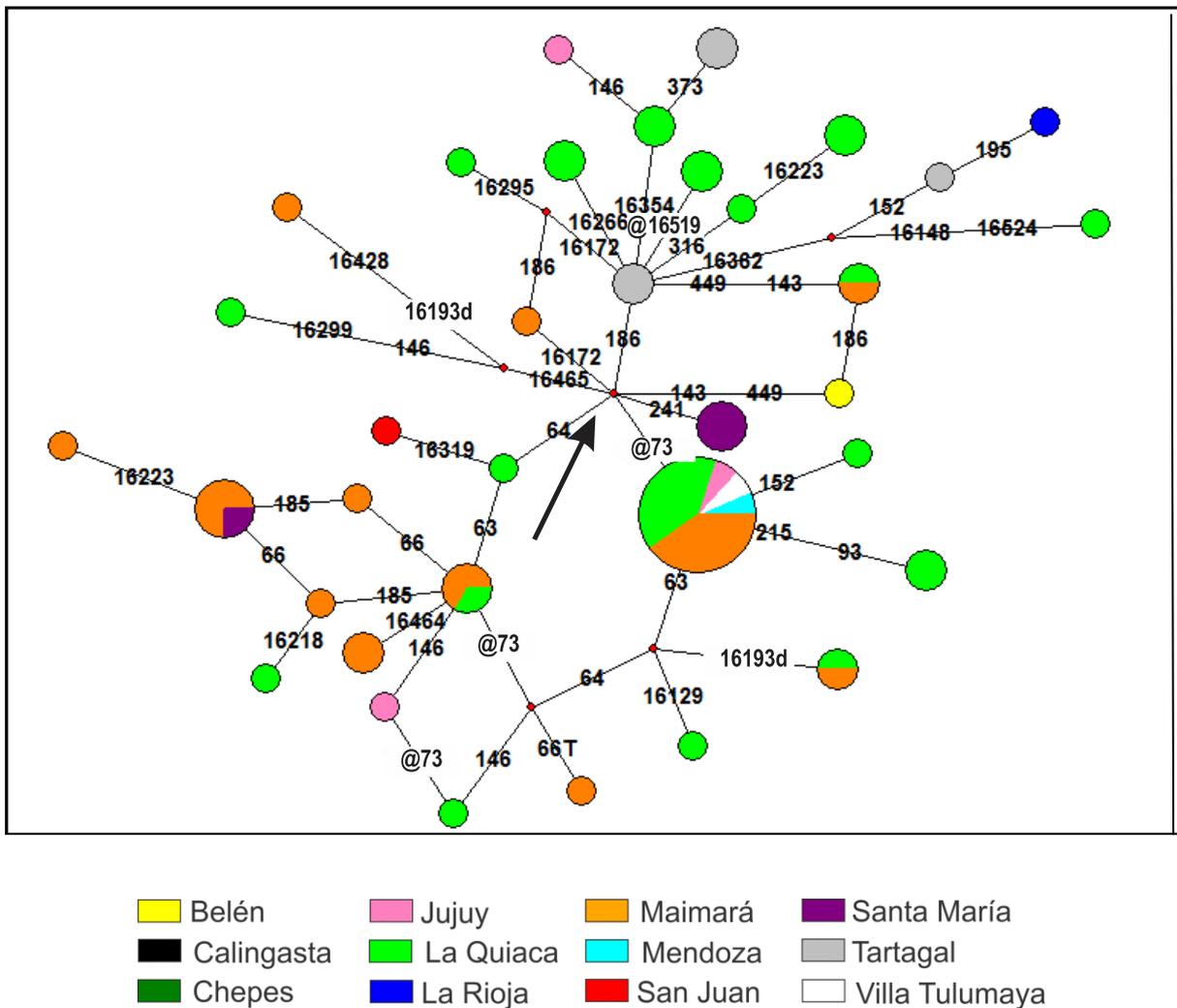


Figura 3.7. Red de haplotipos correspondientes al linaje B2+16188.

La flecha señala al haplotipo nodal del clado.

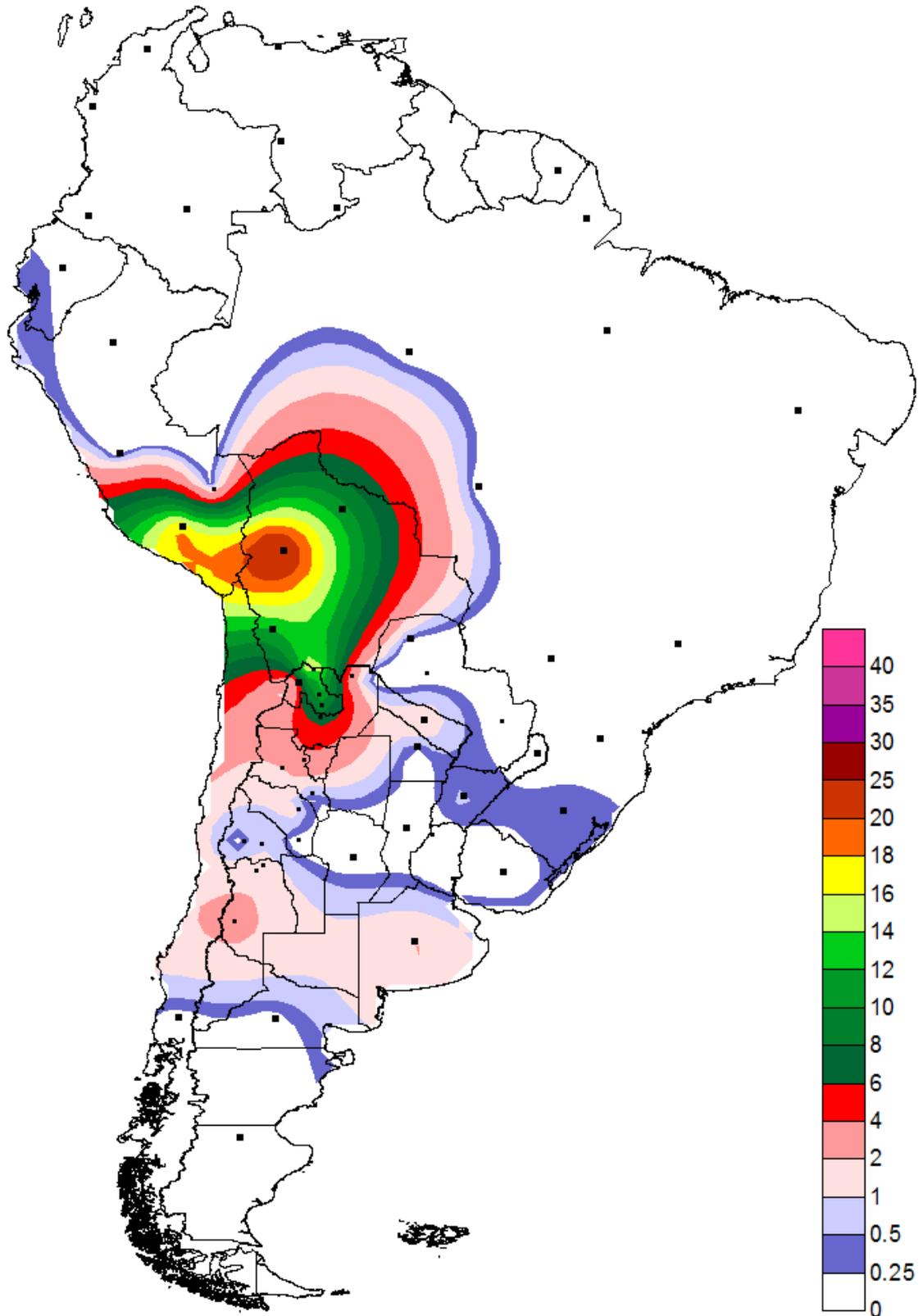


Figura 3.8. Distribución geográfica del linaje B2+16188.

Acompañando al linaje B2+16188, se distinguen una serie de linajes cuya distribución es similar, en general se trata de linajes correspondientes a B2, pero también los hay dentro de A2, C1c, C1d y D1 (Figuras 3.9, 3.10 y 3.11). Cada uno de estos 13 linajes se encuentra en baja frecuencia, en general representado únicamente por dos o tres muestras en cada localidad, pero en conjunto suman 16% de las muestras correspondientes a La Quiaca y 20% de las muestras de Maimará. Cabe señalar que algunos de estos linajes también se encuentran representados en las localidades de Mendoza y Villa Tulumaya donde alcanzan un 2% y 3% respectivamente. Este patrón es atribuible al efecto de las migraciones recientes hacia los centros de atracción económica. La presencia de estos linajes en Mendoza y Villa Tulumaya y no así en San Juan y Calingasta, podría contribuir a la explicación de la presencia de una barrera genética (barrera c) entre las localidades mendocinas y sanjuaninas, esta diferencia no sería atribuible a la diversidad genética prehispánica sino al efecto de las desigualdades regionales en el desarrollo económico actual.

A nivel sudamericano, la mayoría de estos linajes muestran un vínculo claro con el norte de Chile y el oeste boliviano, en especial con la ciudad de La Paz, del mismo modo como ocurría con B2+16188. En algunos casos el vínculo se extiende hasta Perú o incluso Colombia, Venezuela y Brasil. Sin embargo, en los casos en que la distribución es disyunta y el linaje está definido por una mutación altamente recurrente como 16111, lo más probable es que se trate de la ocurrencia independiente de la misma mutación en distintos linajes.

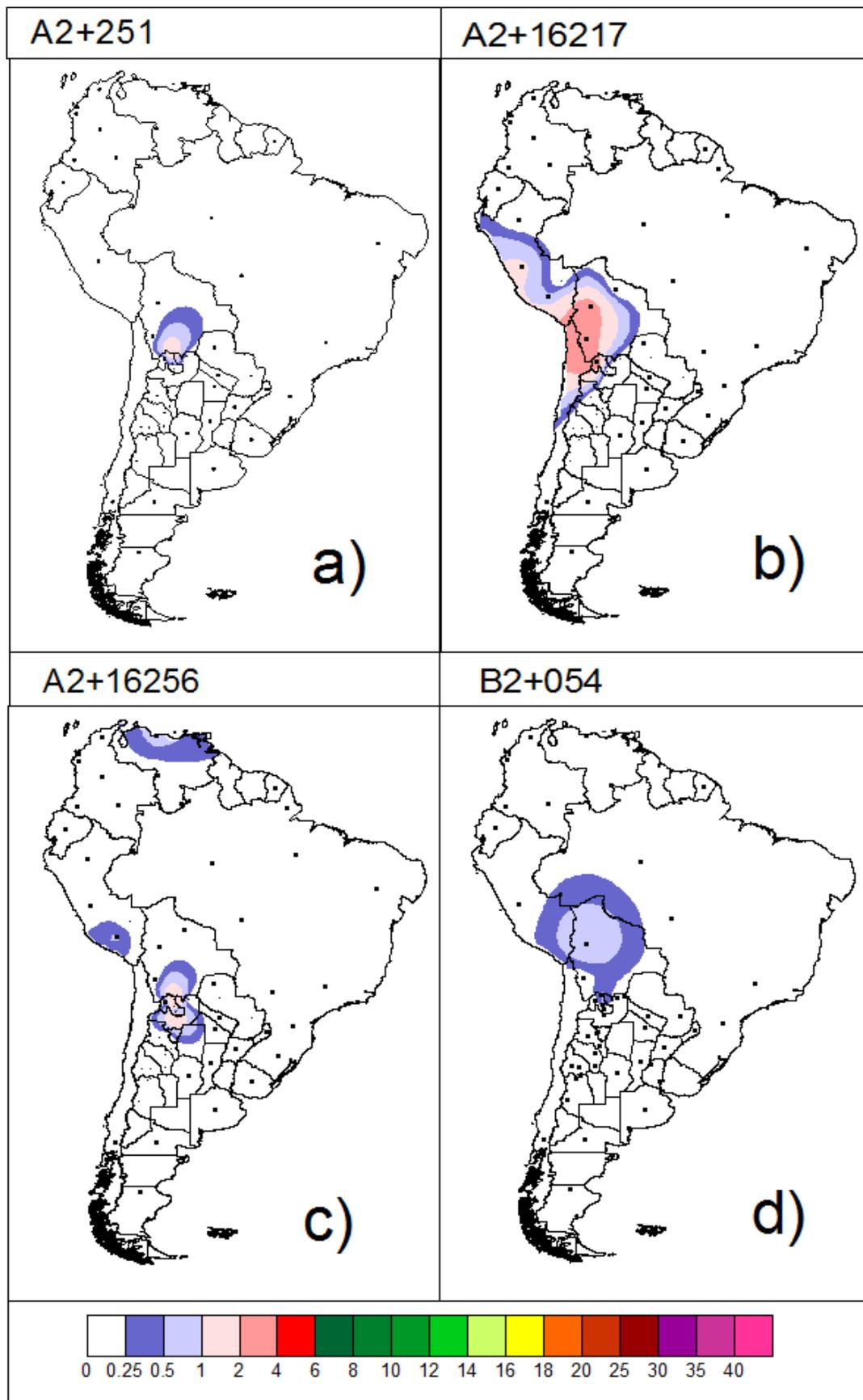


Figura 3.9. Distribución geográfica de linajes propios de la Región I (a-d).

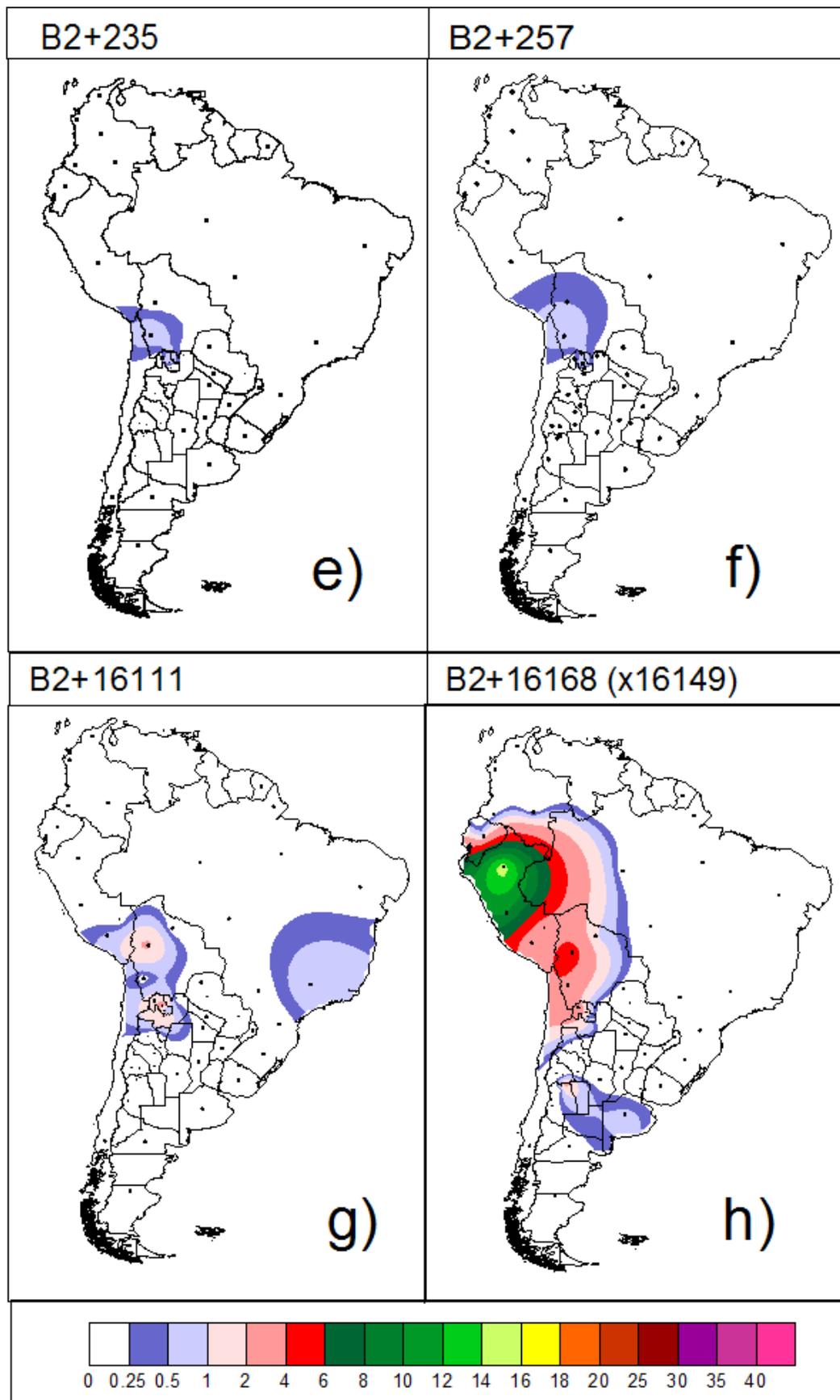


Figura 3.10. Distribución geográfica de linajes propios de la Región I (e-h).

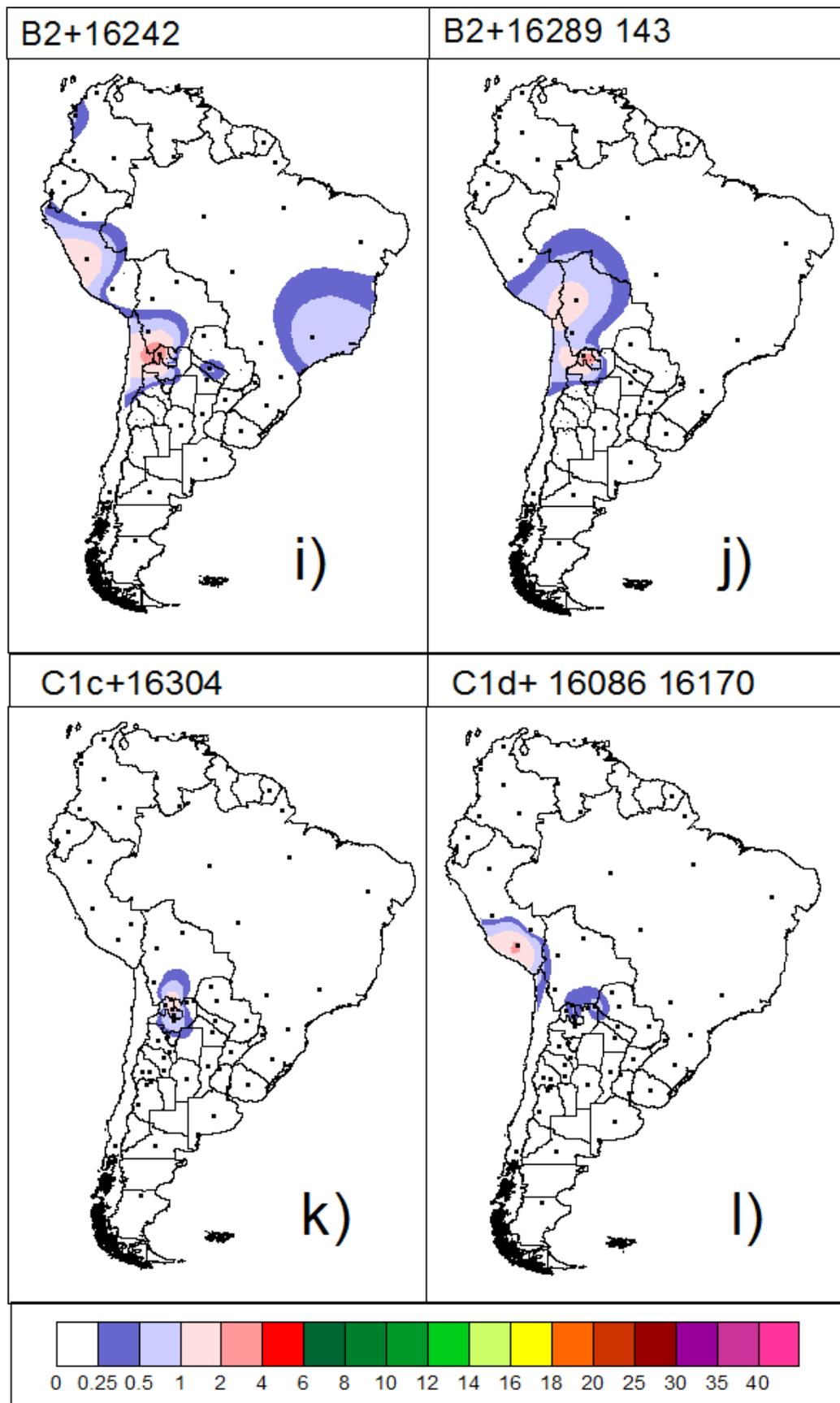


Figura 3.11. Distribución geográfica de linajes propios de la Región I (i-l).

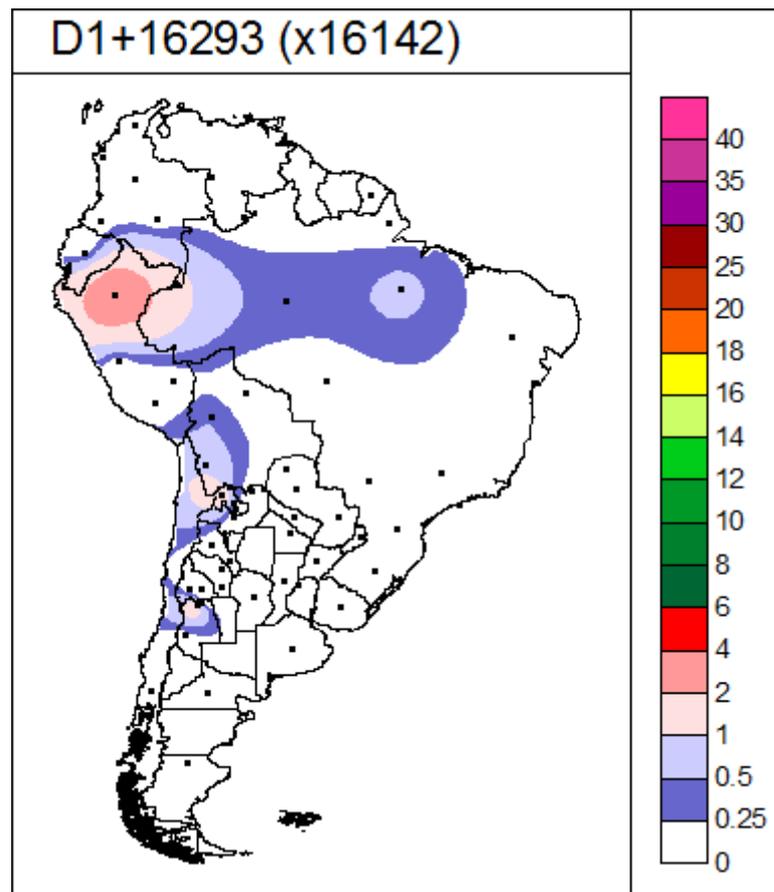


Figura 3.12. Distribución geográfica del linaje D1+16293 (x16142).

### 3.3.4.2 Región II

Esta región queda definida por la exclusión de las localidades de Maimará y La Quiaca. Esto no implica, por ejemplo, que las localidades de Jujuy y Villa Tulumaya sean más semejantes entre sí, que Jujuy y Maimará, pero sí pueden identificarse linajes cuya distribución unifica a localidades de ambos extremos de la región. Cinco de los diez linajes con mayor frecuencia analizados en esta tesis, corresponden a esta región.

#### D1+ 152-16242-16311 (D1j)

Con 106 muestras éste linaje constituye el más abundante entre las muestras analizadas, comprendiendo al 9 % de las 1108 muestras con ADNmt nativo americano. Alcanza la máxima frecuencia en la localidad de La Rioja donde representa 45% de los linajes nativos.

La red de haplotipos (Figura 3.13) presenta forma de estrella, con gran cantidad de muestras correspondientes al haplotipo nodal y las ramas separadas por pocas mutaciones y, en la mayoría de los casos, una sola mutación. Nótese que el microsatélite AC en la posición 524 es la mutación que separa a los dos “nodales”. La característica rapidez de mutación de los microsatélites permite

mantener la consideración de una configuración en estrella para esta red. Por otra parte, la ocurrencia de 3 deleciones y tres inserciones en la región comprendida entre las posiciones 55 y 77 es considerada un único evento, manteniendo así la coherencia respecto de los pocos eventos mutacionales que separan a los haplotipos que se desprenden del nodal. La casi total ausencia de haplotipos faltantes y la gran cantidad de haplotipos nodales, indica que estamos abarcando el rango de distribución del linaje en el área de muestreo y que este linaje no ha sufrido un cuello de botella desde su origen. Debido a la variabilidad de la tasa mutacional intersitio en las regiones hipervariables, no creemos pertinente arriesgar una antigüedad en años para este linaje, pero las ramas cortas que separan a los haplotipos que se desprenden del nodal, indican que se trata de un linaje relativamente reciente. Las muestras pertenecientes a este linaje, secuenciadas en forma completa por Tamm y col. (2007), comparten la una transición en la posición 5004. A nivel sudamericano se distribuye en forma casi exclusiva en el centro de Argentina con muy baja frecuencia en zonas aledañas (Figura 3.14).

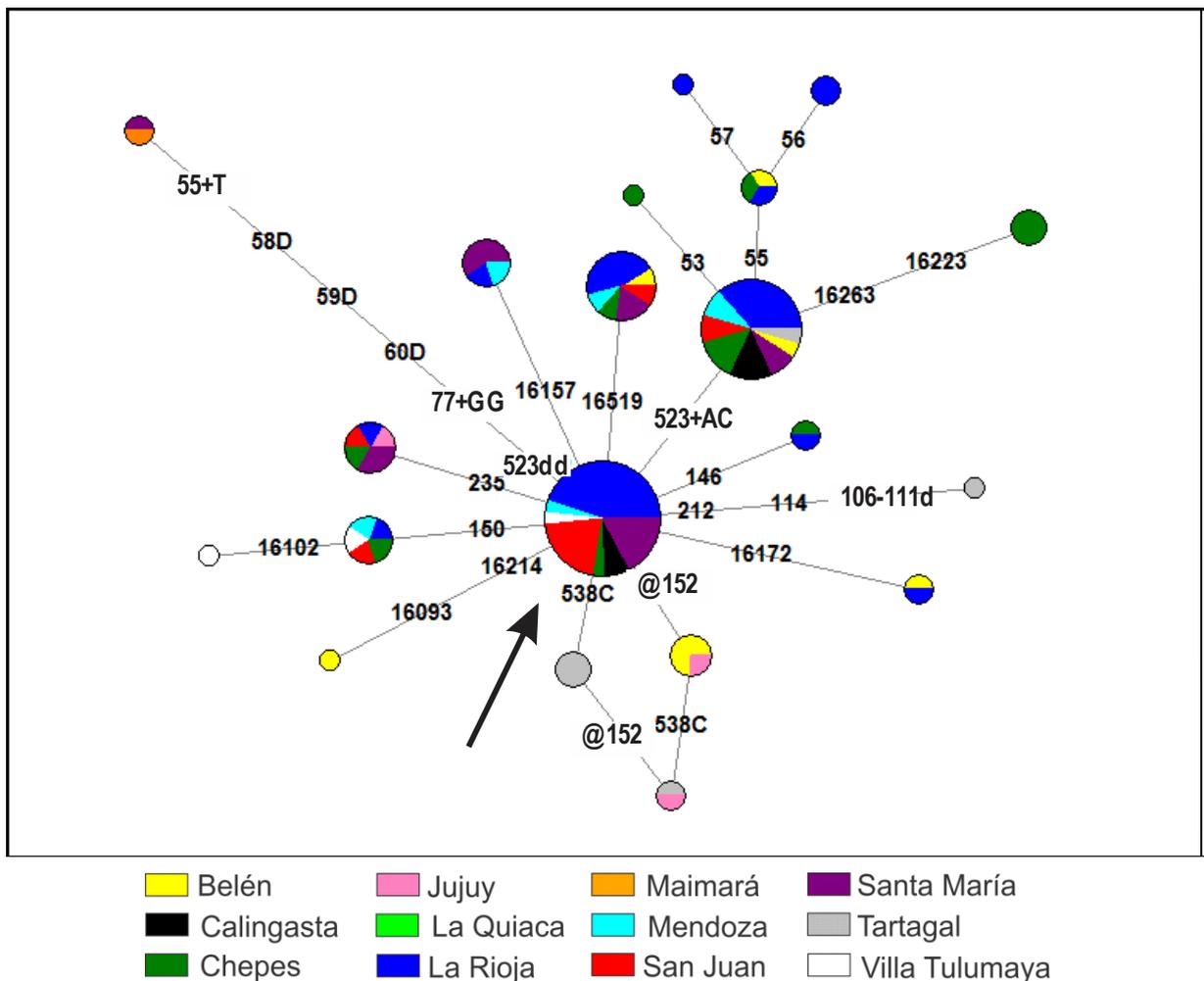


Figura 3.13. Red de haplotipos pertenecientes a D1 + 152 16242 16311 (D1j).

La flecha señala al haplotipo nodal del clado.

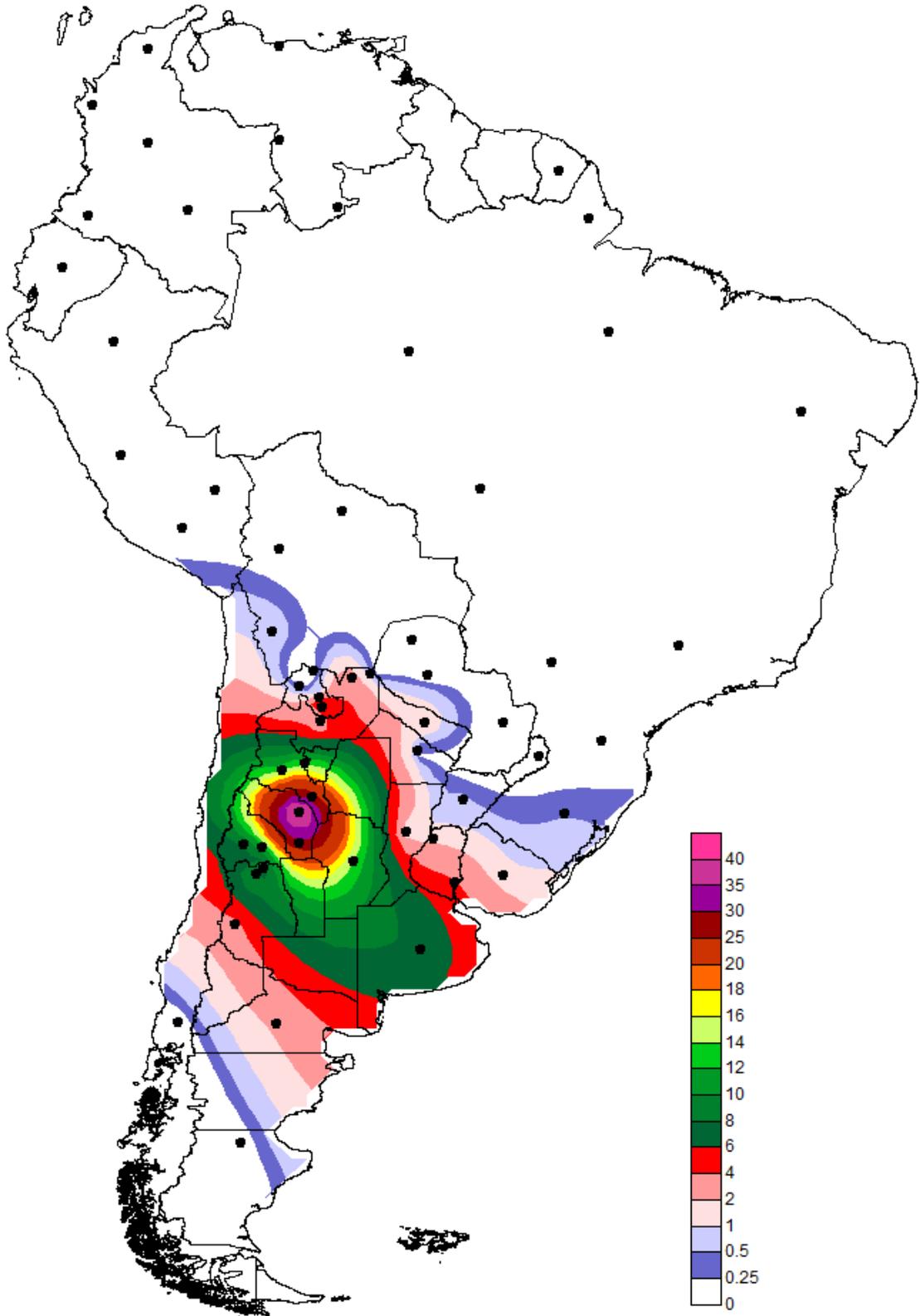


Figura 3.13. Distribución geográfica del linaje D1+ 152 16242 16311 (D1j).

### C1b+146

A pesar de que la posición 146 es un sitio identificado como altamente variable, la coherencia geográfica que presenta en el territorio argentino, permite sustentar la hipótesis de que existe un linaje monofilético dentro de C1b, identificado en la Región Control únicamente por una transición en la posición 146. Sin embargo, es necesario mantener la precaución de excluir de este linaje a aquellos haplotipos que presenten alguna de las otras mutaciones señaladas como diagnósticas dentro de C1b (16092, 16192, 258). Por información de secuencias completas publicadas en Tamm y col. (2007) se conoce que las muestras C1b con 146 en Argentina (Salta, Catamarca y Tucumán) presentan una transición en la posición 12813, lo cuál apoya la hipótesis de monofilia extendida a las muestras que no han sido secuenciadas en forma completa. En el territorio que nos ocupa, este linaje está representado por 47 muestras y constituye el cuarto linaje en importancia alcanzando el 4% del total de las muestras. Las frecuencias más altas se encuentran en Chepes, San Juan y La Rioja con 11%, 10% y 9% respectivamente.

A nivel sudamericano las muestras de Colombia y Argentina C1b+146 no comparten mutaciones en la región codificante. Sobre los linajes de Perú y el norte de Bolivia no hay información adicional, de manera que no es posible, por el momento, discernir si están emparentados con los de Colombia o con los de Argentina. Los linajes de Potosí (Bolivia) y los del sur patagónico comparten con los del centro-norte de Argentina, además de 146, la mutación 16519. En el centro y norte de Argentina se diferencia además un sub grupo que comparte la mutación 16136. En caso de tratarse efectivamente de un mismo linaje, los mapas de distribución sudamericana (Figura 3.15) muestran cómo los linajes derivados tienen una distribución espacial más acotada que los linajes ancestrales, esto permite proponer un modelo de amplia distribución inicial de un linaje que luego se habría diferenciado en forma local con la aparición de linajes derivados que adquirieron mayor frecuencia en determinadas regiones. A pesar de que las mayores frecuencias se concentran en el centro-oeste del territorio argentino, la red de haplotipos (Figura 3.16) muestra la existencia de gran variedad de haplotipos en la ciudad de Tartagal, contrariamente a lo que sería esperado para un área periférica de expansión de un linaje. Por lo tanto, este linaje refuerza la idea de unidad territorial para la denominada Región II, vinculando a las localidades más distanciadas desde un punto de vista geográfico.

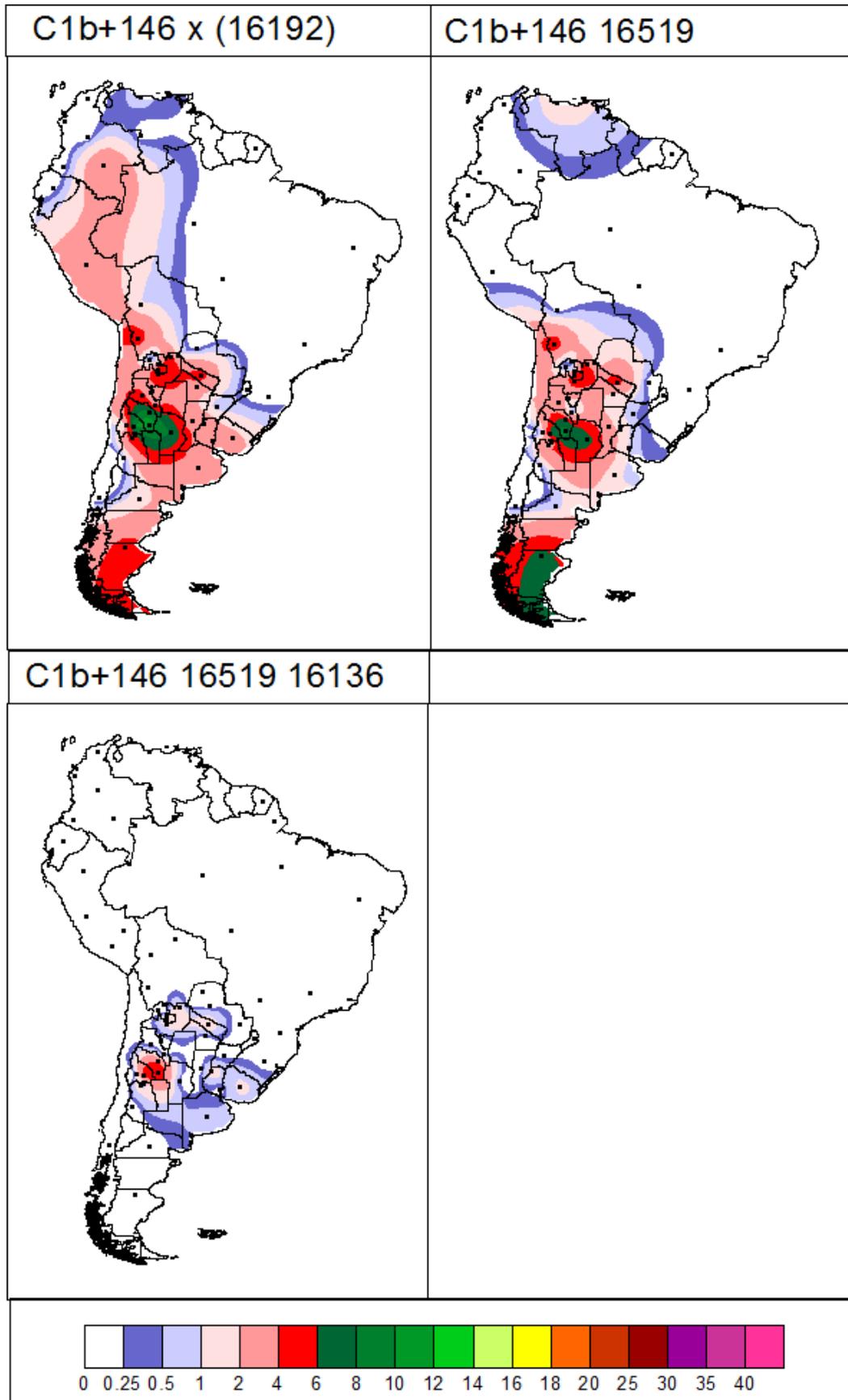


Figura 3.15. Distribución geográfica del linaje C1b+146 y sus linajes derivados.

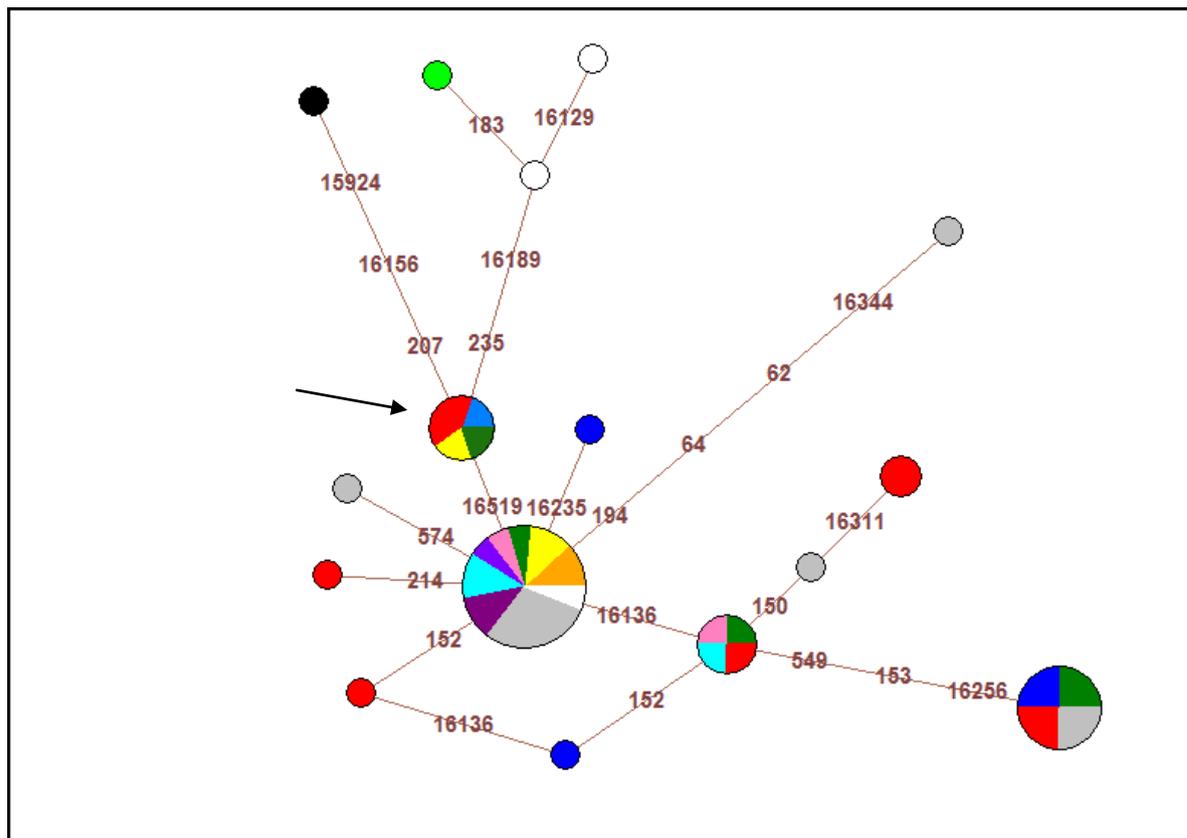


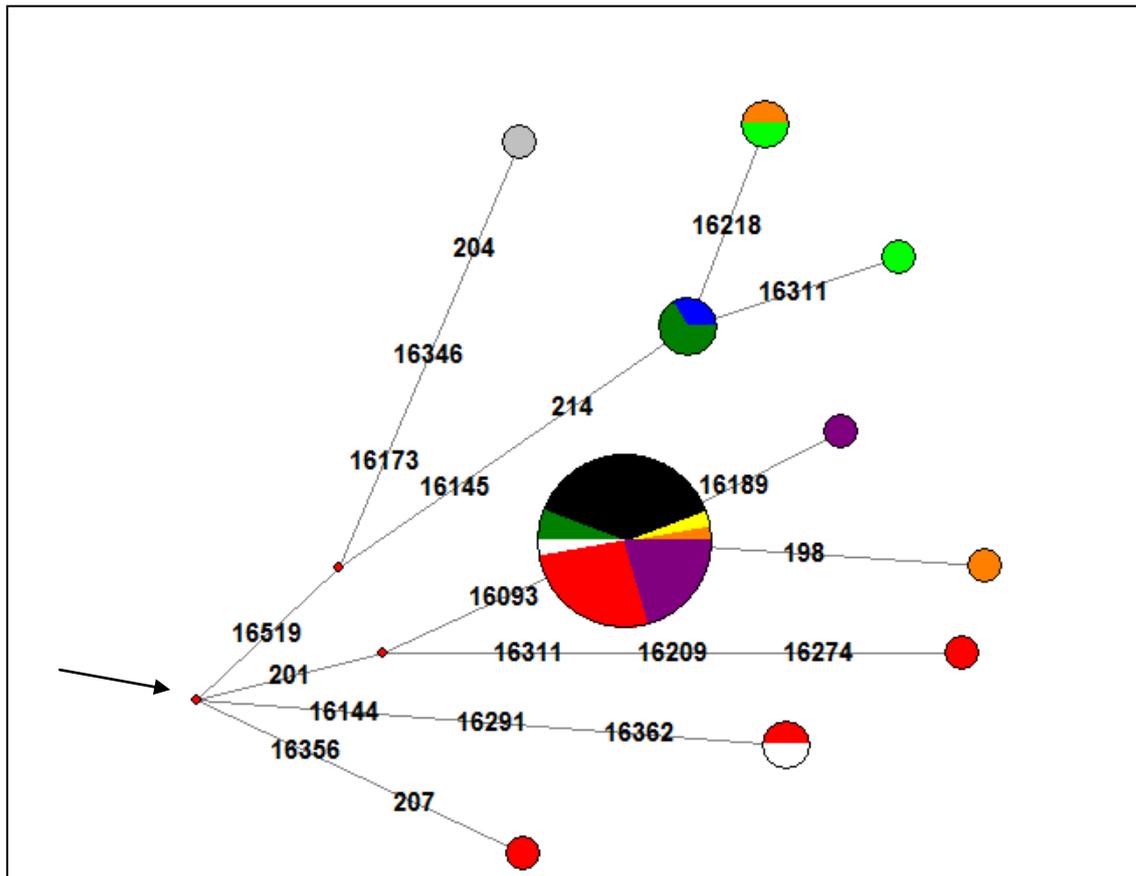
Figura 3.16. Red de haplotipos correspondientes al linaje C1b+146.

La flecha señala al haplotipo nodal del clado.

#### C1b+16192

Con 47 muestras, C1b+16192 comparte con el linaje C1b+146, el cuarto lugar en importancia entre las muestras analizadas en esta tesis. Se distribuye en toda la porción norte de Argentina con mayor frecuencia en el oeste, también se lo encuentra en el norte de Bolivia, centro de Perú y Norte de Colombia (Figura 3.18). Alcanza el pico más elevado de frecuencia en la localidad de Calingasta, donde representa 20% de las muestras. En este caso la mayor frecuencia no se corresponde con la mayor variabilidad, ya que las 13 muestras de Calingasta pertenecientes a este linaje, corresponden al mismo haplotipo (Figura 3.17). De modo que no puede proponerse a la región del oeste de San Juan como lugar de origen del linaje, sino que la alta frecuencia debe ser atribuida a un fenómeno de aislamiento propio de una localidad pequeña. Por otra parte, el sublinaje C1b+16192-16093 tiene una amplia distribución que incluye a Perú. En Colombia, las muestras C1b con la

mutación 16192 aparecen asociadas en la mayoría de los casos a otras dos mutaciones en la RHV-I: 16066 y 16311, en la RHVII a 146 y 275, y en la Región Codificante presentan las mutaciones 5600 y 6872. En este caso no se trataría del mismo linaje monofilético ya que hay muchas secuencias colombianas con dichos polimorfismos en Región Codificante pero sin la mutación en la posición 16192. Por el contrario, las muestras de Perú, Bolivia y Argentina comparten las mutaciones 16093, 16145 o 16362 reafirmando la hipótesis de monofilia.



- |  |   |  |  |
|--|---|--|--|
| <span style="display: inline-block; width: 15px; height: 10px; background-color: yellow; border: 1px solid black;"></span> Belén     | <span style="display: inline-block; width: 15px; height: 10px; background-color: pink; border: 1px solid black;"></span> Jujuy      | <span style="display: inline-block; width: 15px; height: 10px; background-color: orange; border: 1px solid black;"></span> Maimará | <span style="display: inline-block; width: 15px; height: 10px; background-color: purple; border: 1px solid black;"></span> Santa María   |
| <span style="display: inline-block; width: 15px; height: 10px; background-color: black; border: 1px solid black;"></span> Calingasta | <span style="display: inline-block; width: 15px; height: 10px; background-color: green; border: 1px solid black;"></span> La Quiaca | <span style="display: inline-block; width: 15px; height: 10px; background-color: cyan; border: 1px solid black;"></span> Mendoza   | <span style="display: inline-block; width: 15px; height: 10px; background-color: gray; border: 1px solid black;"></span> Tartagal        |
| <span style="display: inline-block; width: 15px; height: 10px; background-color: darkgreen; border: 1px solid black;"></span> Chepes | <span style="display: inline-block; width: 15px; height: 10px; background-color: blue; border: 1px solid black;"></span> La Rioja   | <span style="display: inline-block; width: 15px; height: 10px; background-color: red; border: 1px solid black;"></span> San Juan   | <span style="display: inline-block; width: 15px; height: 10px; background-color: white; border: 1px solid black;"></span> Villa Tulumaya |

Figura 3.17. Red de haplotipos pertenecientes al linaje C1b + 16192.

La flecha señala al haplotipo nodal del clado.

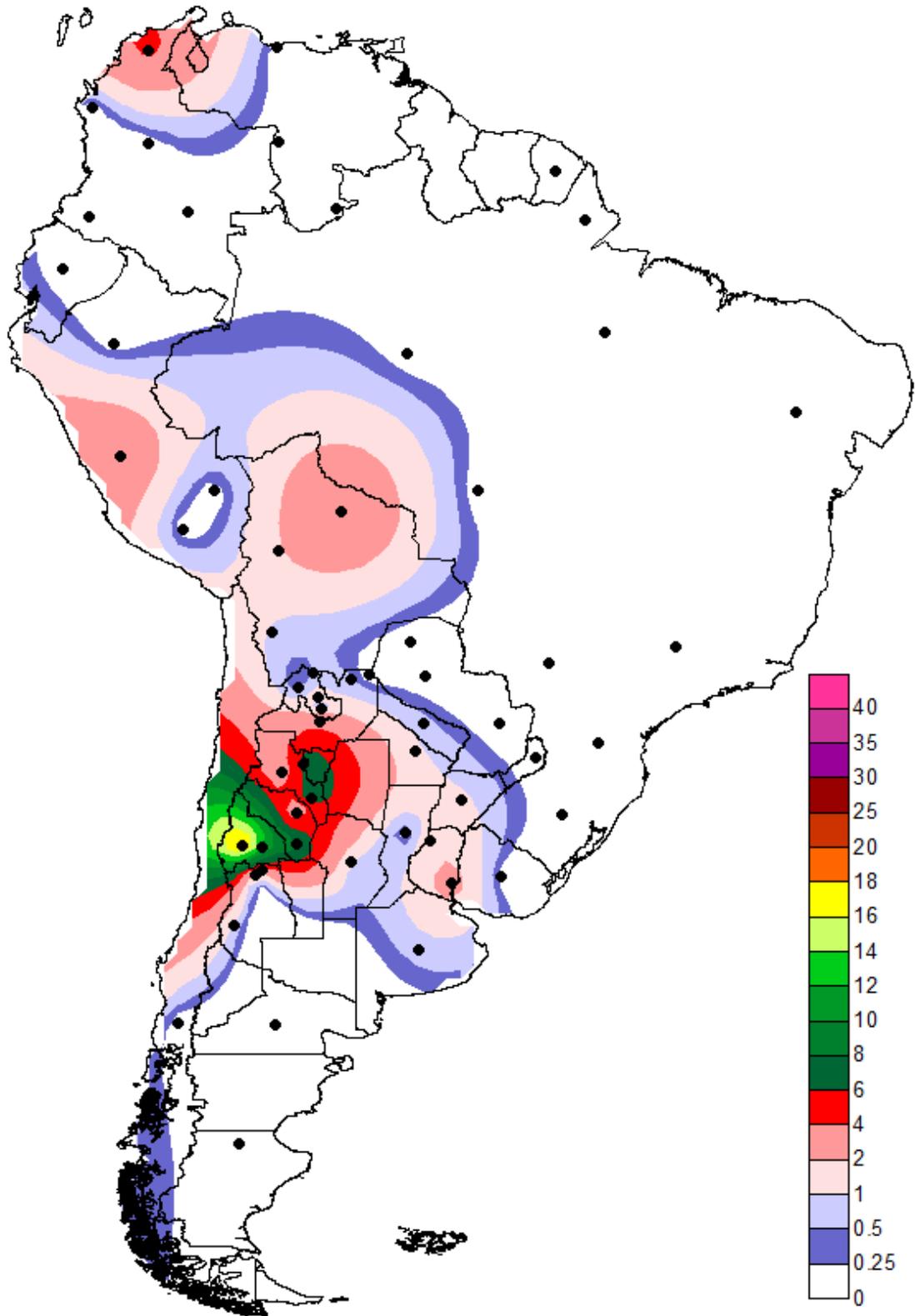


Figura 3.18. *Distribución geográfica del linaje C1b+16192.*

### C1d+195 (C1d1b)

A pesar de que 195 constituye un sitio altamente variable, contamos con elementos para afirmar que, al menos al interior de la región en estudio, las muestras que presentan dicho polimorfismo forman parte de un linaje monofilético. Por un lado, la coherencia geográfica en la distribución del mismo y por otro, la existencia de un clado definido en base a secuencias completas correspondientes al linaje C1d (Perego y col. 2010) que queda definido por los polimorfismos 928 y 195. Este clado recibe el nombre de C1d1b y en el citado trabajo fue reportado únicamente en muestras del sur de Sudamérica. Así mismo, otros polimorfismos en RC descritos en las muestras correspondientes a este linaje, también fueron reportados en el trabajo citado: la reversión de 16223 y 204 dentro de C1d1b1 y la co-ocurrencia de 16271 y 16259 por un lado y de 16519 y 573+CC por otro, dentro de C1d1b.

Entre las muestras analizadas C1d1b representa 3% del total y se encuentra mayormente representado en las ciudades de La Rioja, Santa María y San Juan (9%, 8% y 7%, respectivamente).

A nivel sudamericano, existe una distribución continua con foco en el centro de Argentina y una disminución gradual de la frecuencia hacia el norte y el sur, con valores menores al 1% en el norte de la Patagonia y el Litoral. Entre los países limítrofes sólo se lo ha descrito en Uruguay, donde alcanza 1% (Figueiro y col. 2010 y Figueiro comunicación personal). También se han identificado muestras C1d con una transición en 195 en Caracas, Venezuela (Castro de Guerra y col. 2011) (Figura 3.19). Dada la gran distancia geográfica, no puede descartarse la ocurrencia de un paralelismo, sin embargo, es interesante señalar que son varios los linajes que presentan este patrón de distribución disyunta entre el centro de Argentina y la costa atlántica del Caribe, dejando abierta la posibilidad de que efectivamente se trate de un mismo grupo monofilético.

La red de haplotipos (Figura 3.20) muestra una mayor frecuencia de los haplotipos nodales respecto de los derivados. Las localidades que representan el núcleo central de la distribución comparten haplotipos que incluyen al nodal y a los separados por un paso mutacional, mientras que las localidades de la periferia (San Salvador de Jujuy, La Quiaca, Maimará, Mendoza y Villa Tulumaya) presentan haplotipos externos y alejados del nodal por hasta tres pasos mutacionales.

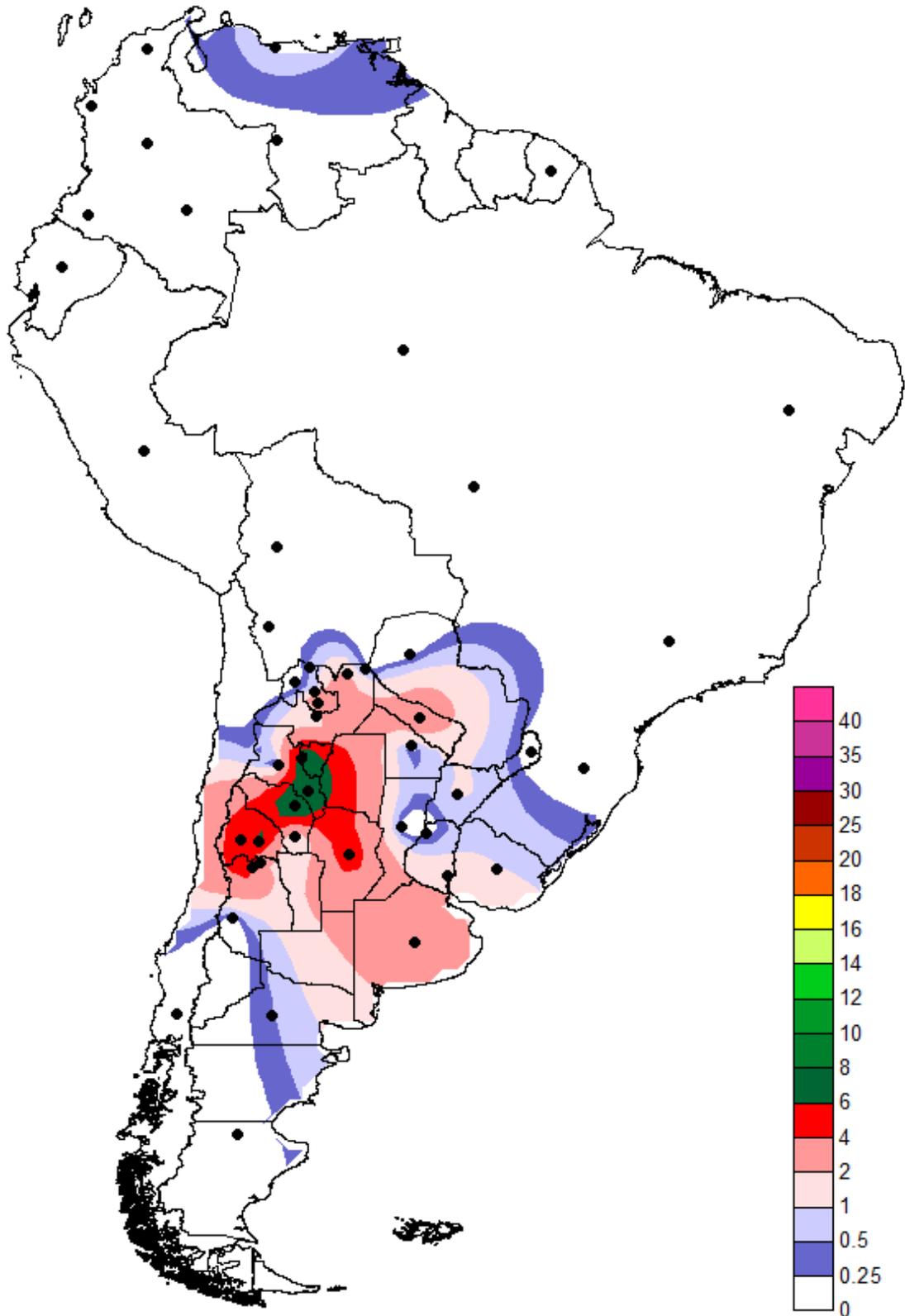


Figura 3.19. Distribución a nivel sudamericana del linaje C1d+195 (C1d1b).

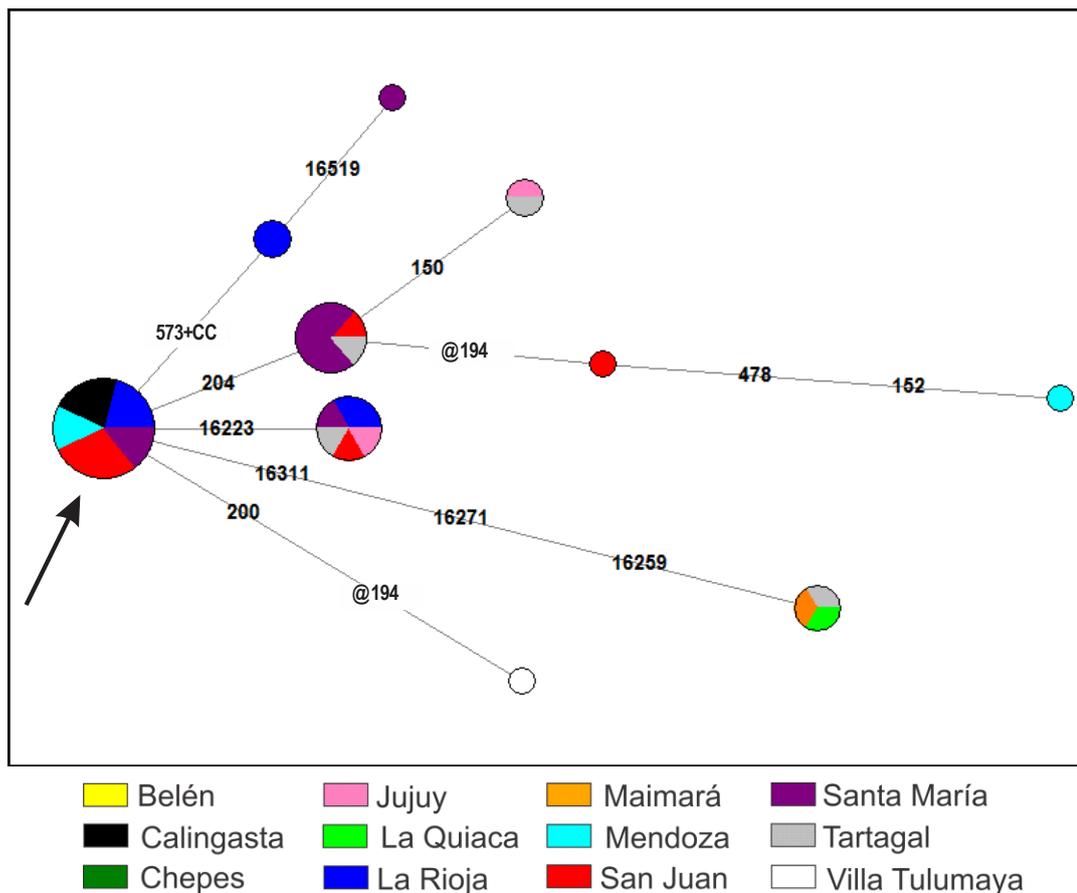


Figura 3.20. Red de haplotipos correspondientes al linaje C1d+195 (C1d1b).

La flecha señala al haplotipo nodal del clado.

### B2+16142

Resulta particularmente interesante puesto que se trata de un linaje dentro del haplogrupo B, cuya mayor frecuencia no se encuentra en el área andina central. Por el contrario, el centro de distribución del mismo parece ubicarse en el centro-oeste del territorio argentino con frecuencias de 7%, 6% y 5% en San Juan, La Rioja y Santa María, respectivamente. No se encuentra representado ni en San Salvador de Jujuy ni en Maimará pero sí en Tartagal y en La Quiaca. No se lo identifica en Bolivia, pero sí en el centro de Perú. Tampoco se extiende hacia la región chaqueña, con excepción de una muestra en Formosa (Bobillo y col. 2010), mientras que hacia el sur alcanza el norte de la Patagonia con una frecuencia del 1% (Figura 3.21).

La red de haplotipos (Figura 3.22) es atípica ya que no está representado el haplotipo nodal, a su vez, presenta un conjunto de haplotipos con alta frecuencia pero poca variabilidad, separados del nodal por cinco pasos mutacionales. Estos haplotipos coexisten en las mismas localidades con los haplotipos que se desprenden directamente del nodal, sin poder apelar a la distancia geográfica para justificar la separación a nivel molecular.

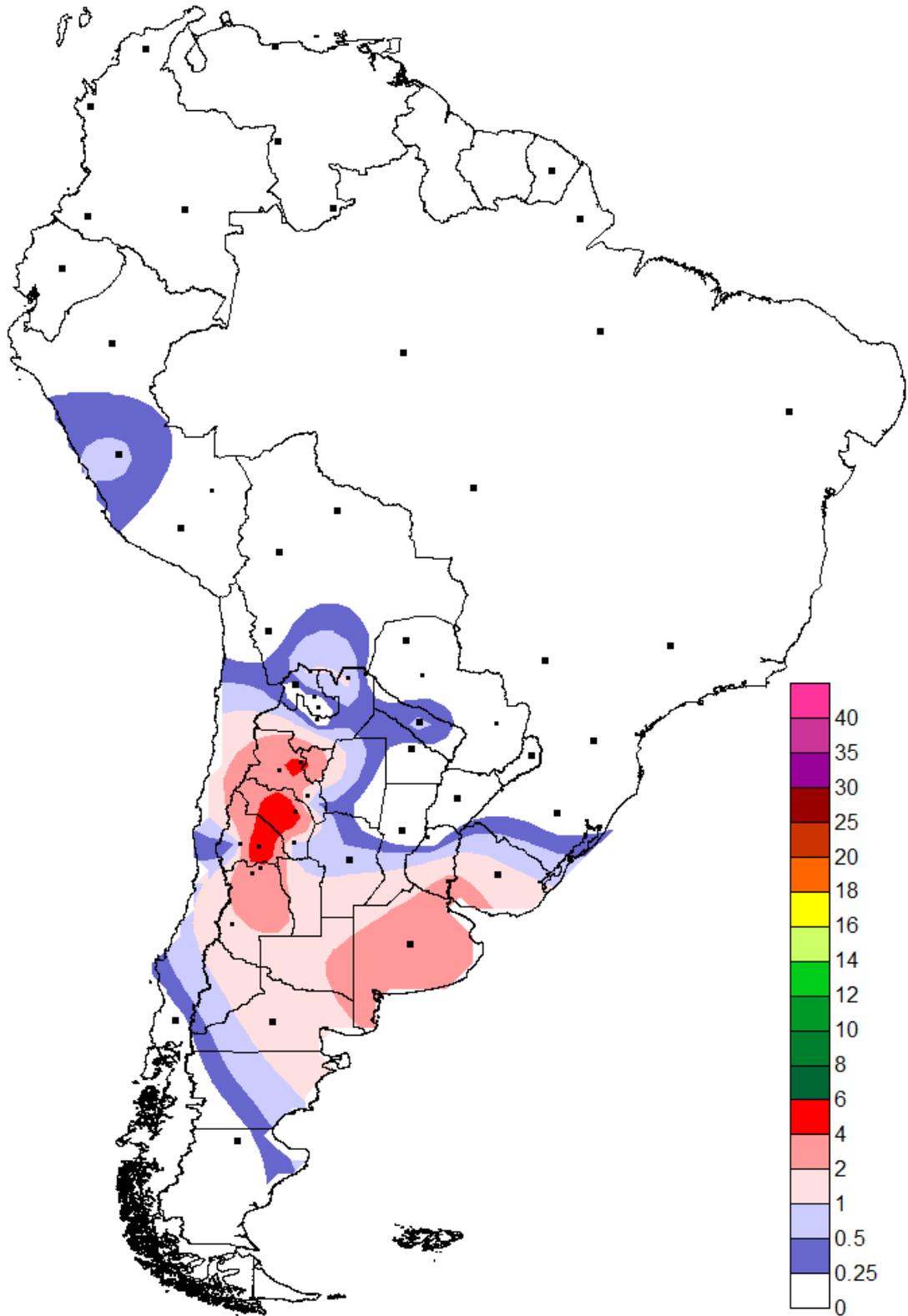


Figura 3.21. *Distribución geográfica del linaje B2+16142.*

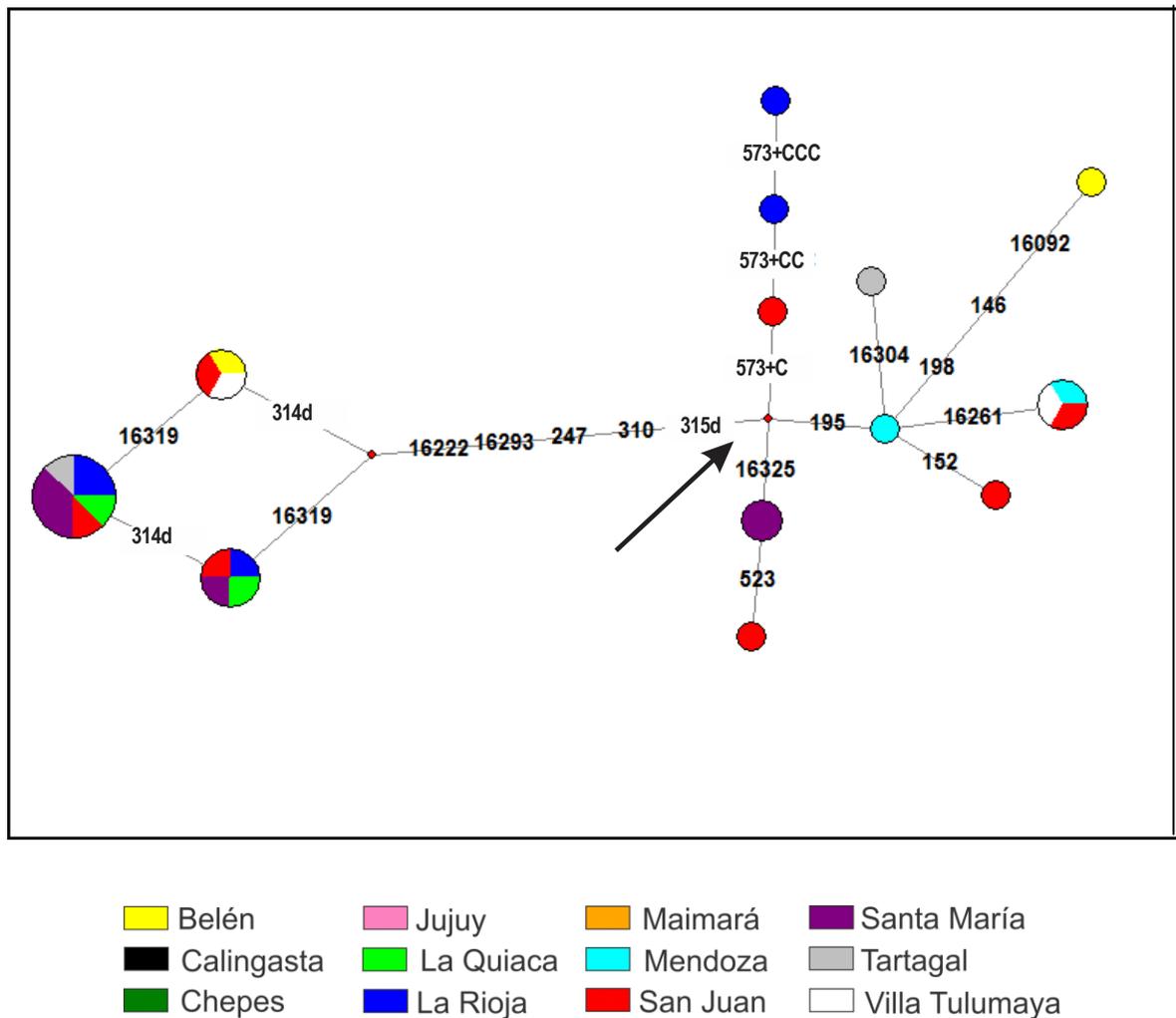


Figura 3.22. Red de haplotipos pertenecientes al linaje B2+16142.

La flecha señala al haplotipo nodal del clado.

### 3.3.4.3 Región III

La Región III tiene como característica saliente al linaje B2+146-215-455+T, otros linajes con baja frecuencia comparten con el mismo una distribución central en la Región III. Por otra parte esta región constituye la extensión natural de la Región I, encontrándose linajes cuyo centro de distribución se encuentra en los Andes centrales tal como sucede con el linaje B2+16188 descrito supra y con B2+ 103 y D1+16527. Otra característica destacada es la penetración de linajes propios de las tierras bajas como A2+16051, A2+16266, B2+16051, B2+16140, B2+16316, C1c+16169 y D1+16142 (D1f). En conjunto, estos linajes representan 38 % de las muestras de Belén, 18 % de las de Jujuy, 22,5 % de La Quiaca, 22 % de Maimará, 35 % de Santa María y 20 % de Tartagal.

**B2+146-215-455+T**

Con 70 muestras pertenecientes a este linaje, B2+ 146 215 455+T representa el segundo linaje en orden de importancia en la región en estudio. Su mayor frecuencia corresponde a la localidad de Belén (33%), ubicada en el valle homónimo de la provincia de Catamarca. A nivel sudamericano, el mapa de distribución del linaje se construyó tomando como referencia la presencia conjunta de las mutaciones 146 y 215, ya que son muy pocas las muestras que han sido secuenciadas más allá de la RHV-II. De esta manera se identifica su presencia en elevada frecuencia en el norte de Chile y oeste de Bolivia. La presencia en Buenos Aires, Mendoza, Santa Fe y Río Negro refleja la atracción de los polos económicos actuales (Figura 3.23).

Al observar la red de haplotipos (Figura 3.24), queda en evidencia que la frecuencia alcanzada en Belén es producto del aislamiento local ya que en allí se encuentran pocos haplotipos con altas frecuencias, por el contrario el mayor número de haplotipos se encuentra en las localidades de La Quiaca y Maimará indicando que esta podría ser la región de origen del linaje. La red de haplotipos de este linaje se caracteriza por la inestabilidad en la posición 66. El haplotipo más frecuente no es el nodal, sino el que porta dos mutaciones adicionales en las posiciones 63 y 64. Se observan pocos haplotipos faltantes.

En el trabajo de Tamm y col. (2007) se describen dos muestras con las mutaciones características de este linaje que en región codificante comparten las mutaciones 3483 y 3591.

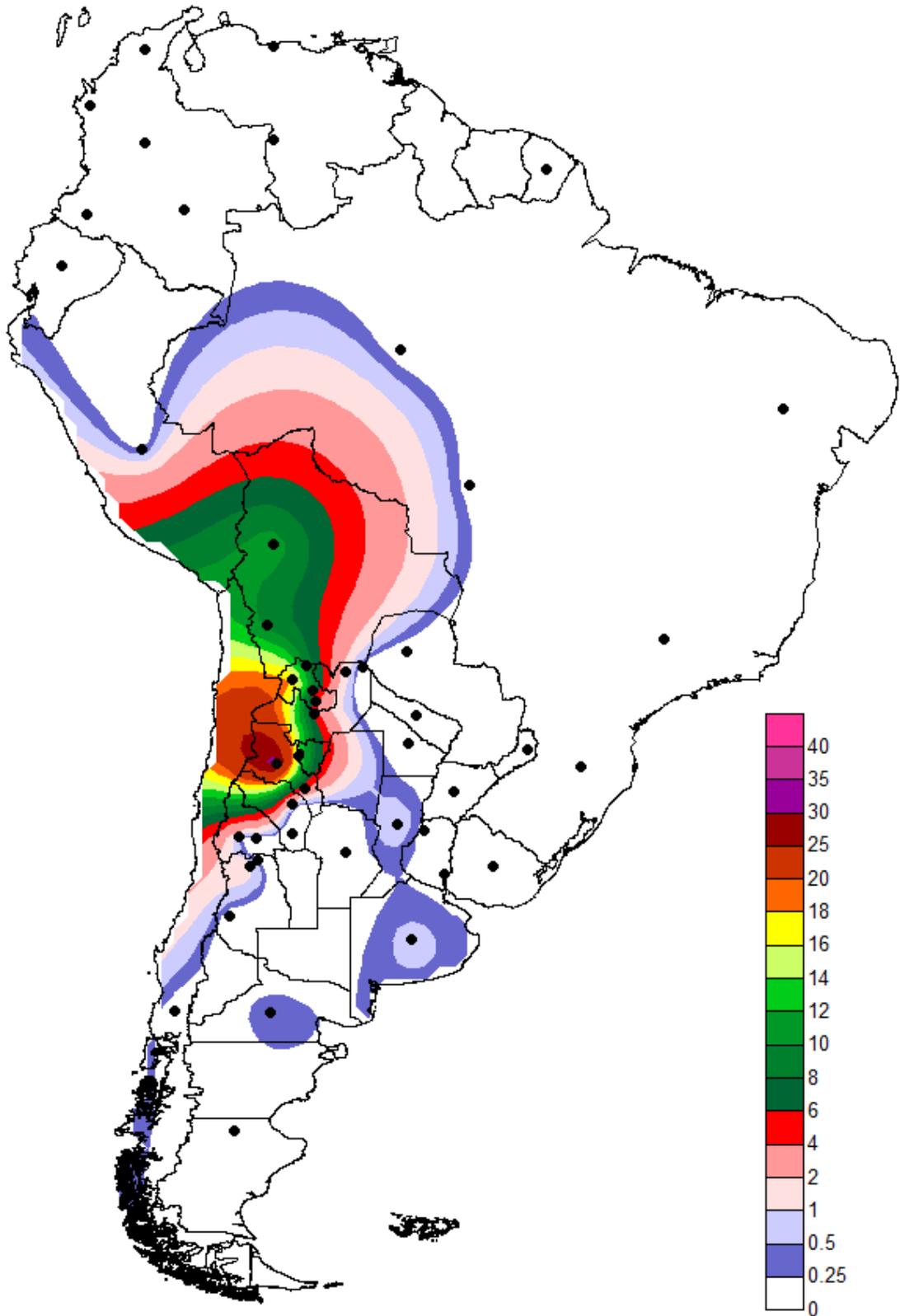


Figura 3.23. Distribución geográfica del linaje B2+146 215 (455+T).

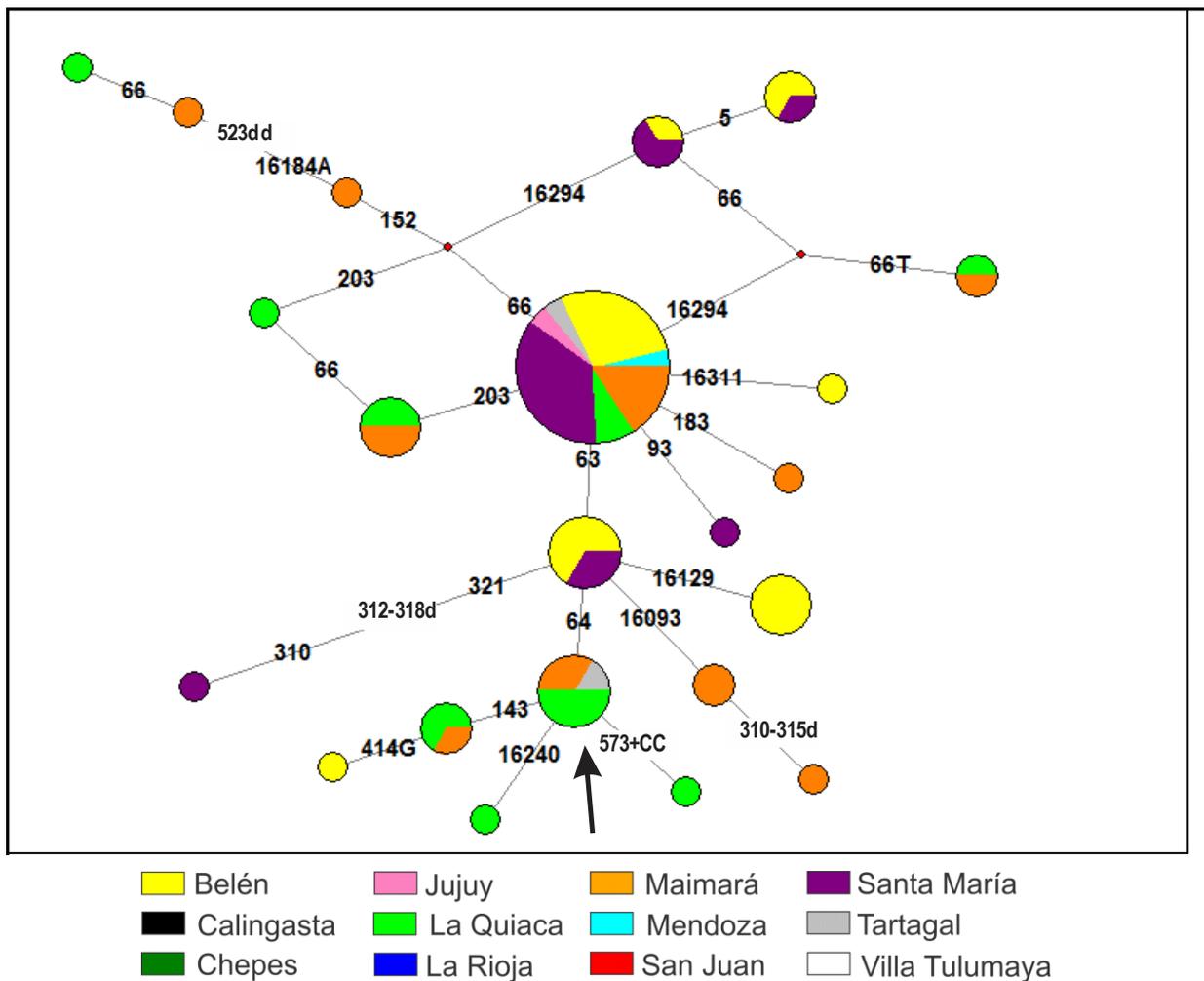


Figura 3.24. Red de haplotipos pertenecientes a B2 + 146 215 455+T.

La flecha señala al haplotipo nodal del clado.

### Linajes con centro de distribución en la Región III

Se trata en general de linajes con mayor frecuencia en Santa María (13% en total) y baja frecuencia en las localidades aledañas; 5 % en Maimará, 3 % en Belén y en Tartagal y 2 % en La Quiaca. La conjunción de las mutaciones 203 y 204 dentro del haplogrupo B2 define a un linaje que está restringido a la Región III (Figura 3.25a), mientras que los restantes linajes señalados se encuentran presentes en las provincias de Mendoza, Buenos Aires y Río Negro, distribución que es interpretada como resultado de migraciones actuales (Figura 3.25 b, c y d). La presencia de B2+16309 y de C1b+16189-16311 en regiones disjuntas de Brasil y Venezuela (Figura 3.25 c y d) plantea la posibilidad de la recurrencia de la mutación y que no se trate de un único linaje, ya que se trata de posiciones altamente variables. Por otra parte D4h3a+16294 está altamente representado en los Santa María (5 %), en con menor frecuencia en el sur de Perú, en La Paz (Bolivia) y en migrantes quechuas asentados en el Beni boliviano (Corella y col. 2007; Sandoval y col. 2008; Afonso y col. 2010), (Figura 3.25 d).

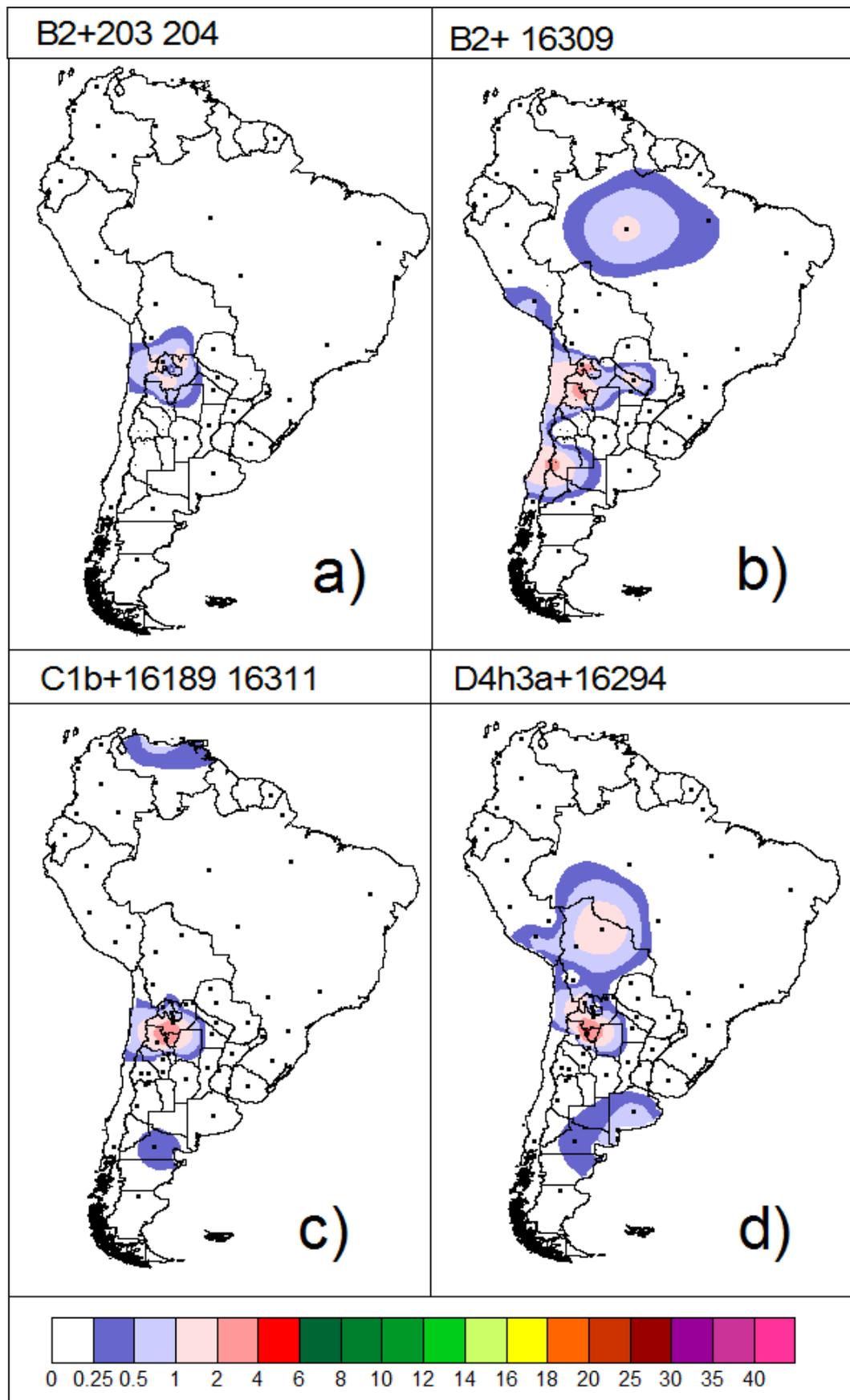


Figura 3.25. Distribución geográfica de linajes con centro de distribución en la Región III (a-d).

### Linajes propios de tierras bajas

En las Figuras 3.26 y 3.27, se observan linajes cuyas mayores frecuencias se encuentran en las regiones del Chaco o del Litoral. Éstas han sido denominadas tradicionalmente Tierras Bajas por oposición a aquellas de los Andes Centrales. En la región que nos ocupa se observa la presencia de estos linajes en especial en las localidades de Tartagal y Jujuy (13% y 12% respectivamente).

Todos estos linajes son compartidos con las provincias del Noreste de Argentina. Algunos de ellos, a pesar de estar representados por pocas muestras en el territorio que es objeto de esta tesis, merecen especial atención por su particular distribución geográfica.

A2+ 16051 es un linaje característico del Chaco austral, con una extensión continua que alcanza la provincia de Rio Negro y el sur de Perú. Por otra parte también se lo identifica en el norte del subcontinente, en la Guyana Francesa y norte de Venezuela.

B2+16140 y B2+16316 constituyen linajes al interior de B2 que no coinciden con el patrón general de este haplogrupo que ostenta mayor frecuencia en los Andes Centrales. Éstos y otros como el mencionado B2+ 16142 en Región II, constituyen un ejemplo de la necesidad de refinar el nivel de análisis a la hora de realizar interpretaciones a nivel regional.

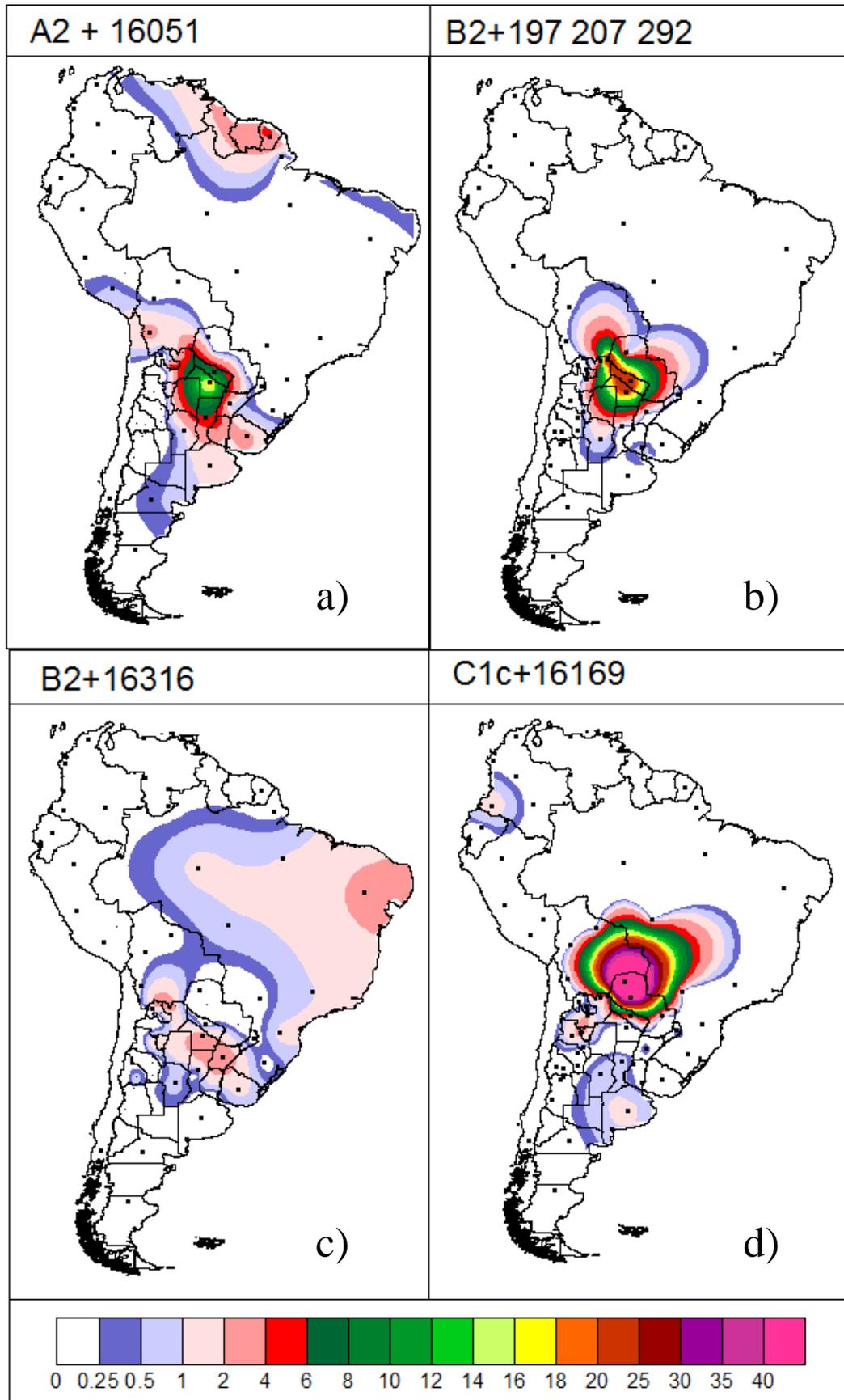


Figura 3.26. Distribución geográfica de linajes propios de la Región III (a-d).

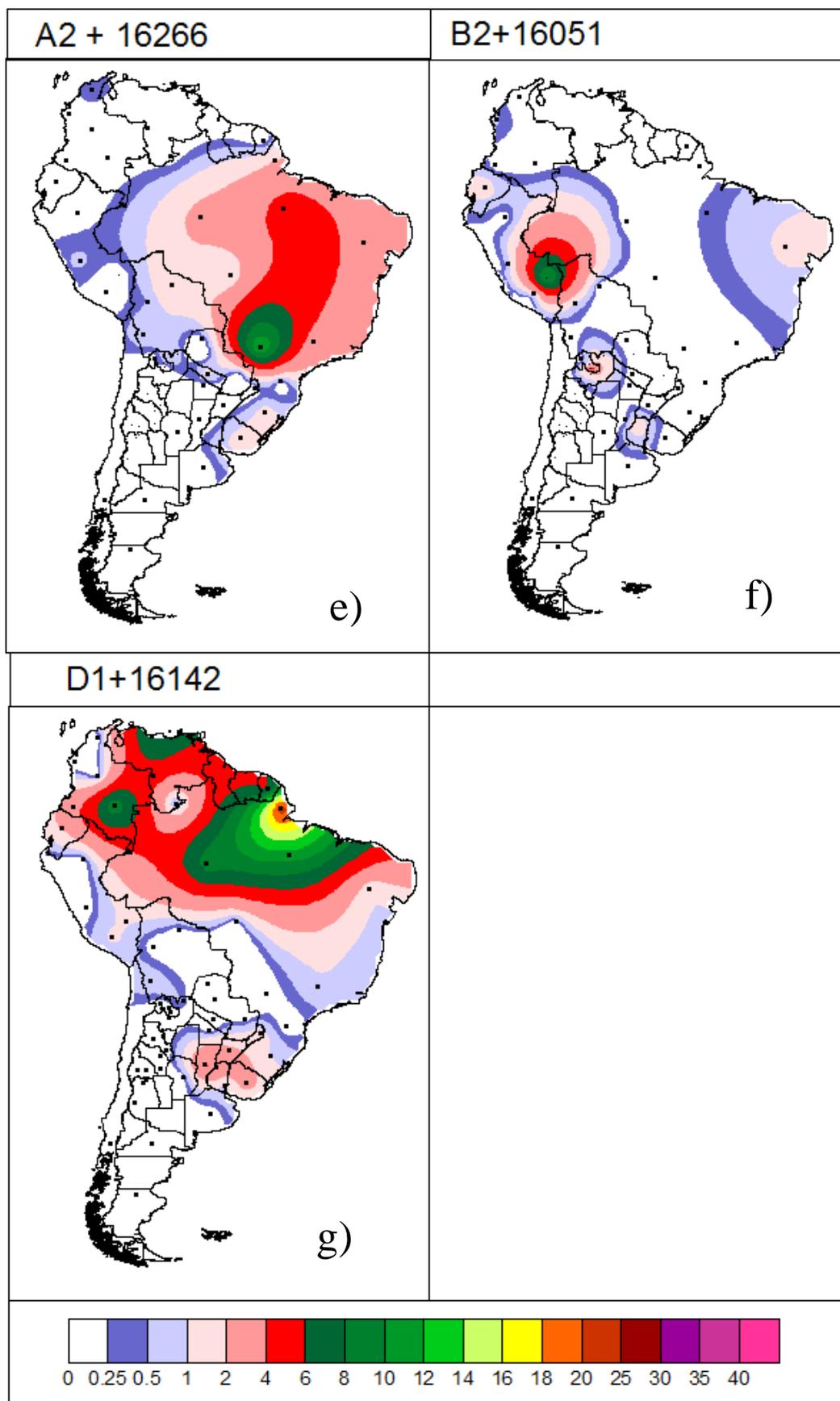


Figura 3.27. Distribución geográfica de linajes propios de la Región III (e-g).

### Linajes propios de Andes Centrales

La distribución a nivel sudamericano de D1+16527 no deja dudas respecto de su filiación andina, siempre y cuando se acepte la hipótesis de que la presencia en Mendoza y Buenos Aires y en menor medida en San Juan es debida a migración reciente (Figura 3.28 a). La distribución de B2 +103 (Figura 3.28 b), por el contrario, merece un análisis más detallado, ya que se extiende tanto en el este como en el oeste de Sudamérica. Puede hacerse una subdivisión dentro de este linaje que muestra la diferenciación de dichas regiones (Figuras 3.29 y 3.30). La hipótesis de la monofilia se mantiene, puesto que la mutación en la posición 103 se presenta como previa a la aparición de las mutaciones con especificidad regional, ya que existen haplotipos con la mutación 103 que carecen de las mutaciones diagnósticas de los linajes derivados tanto en el litoral como en el área andina.

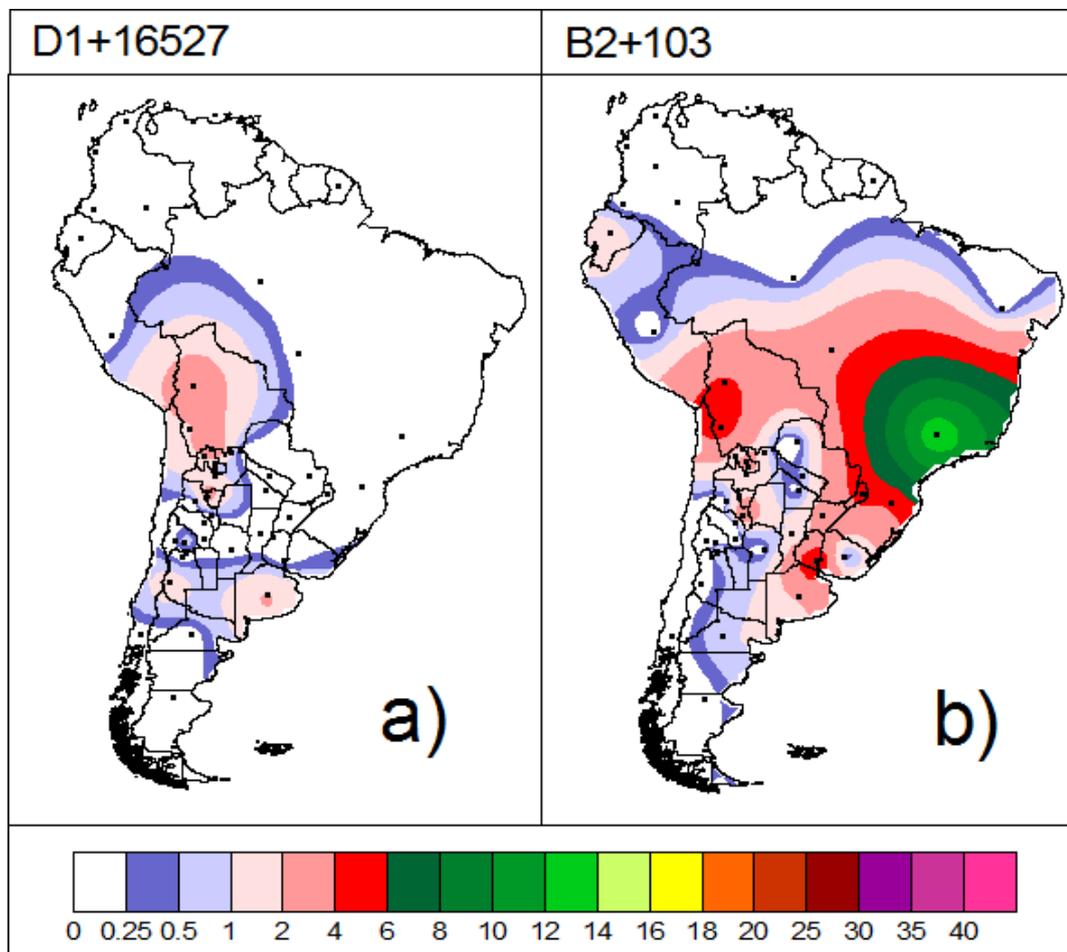


Figura 3.28. *Distribución geográfica de linajes propios de Andes Centrales en la Región III.*

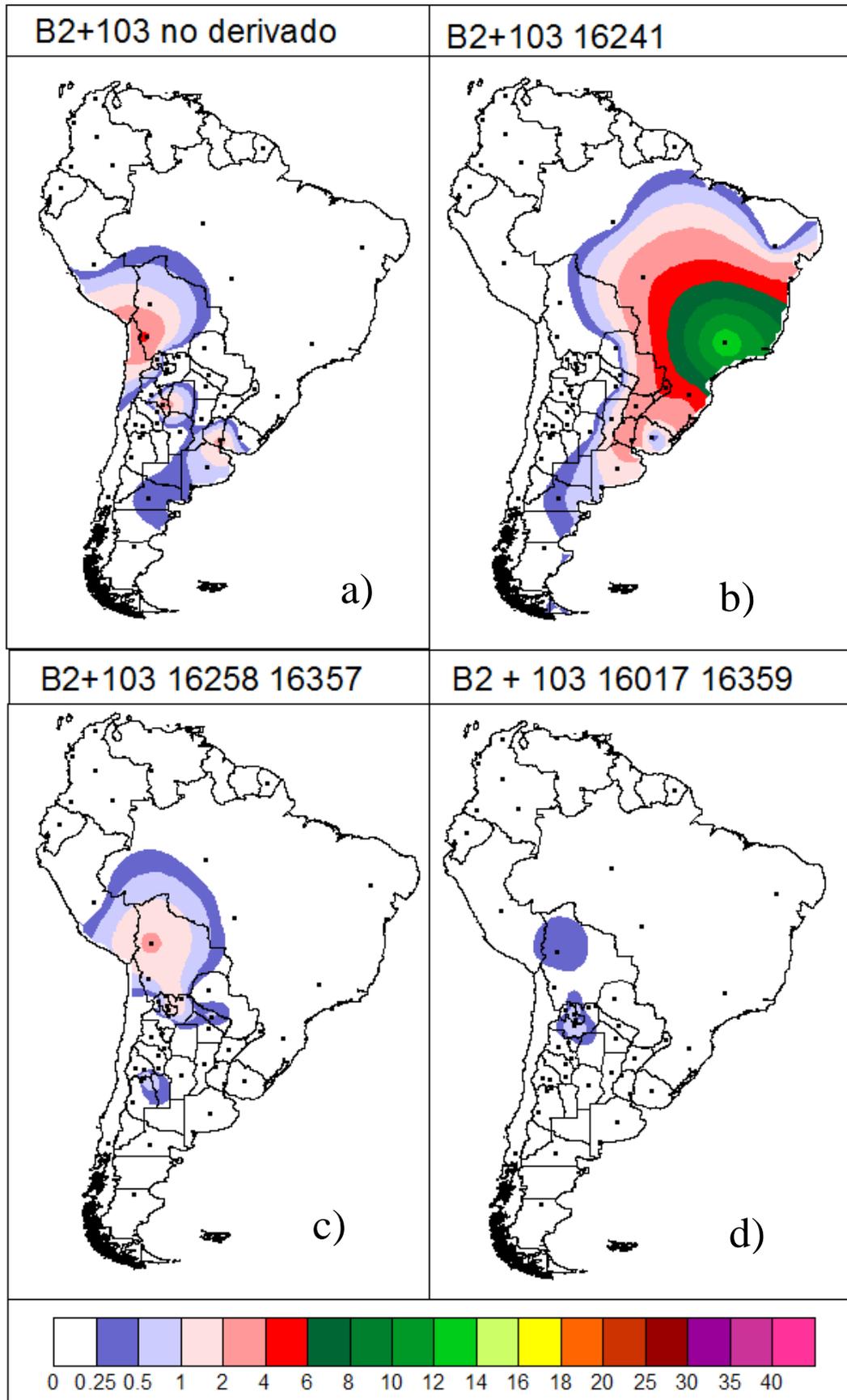


Figura 3.29. Distribución geográfica de sub-linajes derivados de B2+103 (a-d).

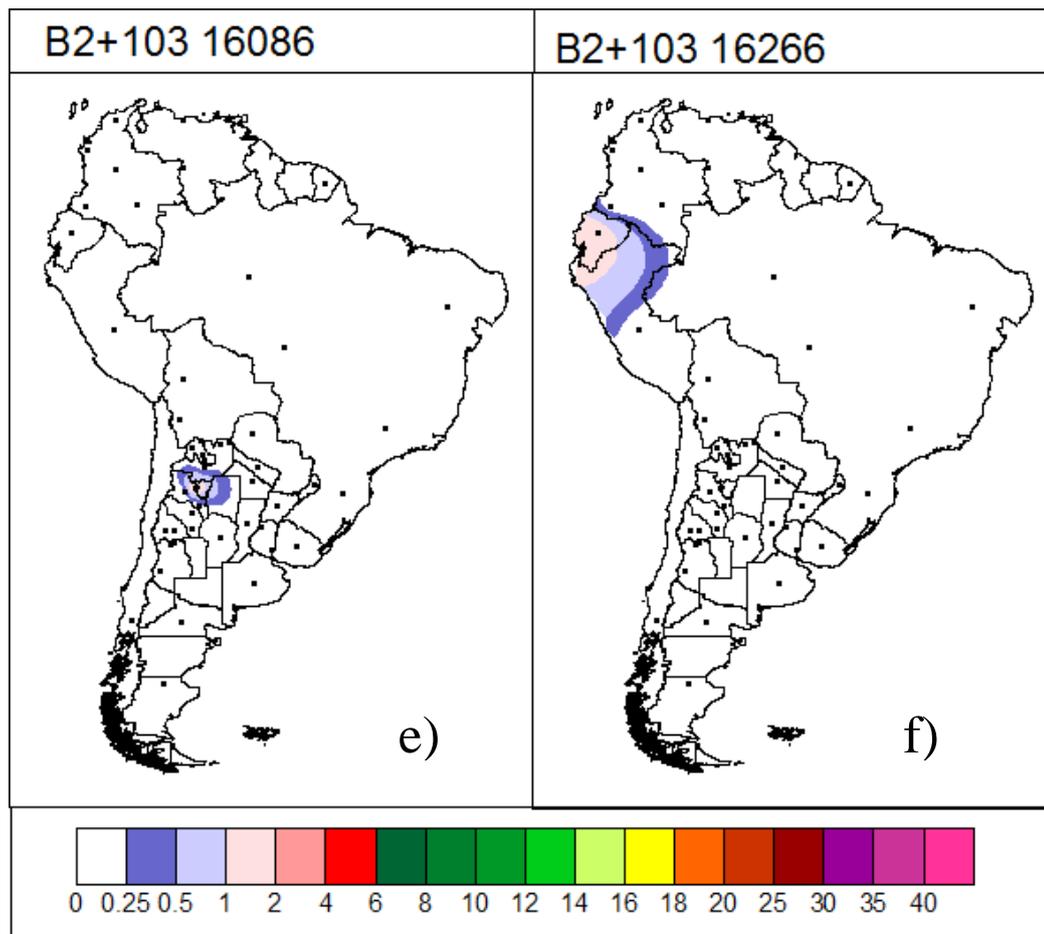


Figura 3.30. *Distribución geográfica de sub-linajes derivados de B2+103 (e-f).*

#### 3.3.4.4 Región IV

La región IV está conformada por las provincias de La Rioja, San Juan y el norte de Mendoza. De los linajes que se distribuyen en esta región, A2+ 150 es el más representativo, lo acompañan A2+16129 195 y C1b+194. Y también se encuentra en esta región uno de los últimos linajes fundadores en ser descritos, C4c, previamente reportado únicamente en América del Norte (Malhi y col. 2010) y en Colombia (Tamm y col. 2007). Respecto de la distribución a nivel sudamericano de los linajes propios de la Región IV, llama la atención un probable vínculo con poblaciones del extremo noroeste de Sudamérica. La monofilia está confirmada para C4c y restaría constatarla para los linajes definidos en base a la Región Control A2+16129 195 y C1b+194. Por otra parte, en esta región se extienden los linajes propios de la Patagonia D1+16187 (D1g), B2+470 y C1b+258, reforzando el límite señalado entre las regiones III y IV.

A2+150

Con centro en la localidad de Villa Tulumaya, donde reúne 17% de las muestras, se extiende hacia el centro y el sur de la Argentina y no se encuentra al norte de Catamarca, con la excepción de una muestra aislada en La Quiaca (Figura 3.32). En Villa Tulumaya también se identifica el mayor número de haplotipos, señalando a esta localidad como centro de origen y dispersión del linaje. La red de haplotipos presenta varios haplotipos faltantes y haplotipos separados del nodal por hasta 6 pasos mutacionales, indicando que se trata de un haplotipo con considerable profundidad temporal (Figura 3.31).

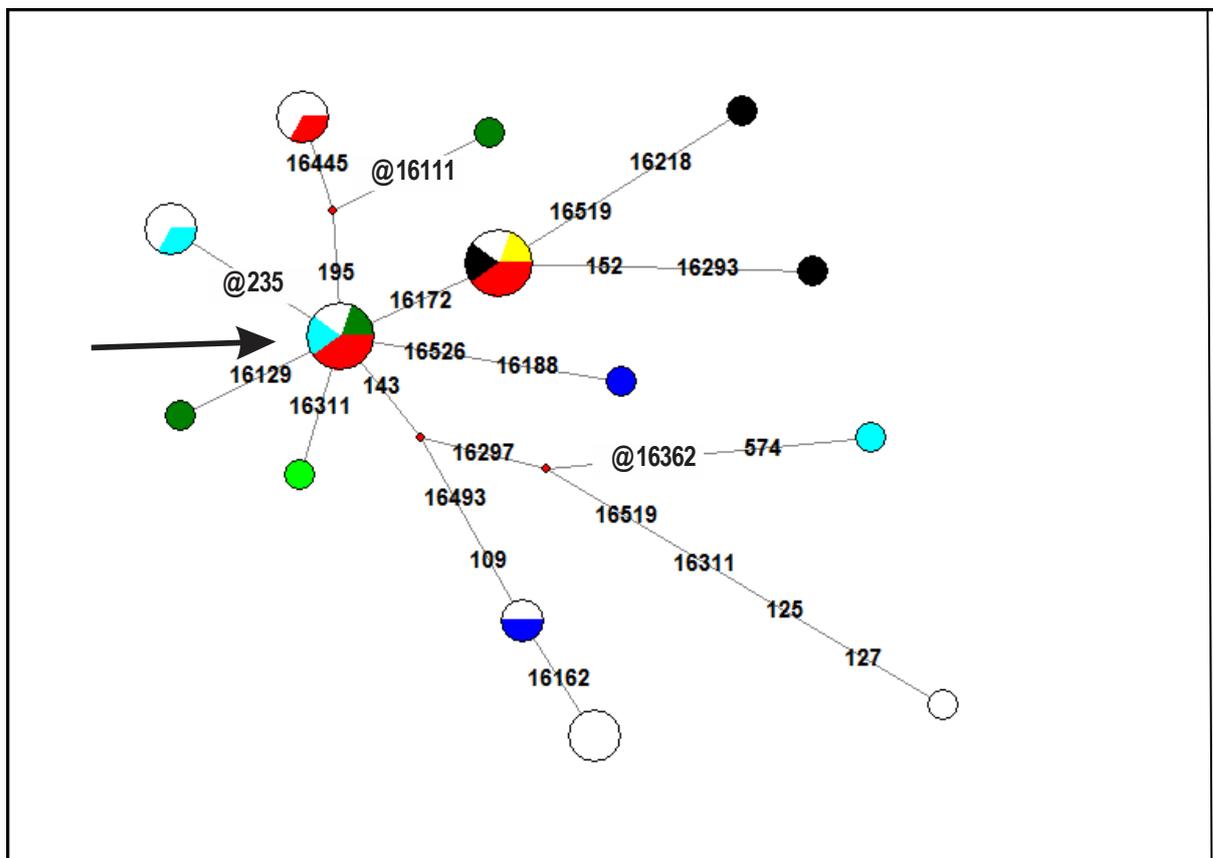


Figura 3.31. Red de haplotipos pertenecientes a A2+150.

La flecha señala al haplotipo nodal del clado.

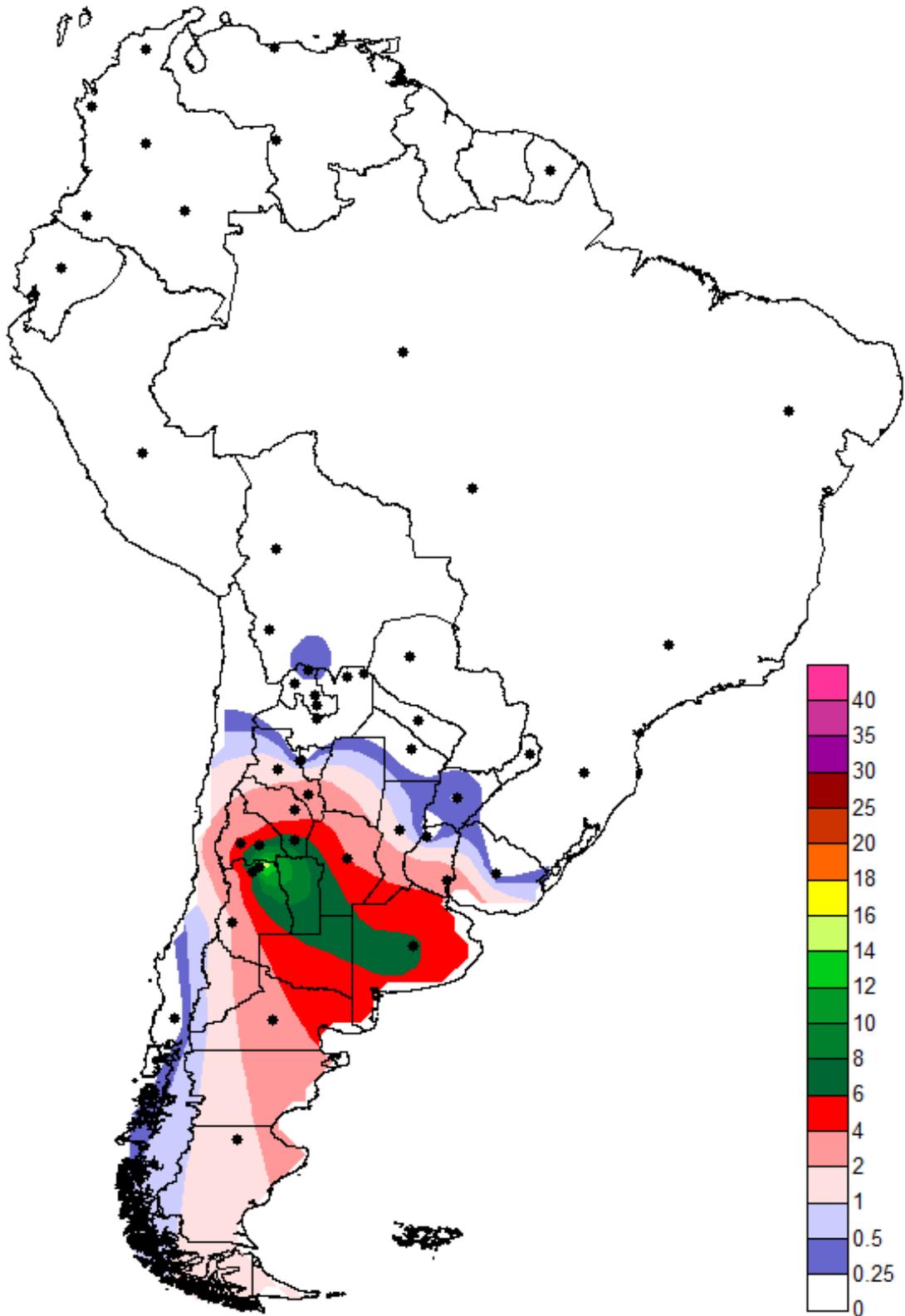


Figura 3.32. Distribución geográfica del linaje A2+150.

## C4c

La información de secuencias completas ha confirmado la presencia de C4c en dos áreas disjuntas: el norte de Colombia y el centro de Argentina. Esta distribución es interpretada como la persistencia en estas regiones de poblaciones relicto, donde habrían perdurado linajes presentes en una expansión poblacional inicial que, tras ingresar en Sudamérica vía el istmo de Panamá, se habría dispersado hacia el este y el sur, alcanzando la región central de Argentina.

Los linajes C4c correspondientes al centro de Argentina comparten cinco mutaciones que los separan del nodal para el haplogrupo (Figura 3.33). Mientras que los linajes colombianos no presentan ninguna de ellas sino que comparten entre sí una transición en 16245. Este patrón indica el gran tiempo de separación entre ambos linajes correspondientes a C4c.

Con respecto al mapa de distribución en sudamérica (Figura 3.34), a nivel de la Región Control, los linajes C4c pueden distinguirse de los C1 por la ausencia de las mutaciones 16325 y 290-291d, diagnósticas del último clado. Toda secuencia americana potencialmente asignable al haplogrupo C pero que no sea portadora de las mutaciones C1-específicas puede entonces provisoriamente ser atribuída a C4c. En las muestras de Venezuela, Brasil y Chile su asignación al haplogrupo C4c es tentativa, ya que está basada únicamente en la ausencia de la mutación 16325 porque no se dispone de información referida a la región codificante ni a la RHV-II.

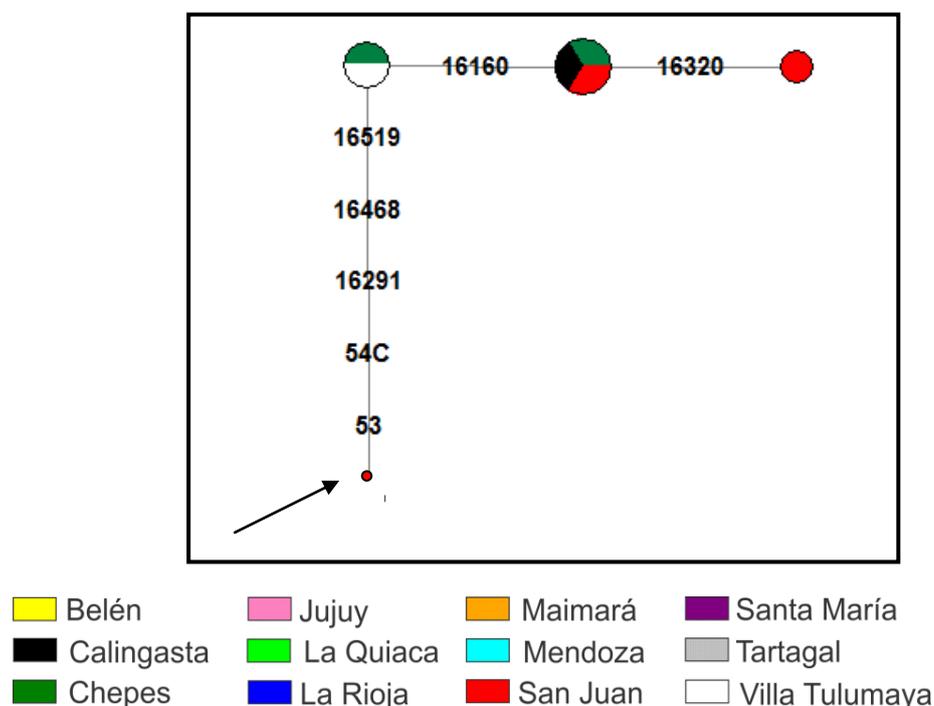


Figura 3.33. Red de haplotipos pertenecientes a C4c.

La flecha señala al haplotipo nodal del clado.

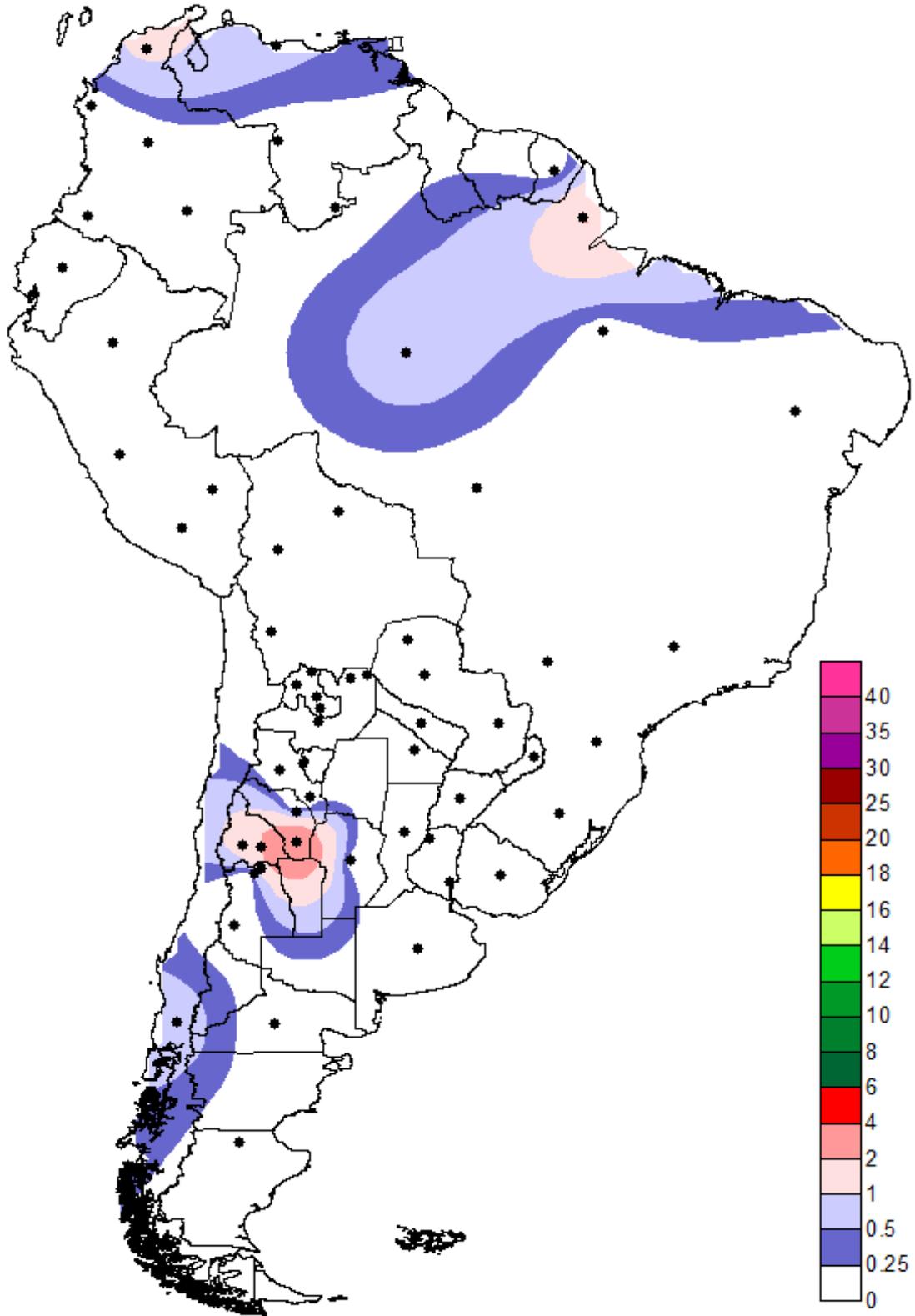


Figura 3.34. Distribución geográfica del linaje linajes C sin la mutación 16325.

### Otros linajes propios de la Región IV

Se detectan otros dos linajes con centro de distribución en la Región IV (Figura 3.35), uno correspondiente a C1b con una transición en la posición 194 y otro dentro de A2 con dos transiciones en las posiciones 16129 y 195. Estos dos últimos constituyen sitios hipervariables y sólo la ocurrencia conjunta de ambos y la coherencia geográfica de la distribución del linaje permiten proponerlo como tal. Sin embargo, la presencia de una muestra con ambas mutaciones en el norte de Colombia plantea la posibilidad de que ambas mutaciones hayan aparecido en forma conjunta como producto de eventos independientes y que se trate de un paralelismo. La presencia de la mutación 194 dentro de C1b en Ecuador y el oeste de Colombia plantea los mismos interrogantes.

Ambos linajes se encuentran altamente representados en Chepes donde en conjunto, reúnen el 13% de las muestras, le siguen 4% en La Rioja, 3% en Villa Tulumaya, 2% en Mendoza y 1% en San Juan. Ninguno de estos linajes se encuentra representado en Calingasta.

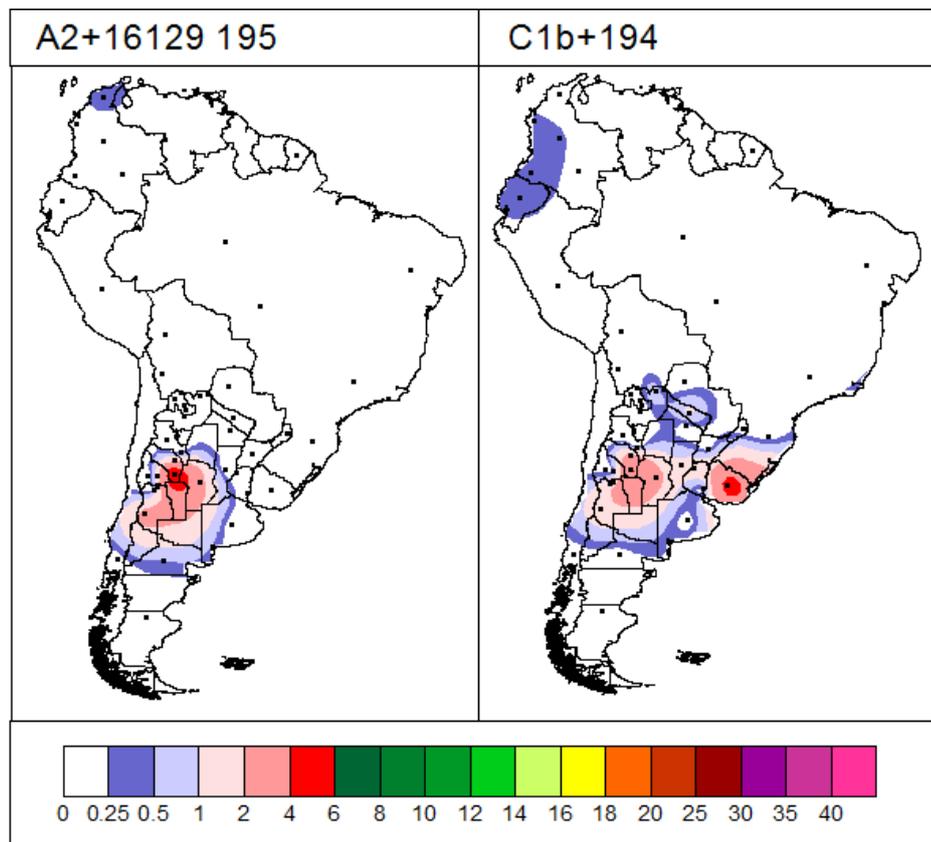


Figura 3.35. *Distribución geográfica de otros linajes propios de Región IV.*

### Linajes propios de la Patagonia

En la Región IV se identifican linajes que son propios de la Patagonia, tales son D1+16187 (D1g), C1b+258 y B2+470 (Figura 3.36). De las localidades muestreadas, es Calingasta la que presenta mayor frecuencia de los mismos (11%, 9% y 11% de los linajes nativos, respectivamente). Y en menor medida las localidades de San Juan, Mendoza y Villa Tulumaya. La semejanza de estas localidades en cuanto a la frecuencia de los linajes patagónicos no concuerda con la marcación de las barreras identificadas por el programa Barriers 2.2, ya que según las distancias de Nei entre pares de localidades, existe una barrera (tercera en orden de importancia) que separa a las localidades sanjuaninas de las mendocinas. Analizando el por qué de esta situación queda en evidencia que esta barrera se origina por las diferencias existentes entre Chepes y Villa Tulumaya (nótese que los linajes patagónicos no se encuentran representados en Chepes) y se continúa entre Mendoza y San Juan a pesar de que las diferencias entre ambas son menores.

Las redes de haplotipos de los linajes C1b+258 y B2+470 (Figura 3.37 a y b) presentan poca diversidad y haplotipos poco apartados del nodal, indicando escasa profundidad temporal. El linaje D1+16187 (D1g), por el contrario está altamente diversificado, con haplotipos que se separan del nodal por numerosos pasos mutacionales. En la red de haplotipos de este linaje se observa gran cantidad de haplotipos faltantes (Figura 3.37 c). Este patrón puede deberse a que el área muestreada es un área periférica en cuanto a la distribución del linaje o también puede ser el resultado de una disminución de la diversidad haplotípica como consecuencia de un cuello de botella en el tamaño poblacional.

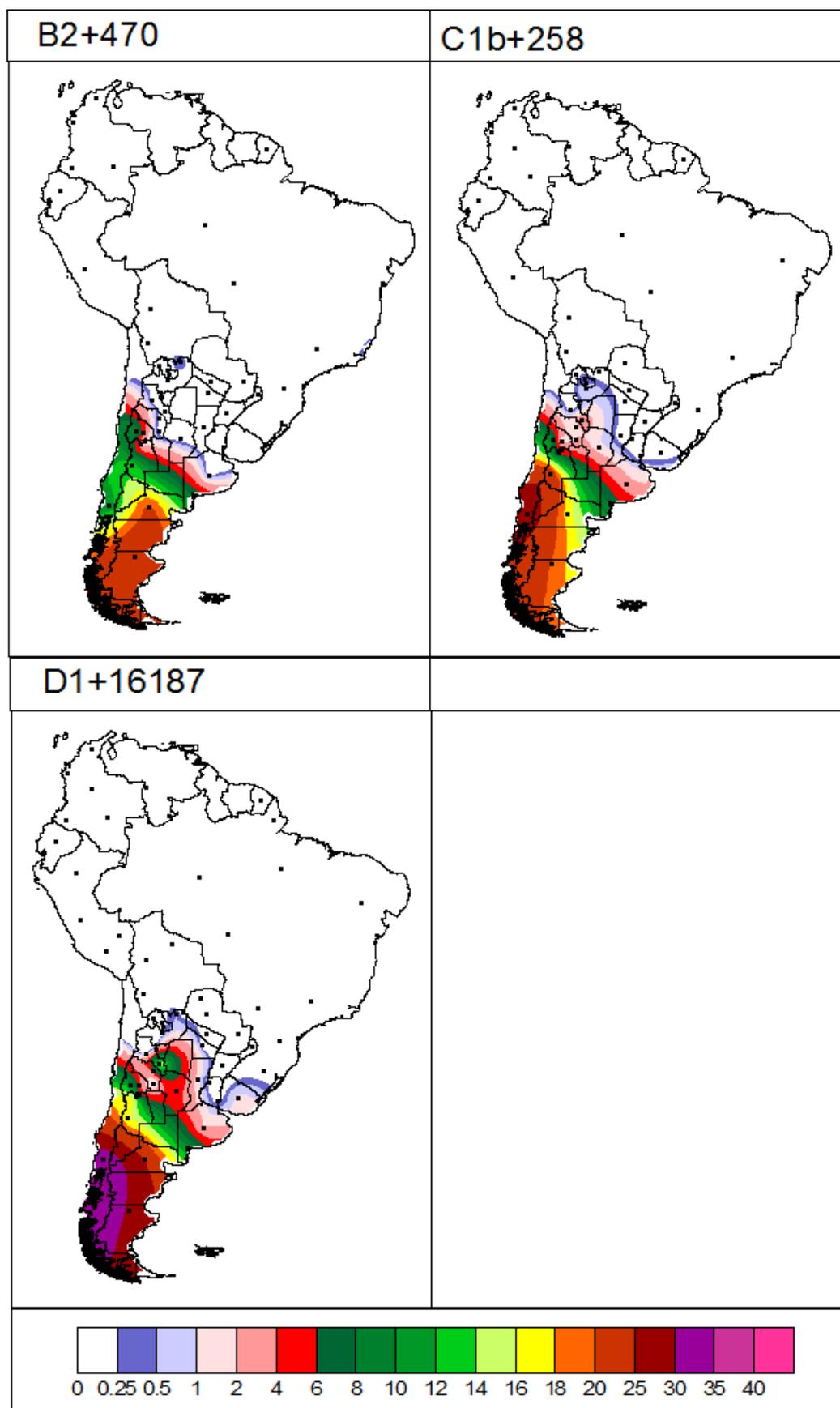


Figura 3.36. Mapas de distribución geográfica de linajes patagónicos

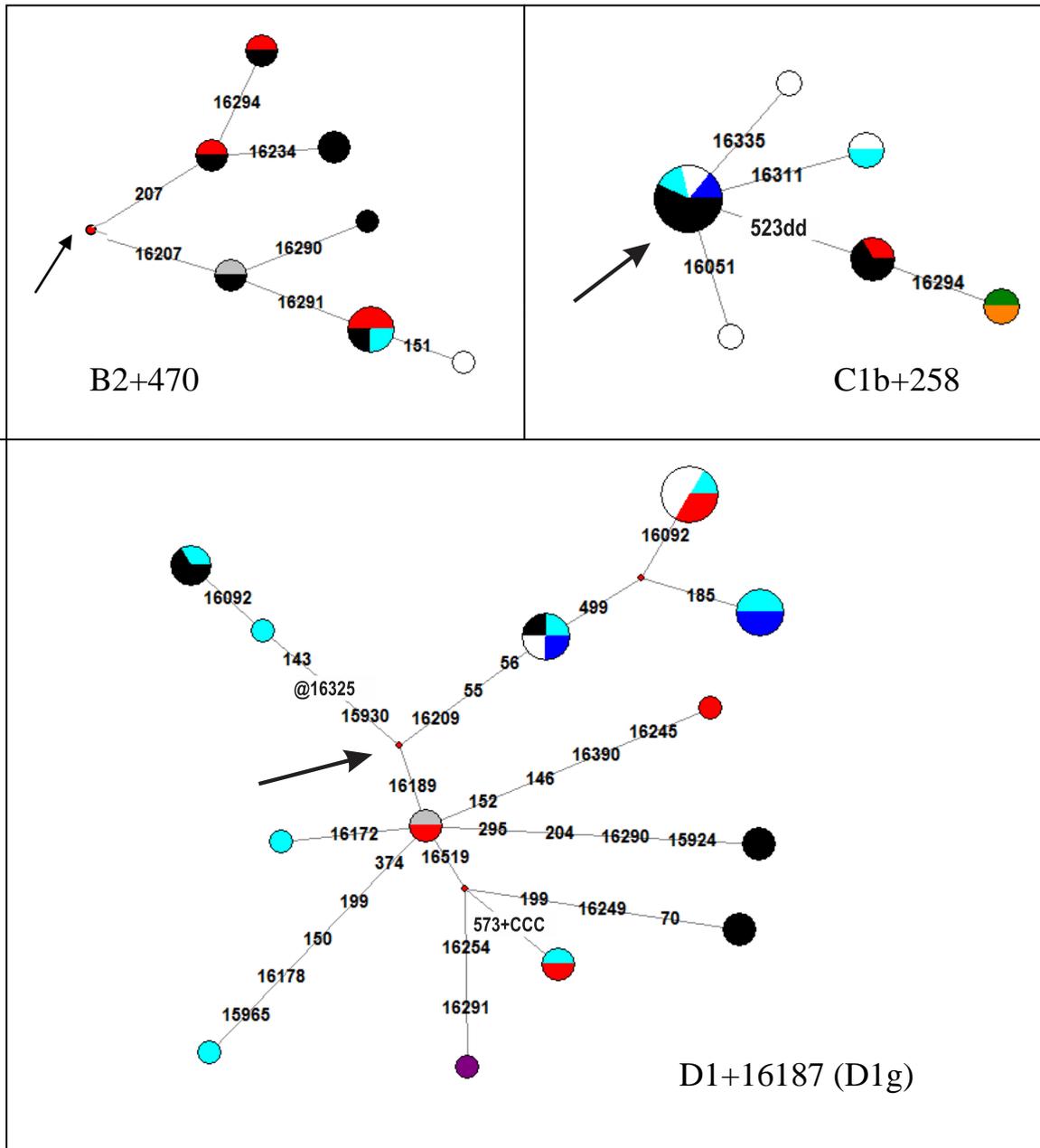


Figura 3.37. Redes de haplotipos de los linajes propios de Patagonia.

La flecha señala al haplotipo nodal del clado.

## CAPÍTULO IV: DISCUSIONES

Nos referiremos aquí a cuestiones metodológicas e interpretativas. En cuanto a la cuestión metodológica trataremos específicamente dos temas; por un lado, se plantea el debate en torno al estudio de la población actual como estrategia de abordaje al conocimiento de los linajes maternos nativos y las implicancias respecto de la cuestión identitaria. Por otro, se discute la estrategia empleada, basada en la definición de linajes, como alternativa a los métodos tradicionales de estimación de distancias basados en comparación directa de secuencias.

En cuanto a la interpretación de los nuevos datos aportados por este trabajo, se discutirán las diferencias interregionales en la distribución y frecuencia de linajes maternos nativos y los aportes en cuanto a las hipótesis de poblamiento de la región.

### 4.1 CONTINUIDAD DE LOS LINAJES MATERNOS

La estrategia metodológica utilizada en este trabajo presupone un cierto grado de continuidad en términos biológicos entre las poblaciones actuales de una determinada región y sus predecesoras. Hablar de continuidad regional implica establecer límites temporales arbitrarios ya que en última instancia todos los grupos humanos han alcanzado su ubicación actual al desplazarse desde la “cuna” africana. Del mismo modo, los desplazamientos y los contactos intrerétnicos han constituido la regla antes que la excepción. No obstante, desde este enfoque metodológico se propone la posibilidad de identificar linajes diferenciados en forma local capaces de dar cuenta de la historia poblacional de la región. Algunos fenómenos tales como la introducción de linajes que, por su profunda separación temporal, son claramente diferentes de los locales, son fáciles de detectar; mientras que los movimientos migratorios entre regiones cercanas requieren de un análisis más minucioso. Ambos casos son analizados en las secciones siguientes.

#### 4.1.1 MIGRACIONES INTERCONTINENTALES

Desde el punto de vista molecular, en todas las localidades estudiadas el porcentaje de linajes maternos nativos de América superó 70 %, representando en total 90 % de las muestras. El aumento hacia el sur de los linajes provenientes de Europa y Medio Oriente concuerda con la información histórica referida a los lugares preferenciales de instalación de los migrantes ultramarinos de los siglos XIX y XX. Según el censo de 1914, por ejemplo, el porcentaje de inmigrantes provenientes de Europa y Oriente Medio respecto del total de la población en Mendoza representaba más del doble (28 %) que en San Juan (12 %), mientras que en Salta y Jujuy los inmigrantes ultramarinos constituían 5 % de la

población y en La Rioja y Catamarca menos de 2 % (elaboración propia a partir del Tercer Censo Nacional, 1914). Los porcentajes más altos de linajes africanos fueron hallados en localidades de las provincias de Mendoza y San Juan, coincidiendo con las rutas de paso del tráfico de esclavos que ingresaban al puerto de Buenos Aires con dirección a Chile y Perú (Guzmán, 2006). A la ciudad de Mendoza corresponde el valor más alto (7 %), seguida de Villa Tulumaya (6 %).

Calingasta presenta muy bajo porcentaje de linajes europeos, en relación a su ubicación en altas latitudes, caso particular que puede explicarse por el difícil acceso que caracteriza a esta localidad de frontera, ya que se ubica en un valle entre la cordillera y la precordillera. Es esperable que esta situación geográfica, sumada a la ubicación periférica respecto de los centros de atracción económica, haya desalentado la llegada de inmigrantes. Podría pensarse que lo mismo sería aplicable también para el caso de los linajes africanos, sin embargo el territorio dentro del cual se ubica Calingasta constituyó un lugar tradicional de paso entre la Argentina y Chile, conocido por ser un centro de contrabando de todo tipo de mercancías, inclusive de esclavos (Escolar, 2001). Así se podría explicar la relativamente alta proporción de linajes africanos (4 %). En sintonía con los resultados alcanzados en este trabajo, Campaña y col. (2010) detectaron en Cuyo y Córdoba una mayor frecuencia de una anomalía congénita, la polidactilia postaxial, cuya prevalencia es 10 veces mayor en poblaciones afro-descendientes que en poblaciones de ancestría europea (Frazier, 1960).

Cuatro de las poblaciones aquí informadas fueron analizadas previamente para establecer los haplogrupos de 368 linajes paternos (Ramallo y col. 2009), hallándose que en promedio un cuarto de los varones analizados son portadores de linajes indígenas, aunque con notables variaciones regionales: mientras que las ciudades de Tartagal y San Salvador de Jujuy presentaron frecuencias relativamente altas de entre 33 y 45 %, la fracción nativa se reduce a valores de 7-10 % en La Rioja y Mendoza. Estos valores, junto al elevado porcentaje de linajes maternos nativos encontrados en este trabajo, concuerdan con el patrón de mestizaje sexo-asimétrico que ya ha sido demostrado en distintos países latinoamericanos (Dipierri y col. 1998; Alves-Silva y col. 2000; Caravajal-Carmona y col. 2000; Sans y col. 2002; Bonilla y col. 2004; Marrero y col. 2007; Salas y col. 2008).

Otros autores han analizado la contribución continental de los linajes maternos en distintas regiones de la Argentina. En el trabajo de Bobillo y col. (2010), las frecuencias de haplogrupos mitocondriales nativos correspondientes a las regiones del Nordeste y del Sur (cerca de 66 %), son más bajas que las aquí presentadas para el NOA y COA, no pudiéndose concluir si estas diferencias reflejan desigualdades regionales o son el resultado de una distinta estrategia de muestreo. En el trabajo de Salas y col. (2008), dicha frecuencia para la provincia de Córdoba asciende sólo al 57 %, contrastando claramente con el trabajo de García y Demarchi (2009), orientado explícitamente a la población criolla, donde la fracción nativa representa 80 %. El trabajo de Martínez-Marignac y col. (1999) en La Plata analiza una muestra hospitalaria y otra de trabajadores universitarios, poniendo en evidencia las notables diferencias en frecuencia de linajes nativos -72 vs. 32 %, respectivamente- en

diferentes grupos socio-económicos de una misma localidad. Los trabajos de Avena y col. en el Área Metropolitana de Buenos Aires (2006), Bahía Blanca (2007), Comodoro Rivadavia (2009) y Esquel (2010) corresponden a muestreos hospitalarios y los porcentajes de linajes maternos nativos son de 46%, 45 %, 70 % y 80 %, respectivamente. En el trabajo del 2010 analizan además una submuestra del Área Metropolitana correspondiente a migrantes provenientes del Noroeste y Cuyo, obteniendo resultados que se acercan a los presentados aquí (80 % y 63 % de linajes maternos nativos respectivamente). En todos los casos, los datos concuerdan con la información genealógica e histórica disponible para cada localidad o región que reflejan tanto el efecto de las diferencias regionales en el impacto de la migración ultramarina de los siglos XIX y XX, como el efecto de las migraciones internas hacia los centros con mayor oferta de trabajo.

Un estudio llevado a cabo en Caracas, Venezuela, resulta ilustrativo ya que pone de manifiesto las diferencias en cuanto a los patrones de mestizaje entre muestras de distintos niveles socioeconómicos (Martínez y col. 2007). En el trabajo citado se comprueba que quienes acuden a los centros de atención públicos poseen un mayor componente africano y nativo americano que quienes asisten a clínicas privadas. Los autores enfatizan la importancia de conocer la procedencia de las muestras con las que se trabaja y en particular el origen geográfico de los abuelos, y lo señalan como un aspecto metodológico fundamental a la hora de intentar reconstruir eventos históricos por medio de estudios genéticos.

La cuestión del mestizaje sexo-asimétrico puede ser abordada también desde otras perspectivas. Desde un enfoque etnohistórico, Michielli (2000) expone un caso judicial en el que la india Ana de Asaguat se presenta ante las autoridades a fin de solicitar permiso para residir en la ciudad de San Juan, alegando que su pueblo natal, donde debería de permanecer encomendada, se encuentra desierto; el mismo se desarrolla en el año 1693 y, si bien se trata de un caso particular, puede ser representativo de la situación sufrida por las mujeres indígenas de la región de Cuyo, que quedaban solas con sus hijos, cuando los hombres eran trasladados al oeste de la cordillera como mano de obra.

Desde una perspectiva etnográfica, rescatamos del trabajo de Escolar entre los Huarpes, en el que sostiene:

*“...la afirmación de ascendencia indígena en casi todos los autoadscriptos como indios o descendientes remite en la mayoría de los casos a matrilineajes donde la ascendencia es construida por línea materna por varias generaciones. La ‘sangre’ indígena es portada por abuelas o madres, quienes son definidas como indias. Esta representación uterina de la ascendencia huarpe coincide notoriamente con la mitología básica del mestizaje provincial que asocia lo indígena a las líneas maternas y lo español/blanco a líneas paternas” (Escolar, 2007 p.87).*

#### 4.1.2 MIGRACIONES INTERREGIONALES

A diferencia de lo que ocurre con las migraciones intercontinentales, las migraciones entre distintas regiones de América no son fácilmente identificables a nivel molecular. La definición de linajes con distribución regional acotada está en proceso de construcción y esta tesis pretende ser un avance en ese sentido. Por otro lado, la evaluación de las tendencias migratorias interregionales puede enriquecerse con el apoyo de otras fuentes de información, tales como el registro histórico, tanto en su forma escrita como oral.

A este último tipo de registro hemos podido acceder a través de las entrevistas genealógicas, dónde se recuperó información referida al lugar de nacimiento de los ancestros. La información genealógica permite constatar que para cada localidad, al menos en el 69 % de los casos, la línea femenina de ancestría corresponde a un origen local, en sentido regional, y en promedio para todas las localidades constituye 90 %. En los casos en que se registran porcentajes considerables de un origen no local de la línea materna en la información genealógica, éstos coinciden con la información histórica que señala a los centros económicos como atractores de población de otras regiones, como sucede en Mendoza tanto con los migrantes ultramarinos como con los trabajadores temporarios de la cosecha (Paredes, 2004). Es decir que desde una perspectiva de la historia oral, se puede proponer una continuidad local para la mayoría de los linajes maternos en la región considerada, al tiempo que se constata que los fenómenos migratorios regionales son fácilmente identificables tanto desde una perspectiva histórica como genealógica.

Volviendo a la información molecular, encontramos casos en los que la distribución actual de un determinado linaje puede ser explicada por migraciones interregionales. El caso más conspicuo es el de linajes con alta frecuencia en el norte de Argentina y Bolivia, que se presentan en menor frecuencia en las provincias de Mendoza, San Juan, Buenos Aires y/o Río Negro (figuras 3.10, 3.12, 3.25 y 3.28a). Algunos de estos casos son confirmados por la información genealógica disponible.

Otra vía de aproximación para evaluar la continuidad a nivel regional de los linajes maternos, consiste en comparar los datos actuales con los disponibles para ADN antiguo. Esta línea de evidencia aún es sumamente escasa, sin embargo expondremos aquí algunos casos de relaciones entre las muestras antiguas y actuales.

El linaje B2 con la mutación 16142 fue descrito en una muestra antigua de Pampa Grande, provincia de Salta, con una antigüedad de más de 1300 años (Carnese y col. 2010). La localidad de Pampa Grande se encuentra próxima a Santa María, donde este linaje alcanza el 5% en la actualidad. Sin embargo, las muestras de Santa María presentan polimorfismos derivados que no están presentes en la muestra de Pampa Grande. Este haplotipo, por el contrario es idéntico a algunos hallados en Mendoza, San Juan y La Rioja, indicando la conexión de los valles Calchaquíes con el centro-oeste. Por otra parte, la persistencia del clado en términos regionales, refuerza la hipótesis de continuidad.

El linaje D1+16293 pertenece a una de las momias halladas en el volcán Lullailaco en la provincia de Salta, que formaban parte de una ofrenda incaica (Wilson y col. 2007). La “niña del rayo” comparte con muestras de Maimará, La Quiaca, Mendoza, La Paz (Bolivia) y Rinconada (provincia de Jujuy) una transición en la posición 97 y una delección de seis pares de bases entre las posiciones 106 y 111.

El linaje C1b + 16192 16093 ha sido registrado en muestras antiguas de Perú; en el valle de Ica se hallaron diez muestras C con la mutación 16192, la mayoría pertenecientes al Período Intermedio Temprano (cultura Nasca 200 AC- 600 DC), incluidas dos que poseen también la mutación 16093 y una correspondiente al Horizonte Medio Temprano (cultura Wari 600-800 años DC) que presenta la mutación 16145 (Fehren-Schmitz y col. 2009). Esta mutación ha sido reportada también entre las muestras actuales de Argentina y sur de Bolivia. Del mismo modo, en la región de Ayacucho, Perú, se ha reportado una muestra C con las mutaciones 16192 y 19093 perteneciente al período post-Wari (1100-1400 DC) (Kemp y col. 2009). Llama poderosamente la atención que este linaje se encuentre altamente representado entre las muestras de Calingasta en particular (20 %) y en la región del centro-oeste argentino en general, quedando en evidencia la existencia de un vínculo entre el COA y el área Andina Central. En base a la información disponible basada en la distribución de linajes en la población actual y en los datos provenientes del análisis de ADN antiguo, este linaje parece haberse distribuido a lo largo de la costa pacífica, habiendo alcanzado una mayor frecuencia en la región del centro-oeste de Argentina.

Con respecto al linaje B2+ 146 215 455+T, característico de la Región IV, se ha reportado la presencia conjunta de transiciones en las posiciones 146 y 215 en muestras antiguas del Valle de Urubamba, Perú (Shinoda y col. 2006).

La presencia de una muestra C1b con la mutación 16311 y otra posible mutación en 16189 (16189Y) fue hallada en el sitio arqueológico de Los Amarillos en la provincia de Jujuy. Este linaje actualmente está presente en la denominada Región III, por lo que es probable que la conjunción de ambas mutaciones, de por sí conocidas por ser altamente variables, pueda constituir un indicio de monofilia. De modo que este linaje, con una distribución local tendría una antigüedad en el área que se remonta al menos al Período de Desarrollos Regionales II (Siglos XI a XV) (Mendisco y col. 2011).

#### 4.1.3 SOBRE IDENTIDADES

La cuestión de la identidad, desde luego, no puede ser dirimida en el terreno biológico, pero tampoco se puede negar que los rasgos físicos pueden ser significados culturalmente como expresión de la identidad. Al mismo tiempo la noción de una herencia común ya sea cultural o biológica está presente en la conformación de la identidad. La apelación a los ancestros constituye también una estrategia de cohesión grupal. Estas categorías no deben ser pensadas en términos individuales ya que un sujeto que reclame identidad no será excluido de la misma por no reunir todos estos requisitos.

Existe una construcción colectiva de la identidad que evidentemente tiene en cuenta también a aspectos biológicos como la fisonomía y la herencia.

En estos tiempos, se incorpora una nueva entidad reconocida popularmente como asociada a la identidad, que es el ADN. El ADN está en boca de todos, se lo nombra como sinónimo de identidad, de individualidad y tiene ese halo de veracidad del que gozan las entidades presentadas como “científicas”. Se constituye también como una demanda por parte de quienes se auto-identifican como indígenas y reclaman el reconocimiento por parte de otros de esa identidad; es por eso que como investigadores debemos afrontar el desafío de debatir estos temas, aunque sepamos de antemano que la respuesta no será unívoca y no será permanente.

¿Cuál es el aporte desde el ADNmt? Recordemos una vez más que las características particulares del ADNmt lo convierten en una herramienta especialmente útil para abordar el componente indígena ya que registra sólo la línea materna de ascendencia. Fundamental para los objetivos de esta tesis, pero decididamente parcial si queremos hablar de identidad. Lo interesante del abordaje mitocondrial es que rescata la historia de las mujeres indígenas, tradicionalmente olvidadas por una historia patriarcal y europeizante. Si bien es una mirada parcial, su valor radica en que se contrapone a la mirada, también parcial, instituida como única verdad hasta hace muy poco tiempo atrás.

Ahora bien, nos encontramos inmersos en un momento donde surgen fenómenos de reetnización. Además del reclamo sostenido de comunidades indígenas reconocidas históricamente, surgen en diversas provincias, reclamos de identidad por parte de comunidades consideradas “extintas”. El reconocimiento constitucional que adquirieron los reclamos indígenas a partir de la reforma de la Constitución en 1994, es parte de la explicación, pero también la coyuntura política de la última década en pos de la hermandad latinoamericana, revaloriza aspectos culturales anteriormente negados. El tema ha sido tratado, a mi entender de manera exquisita, por Diego Escolar (2007), en referencia a los movimientos de reetnización huarpe en las provincias de San Juan y Mendoza. Me permito citarlo textualmente:

*“Más allá de la imposibilidad de establecer un peso demográfico masivo europeo en los primeros siglos de conquista, el argumento del mestizaje racial “blanqueador” sugiere la biológicamente discutible preponderancia de la sangre europea en la medida en que se asume como única ascendencia significativa de la población regional. [...] en una matriz claramente evolucionista y esencialista, se afirma que la cultura indígena (imaginada como estática) fue “aculturada” en favor de la cultura española, cuyos cambios no son vistos como una pérdida de sustancia. [...] “La transformación de pautas culturales originarias es vista hasta hoy en día, al igual que en las teorías sobre la mezcla de sangre, como fatal transición a una homogeneidad étnica unidireccional. Habrían sido los huarpes quienes a raíz del contacto con los europeos “perdieron” su cultura y su*

*raza y adoptaron la de los españoles y no a la inversa. No se conciben como una pérdida étnica las transformaciones de la cultura originaria española-europea desde la época de la conquista ni la posibilidad de un intercambio cultural entre indígenas y españoles.”*

Con estos argumentos queda claro que son legítimos los reclamos de identidad. Ahora pasemos a discutir, en qué medida resultados como los obtenidos en esta tesis y en numerosos trabajos de colegas en distintos puntos de Argentina (v.g. Avena y col. 2007, 2009, 2010; García y Demarchi, 2009; Bobillo y col. 2009) contribuyen a repensar los discursos dominantes sobre la identidad nacional. Una vez más, sostenemos la futilidad de discutir estas cuestiones a nivel individual, ya que cada sujeto es atravesado por innumerables circunstancias particulares que influirán en la interpretación de un resultado biológico. Volvamos a la identidad colectiva, ya no podemos sostener la visión tradicional de la Argentina como país de ascendencia exclusivamente europea. No puede negarse el pasado indígena y el africano. Y rescatar ese pasado contribuye a re significar el presente. Las evidencias moleculares contribuyen de esta manera a reivindicar una identidad digna de ser reclamada, no actúan de manera aislada, sino en el contexto actual de repensar la historia. Tampoco conducen necesariamente al reclamo de la identidad plenamente indígena sino a la toma de conciencia de que lo indígena también es parte de nuestro ser nacional, tal como lo ha sido la inmigración.

#### 4.2 LINAJES MONOFILÉTICOS COMO VARIABLES INDEPENDIENTES

En las aproximaciones metodológicas tradicionales, las medidas de distancia poblacional son estimadas por comparación directa de las secuencias. Esta metodología, no tiene en cuenta el caso particular asociado al poblamiento de América y la segregación particular de linajes ocurrida al momento de ingreso. Los haplogrupos nativos americanos, previamente diferenciados en el viejo continente, arrastran consigo la historia, traducida en diferencias nucleotídicas, ocurrida en otros territorios y en otros tiempos. Por dar un ejemplo concreto, los haplogrupos A y B (pertenecientes al macrohaplogrupo N) se diferenciaron de los haplogrupos C y D (pertenecientes al macrohaplogrupo M) hace más de 40.000 años, en momentos inmediatos a la salida del continente africano. De este modo, por poner un ejemplo, cuando cada nucleótido es considerado como una variable independiente, se incurre en el error de considerar a una población con alta frecuencia de D más emparentada con otra población con alta frecuencia de C, que con una tercera con alta frecuencia de A; siendo que, en el contexto americano, esas diferencias son irrelevantes. Un ejemplo extremo de cómo este tipo de análisis puede llevar a conclusiones erróneas, puede hallarse en el trabajo de Afonso y col. (2010), donde los autores, en base al análisis de las RHVI y II, concluyen que los linajes maternos nativos de Bolivia están estrechamente emparentados con los de Corea. Ciertamente, ambas poblaciones ostentan altos porcentajes del haplogrupo B y por lo tanto comparten las mutaciones propias de dicho haplogrupo; sin embargo la historia común de ambas poblaciones se remonta a algún lugar de Asia,

desde donde luego siguieron trayectorias evolutivas independientes, atravesando unos el estrecho de Bering y arribando otros a Corea. Consideramos que, para un adecuado estudio de las afinidades interregionales americanas, las variables operativas deben consistir en linajes monofiléticos de menor jerarquía, de modo que las relaciones de afinidad no se remonten a momentos anteriores a la ocupación humana de América. Por eso, proponemos una opción alternativa que consiste en la definición de linajes, cuyas frecuencias relativas constituyan una medida más ajustada de las afinidades interregionales. Otra falencia que trae aparejada la comparación directa de secuencias radica en que supone la independencia de cada cambio de nucleótido, y en que no tiene en cuenta la posible dependencia de la tasa mutacional de ciertas bases en relación a las bases circundantes. A continuación se ilustran ejemplos en los linajes nativos americanos que dan cuenta de ambos fenómenos y se discuten las causas posibles.

#### 4.2.1 VARIACIÓN EN LA TASA MUTACIONAL

A lo largo del trabajo de investigación en ADNmt, el conocimiento de las mutaciones recurrentes ha llevado a la observación, ya registrada en trabajos previos (Achilli y col. 2008; Forster y col. 1996), de que la estabilidad o inestabilidad de ciertos sitios no es la misma según el haplogrupo del que se trate. Esto lleva a la ineficacia de un pesado de caracteres uniforme basado en criterios externos, y a la posibilidad de considerar a sitios que en ciertos contextos son inestables, como indicio de monofilia, teniendo en cuenta un criterio geográfico y de coherencia interna, como es el caso de la posición 150 al interior del haplogrupo A2.

La posición 150 ocupa el décimo lugar en la escala de sitios altamente variables, elaborada por Soares y col. (2009), sin embargo hemos observado que no es un sitio que presente homoplasia al interior del haplogrupo A2 y que la distribución geográfica del linaje definido por la misma es continua, identificándose claramente el centro y la periferia (Figura 3.31). Esta relativa estabilidad podría estar asociada a las sustituciones de base en sitios circundantes que son propias del haplogrupo A2, ya que en éste, las mutaciones en las posiciones 146 y 153, reemplazan uniones A-T por uniones G-C (figura 4.1); éstas últimas al estar formadas por tres puentes de hidrógeno otorgan mayor estabilidad a la unión de la doble cadena en esta región, lo cual podría explicar la menor tasa mutacional de la posición 150 al interior de A2.

El caso opuesto ocurre cuando una posición para la que se esperaría un comportamiento estable, adquiere inusual inestabilidad, como es el caso de la posición 64 al interior del haplogrupo A2. Tomando como referencia a las secuencias analizadas en esta tesis, de las cuales 174 pertenecen al haplogrupo A2, se registra la ocurrencia independiente de mutaciones en la posición 64 en cinco oportunidades, del mismo modo por tomar una referencia externa, pueden citarse las secuencias publicadas por Achilli y col. (2008), en donde dicha mutación ocurre seis veces en una filogenia del haplogrupo A construida con 86 secuencias genómicas completas. El caso es más sorprendente si

tenemos en cuenta que un criterio externo para evaluar la tasa mutacional de las posiciones como la escala de Soares y col. (2009) ubica a la posición 64 en el puesto 46, mientras que la posición 150, pese a ocupar el décimo lugar, no registra eventos mutacionales en las secuencias pertenecientes al haplogrupo A2 publicadas por Achilli y col. (2008) y se presenta como un sitio estable, permitiendo la definición de un linaje con coherencia geográfica, como se expuso anteriormente.

En el trabajo de Pereira y col. (2008) se propone que la formación de estructuras terciarias intracatenarias durante la replicación podría dar cuenta de la asimetría en cuanto a la tasa de mutación de ciertos sitios, ya que los que se encuentran formando el tallo de la estructura son más estables que los que se ubican en el lazo. Sin embargo, esta hipótesis no explica lo que ocurre con la posición 150 ya que no forma parte de ninguna de las estructuras identificadas en el citado trabajo, de modo que no puede atribuirse a la formación de dichas estructuras la relativa estabilidad que adquiere este sitio al interior del haplogrupo A2. Por otra parte, la inestabilidad de la posición 146 también observada para el haplogrupo A2 (Achilli y col. 2008) es coherente con la ubicación de esta posición en la parte correspondiente al lazo de la estructura (Figura 4.2). Sin embargo, existen otras posiciones que deberían ser del mismo modo inestables y este no es el caso. De modo que deben estar actuando otros factores que condicionan la estabilidad/inestabilidad de cada posición al interior de la Región Control, de los cuales aún no se tiene conocimiento. En el caso de la posición 64, ésta se encuentra formando el tallo de la estructura terciaria “T” (*sensu* Pereira y col. 2008); en un escenario en donde esta mutación fuese basal para el haplogrupo A2, es plausible la recurrencia de mutaciones hacia el estado ancestral debido al apareamiento con la posición 94 como base complementaria. Es interesante que en un linaje particular de A2, A2i (Achilli y col. 2008), ocurre la mutación G94A apoyando el modelo de mutaciones compensatorias en las bases ubicadas en la región del tallo (Figura 4.2).



Figura 4.1. Secuencia de bases circundante a la posición 150.

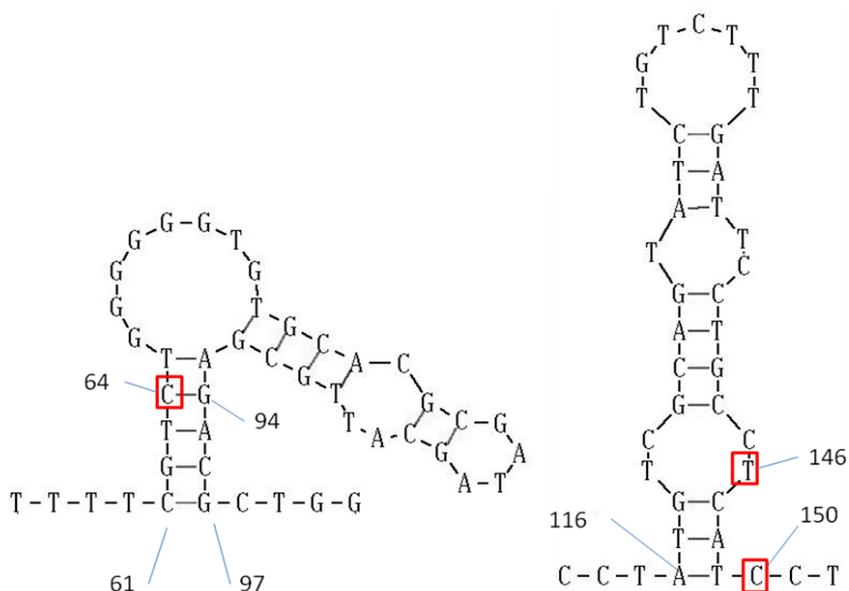


Figura 4.2. Estructuras I (izquierda) y J (derecha) identificadas por Pereira y col. (2008), indicando la ubicación de las posiciones 64, 94, 146 y 150.

#### 4.2.2 DE CÓMO UN ÚNICO EVENTO MUTACIONAL PUEDE AFECTAR A MÁS DE UNA BASE

En las aproximaciones metodológicas tradicionales, cada cambio de base es registrado como un evento independiente, sin embargo, existen eventos mutacionales que involucran a más de una base. Presentamos como ejemplo, la reestructuración en la región comprendida entre las posiciones 55 y 73; en este caso, una inserción en la posición 55 y dos inserciones en la posición 71 que extienden el homopolímero de seis guaninas a ocho, están asociadas a la delección de tres timinas entre las posiciones 58 y 60 (Figura 4.3). Como consecuencia de la presencia de un homopolímero entre las posiciones 66 y 71, esta región presenta gran inestabilidad, registrándose numerosos casos de reticulaciones en las redes filogenéticas generadas por mutaciones en esta región, como sucede al interior de los linajes pertenecientes a B2 definidos, uno por 146-215- 455+T y otro por una transición en la posición 16188 donde son recurrentes las transiciones en 63, 64 y 66, incluso encontrándose transversiones en la posición 66.



Figura 4.3. Reestructuración en la región 55-73.

#### 4.2.3. COROLARIO

A treinta años de la secuenciación en forma completa del ADNmt humano, el conocimiento acumulado acerca de las características de esta molécula, permite analizar en detalle el comportamiento mutacional de cada región y/o posición en particular. De estas observaciones surge la evidencia de que existe interdependencia de las tasas mutacionales entre sitios y es por eso que consideramos que la comparación directa de secuencias no es la alternativa más adecuada para realizar inferencias de afinidad interpoblacional. Así mismo, las mutaciones en la Región Control, propias de los macrohaplogrupos M y N por un lado, y de los haplogrupos A, B, C y D por otro, otorgan un peso decisivo en las comparaciones interpoblacionales, de modo que, en la mayoría de los casos, los análisis a nivel de secuencias que se basan en una comparación directa de las mismas, no son superadores de las comparaciones a nivel de frecuencias de haplogrupos. Proponemos en cambio, un análisis que incorpora criterios externos como la coherencia geográfica y el conocimiento del comportamiento mutacional de determinadas regiones de la molécula, para definir variables operacionales (linajes) cuya frecuencia constituya una medida más ajustada de la diferenciación poblacional.

La aproximación metodológica empleada en esta tesis ofrece como ventaja la utilización de variables que representan entidades reales: cada linaje definido es considerado un grupo monofilético de haplotipos cuyo ancestro común habría vivido en momentos posteriores al poblamiento americano y por lo tanto la historia de la que da cuenta, es aquella ocurrida en la región que nos interesa.

Por otro lado, somos conscientes de que la falta de secuenciación de la región codificante dificulta la identificación de linajes monofiléticos. Existen haplotipos que no presentan mutaciones diagnósticas en la Región Control, de modo que no es posible asignarlos a un linaje, aunque sabemos que seguramente existan relaciones de filiación que no hemos podido recuperar. En los últimos años se han publicado filogenias basadas en secuencias completas de algunos de los haplogrupos nativos americanos (Perego y col. 2009; Perego y col. 2010; Bodner y col. 2012) que dan sustento a algunos de los linajes definidos en esta tesis, mientras que otros conservan el carácter de preliminar. En algunos casos se ha considerado la presencia de mutaciones poco confiables, como 146 al interior del haplogrupo C1b, como indicio de monofilia, sustentada por la coherencia geográfica de la distribución del linaje, sin embargo con este nivel de resolución no es posible afirmar conexiones a nivel extra-regional.

### 4.3 DIFERENCIACIÓN REGIONAL

Hemos visto, a través de la identificación de barreras genéticas y del análisis de la distribución geográfica de los linajes, la existencia de regiones que se caracterizan por presentar una relativa homogeneidad en lo que respecta a la distribución de linajes maternos nativos. Esta homogeneidad es

el reflejo de una historia biológica en común. Desde luego, estas regiones no se han mantenido aisladas y existen hoy en cada una de ellas, tanto linajes propios de otras regiones como linajes cuya adscripción geográfica no ha sido posible establecer a través de los métodos aquí empleados. Sin embargo, la presencia de linajes mayoritarios que muestran una coherencia regional, permite imaginar un escenario en el cual la historia poblacional y demográfica se habría desarrollado de manera independiente en cada una de estas regiones, al menos en determinados momentos del pasado. No hemos incluido aquí una aproximación metodológica que permita estimar los tiempos de coalescencia de los linajes descritos, pero en un trabajo reciente (Bodner y col. 2012) se establecen los fechados para dos de los linajes aquí discutidos, D1j y D1g, los cuales corresponden a los primeros momentos de ocupación humana en la región según el conocimiento actual arqueológico. Teniendo en cuenta que la variabilidad interna de los linajes mayoritarios de cada región, es similar a la de estos dos, puede plantearse un escenario de diferenciación regional desde los primeros momentos de ocupación. La marca de esta diferenciación temprana estaría señalada por estos linajes mayoritarios, mientras que en la actualidad coexisten en cada región, numerosos linajes que darían cuenta del movimiento constante de los humanos, ya sea en forma individual o grupal.

Las regiones identificadas pueden resumirse en tres áreas principales: Puna (Región I), Centro (Región II) y Patagonia (no fue nombrada por no estar comprendida en el área de muestreo), con el agregado de una posible cuarta área correspondiente al sur de San Juan y norte de Mendoza (Región IV), la cual además de compartir características con la región central, presenta también linajes propios que soportarían un escenario de diferenciación independiente. En cuanto a la Región III, consideramos que ésta no constituye un área de diferenciación independiente, sino que queda definida por la extensión del área de influencia de la Región I y la presencia de linajes propios del Chaco y la Amazonia.

Es interesante destacar la particularidad de la localidad de Tartagal que se refleja en el Análisis de Componentes Principales, donde el segundo componente diferencia claramente a esta ciudad del resto. Entendemos que esta particularidad está asociada a la presencia de linajes propios del chaco y del litoral. En este caso la evidencia mitocondrial es coincidente con lo esperado según la evidencia etnográfica, lingüística e histórica que señala a la ciudad de Tartagal y sus alrededores como lugar de asentamiento de comunidades Tobas, Wichís, Chorotes, Chanés y Guaranés, entre otros. Del mismo modo, las localidades de Maimará y La Quiaca muestran una clara diferenciación respecto de las restantes localidades en el Análisis de Componentes Principales. Desde una perspectiva arqueológica la región del norte de Jujuy se caracterizó por el estilo cerámico Yavi-Isla, que se mantuvo como estilo independiente aún en los momentos de expansión del estilo cerámico Aguada, esta diferenciación es interpretada como la existencia de dos esferas de acción independientes (Mandrini, 2008) y es coincidente con la evidencia mitocondrial que señala una marcada diferenciación entre ambas regiones. Sin embargo, es necesario recordar que no se trata de límites infranqueables, que las

diferencias señaladas son diferencias en términos de frecuencias y que, como se señaló anteriormente, algunos de los linajes característicos de la Región I, se extienden hacia el sur, dando lugar a la definición de la Región III. Por otra parte, la amplia distribución de los linajes correspondientes a la Región II incluye a áreas correspondientes a distintos grupos culturales, por lo que no puede hacerse una estricta asociación entre la diferenciación biológica y la diferenciación cultural.

La metodología empleada no es suficiente para discernir la profundidad temporal de los fenómenos de diferenciación regional observados. La información arqueológica disponible, tampoco puede afirmar o negar una continuidad biológica de los grupos humanos asentados en una misma región a lo largo de los milenios. Seguramente los procesos involucraron todas las posibilidades: supervivencia y continuidad en algunos casos, y extinción y reemplazo, en otros, así como también fusión y mestizaje. La respuesta a qué proceso primó en cada región sólo podrá ser abordada cuando se cuente con abundantes datos de calidad de ADN antiguo. Hasta tanto, la información referida a los linajes maternos nativos presentes entre la población actual, da cuenta de la existencia de focos de diferenciación poblacional que podrían remontarse a los primeros momentos de ocupación humana de la región. En este marco proponemos, a modo de hipótesis, un posible escenario de poblamiento regional.

#### 4.4 HIPÓTESIS DE POBLAMIENTO

El intento de reconstruir el pasado a partir de la evidencia genética del presente ha sido denominado por Renfrew (2001) como “arqueogenética” y a ello nos dedicaremos en esta sección. Nos encontramos ante el panorama actual de distribución de linajes, una instantánea que nos ofrece un único plano temporal. Si lo pensamos en términos arqueológicos, podría decirse que carecemos de una estratigrafía que nos permita diferenciar las “capas” temporales, de modo que las mismas se nos presentan mezcladas en un palimpsesto. Para resolver este problema, contamos con un argumento de la filogeografía que propone que a mayor diversidad de un linaje, mayor antigüedad del mismo. Si bien un linaje no es equivalente a una población, puede considerarse la frecuencia y distribución de un linaje como indicio de una determinada historia poblacional. Otra hipótesis que asume la filogeografía es que el lugar donde actualmente se observa mayor variabilidad de un linaje, es el lugar de origen del mismo. Con estas herramientas, pasaremos a discutir posibles escenarios de poblamiento para el subcontinente sudamericano.

En Sudamérica los sitios arqueológicos más tempranos se localizan en la costa pacífica y dada la poca distancia temporal entre los sitios del norte y del sur, se propone un poblamiento rápido por vía pacífica como una de las hipótesis más aceptadas de poblamiento (Rothhammer y Dillehay, 2009 y bibliografía allí citada). En cuanto a la costa atlántica, el problema radica en que el ascenso del nivel del mar trasladó la línea de costa al interior del continente de modo que en caso de existir sitios

tempranos, éstos se hallarían bajo el mar. Los sitios tempranos cercanos al Atlántico se encuentran en los cursos medios de los ríos, sugiriendo un ingreso a través del litoral fluvial (Miotti, 2006).

La forma de triángulo invertido que ofrece el continente sudamericano ubica a la Argentina en el punto de encuentro entre estas dos “corrientes fundadoras” que acabamos de describir. Por un lado la cordillera de los Andes ofrece pasos naturales que son y han sido utilizados por habitantes a ambos lados del cordón montañoso como vía de comunicación e intercambio. Por otro lado, los ríos de la cuenca del Plata se vinculan con las redes fluviales de Bolivia, Paraguay y Brasil, actuando como vías de comunicación y desplazamiento, ofreciendo un ambiente similar en cuanto a la explotación de recursos.

Teniendo en cuenta la evidencia arqueológica y la evidencia mitocondrial, planteamos la existencia de focos de poblamiento, es decir poblaciones que habrían permanecido aisladas o semiaisladas el tiempo suficiente para dar lugar a una diferenciación en las frecuencias de linajes maternos. La deriva génica habría tenido lugar en estas poblaciones, llevando a un aumento de frecuencia de determinadas variantes que serían características de cada región.

En cuanto al poblamiento inicial del noroeste y centro-oeste argentinos, los sitios arqueológicos más antiguos se hallan próximos a la cordillera y son levemente más modernos que los sitios chilenos (Tabla 1.1), indicando un sentido oeste-este para el poblamiento de la región. Por lo tanto el ingreso de los humanos en el territorio que nos ocupa, se habría dado a través de pasos intercordilleranos. La ubicación de los sitios señala al menos dos áreas principales de ingreso, una en la Puna y otra a la altura de Mendoza (Figura 1.5).

En la región del altiplano habría tenido lugar el establecimiento de un foco poblacional. A nivel arqueológico estos primeros asentamientos se reflejan en los sitios Salar de Punta Negra, San Lorenzo, Tuina, Huachichocana, Inca Cueva y Pintoscayoc (Rivero y Berberían 2007). En esta región se habría incrementado considerablemente la frecuencia de linajes B2, especialmente los linajes B2+16188 y B2+146-215-455+T, pero también linajes como D1+16527 y A2+16217. A través del tiempo, los pueblos de esta región se organizaron en sociedades estatales, lo que propició el aumento y la expansión demográfica, así como también el mantenimiento de redes de intercambio que facilitarían el flujo génico y el mantenimiento de la unidad en toda la región.

En las proximidades de la ciudad actual de Santiago de Chile se observa un conjunto de sitios con antigüedades mayores a 10.000 años AP como Quereo, Tagua-Tagua, Quebrada de Santa Julia y El Membrillo (Rivero y Berberían 2007; Jackson y col. 2007). Esta mayor densidad poblacional evidenciada a nivel arqueológico habría propiciado la incursión hacia nuevos territorios, produciéndose así el ingreso al actual territorio argentino que habría quedado registrado en sitios como Agua de la Cueva y Cueva del Indio en la provincia de Mendoza (Rivero y Berberían 2007). Como evidencia molecular de la existencia de un área refugio en los valles cuyanos podemos señalar la presencia de un linaje con mayor frecuencia y diversidad en el área, definido por la transición en la

posición 150 dentro del haplogrupo A2, y también por la presencia de C4c, un linaje fundador descrito hasta el momento únicamente en América del Norte y en el norte de Colombia.

Además de los sitios en torno a la Puna y en los valles cuyanos, se registra la presencia humana temprana en las Sierras Centrales en el sitio El Alto 3, indicando el rápido ingreso al interior del continente. Si bien no puede descartarse la posibilidad de que los habitantes de este primer asentamiento provinieran de la región circumpuneña, o incluso de la región pampeana, la afinidad a nivel de las frecuencias de linajes mitocondriales entre la región central y la de los valles cuyanos, nos inclina en favor de esta ruta de ingreso hacia el interior del continente. A nivel de la evidencia mitocondrial pueden identificarse linajes que claramente presentan mayor frecuencia y diversidad en la región central y por eso lo proponemos como un foco poblacional independiente. En apoyo a este modelo, resalta por su importancia el linaje D1+152-16242-16311, denominado recientemente D1j por Bodner y col. (2012). Este linaje, cuyo carácter monofilético fue confirmado mediante la secuenciación completa del genoma mitocondrial en el citado trabajo, presenta mayor frecuencia en la región central de Argentina y entre las muestras analizadas en esta tesis es notable la correspondencia entre la mayor frecuencia y la mayor diversidad registrada en la localidad de La Rioja. En base a estos datos, discrepamos con la interpretación hecha en el trabajo de Bodner y col. (2012) según la cuál un solo foco poblacional habría dado origen a los linajes D1g y D1j. En su lugar, planteamos un foco poblacional independiente situado ya sea en las sierras centrales o en los valles riojanos, donde habría adquirido mayor frecuencia el linaje D1j. En apoyo de esta hipótesis, el tiempo de coalescencia estimado para D1j (13.900 años AP) es menor al estimado para D1g (18.300 años AP), señalando un establecimiento posterior de la población que habría dado origen al primero. Tal como es esperable teniendo en cuenta un poblamiento por costa pacífica que habría alcanzado en fechas más tempranas una mayor latitud, antes de atravesar la cordillera. Además de D1j, se distinguen por su mayor frecuencia y diversidad en la región del centro-oeste de Argentina, en claro contraste con los linajes típicamente patagónicos, los linajes definidos hasta el momento sólo por mutaciones en la Región Control, C1b+146, B2+16142, C1b+16192 y C1d+195; todos compartidos por la región de los valles cuyanos y por la región central, señalando el estrecho vínculo entre estos dos focos y el mantenimiento del flujo génico entre ambos.

La distribución a nivel sudamericano de estos tres últimos linajes plantea incertidumbres, ya que no puede establecerse fehacientemente un vínculo monofilético en ausencia de datos de la región codificante. Sin embargo, estos potenciales linajes refuerzan la hipótesis de un poblamiento por costa pacífica ya que se distribuyen en los países andinos (figuras 3.15, 3.17 y 3.19). Por otra parte, hacia los 40° de latitud sur, las alturas de la cordillera decrecen y el traspaso del oeste hacia el este pudo haber sido aún más temprano. Este escenario es apoyado por la evidencia mitocondrial, ya que se observa una notable unidad de la Patagonia, tanto argentina como chilena por la presencia compartida de los linajes D1g, B2+470 y C1b+258. En particular el linaje D1g presenta gran diversidad interna como

indicio de gran profundidad temporal por lo que se supone que pertenece a los primeros pobladores del área para los cuales se cuenta con un registro arqueológico. El sitio más temprano reconocido hasta el momento en Sudamérica, Monte Verde, se ubica a los 41 ° de latitud sur, en la Región de los Lagos de Chile, consideramos que esta zona constituyó un foco de poblamiento, desde dónde se habría poblado la región patagónica a ambos lados de la cordillera. En este foco patagónico habrían adquirido preponderancia los linajes D1+16187 (D1g), C1b+258, y B2+470. Los linajes mitocondriales identificados para Tierra del Fuego, tanto entre la población actual como en restos arqueológicos, coinciden con los linajes patagónicos, con la presencia de D4h3a, C1b+258 y D1+16187 (García Bour y col. 2004; de Saint Pierre y col. 2012), señalando que el poblamiento del extremo sur habría ocurrido con posterioridad, luego de la incubación de los linajes patagónicos indicando en este caso una estructuración anidada entre el foco patagónico y el extremo sur insular.

La propuesta de la existencia de estos focos poblacionales se ve reforzada por la evidencia paleoclimática que señala que durante el Holoceno medio (7.000 a 5.000 AP) hubo fluctuaciones climáticas que aumentaron las condiciones de aridez en la región. A nivel arqueológico esto se refleja en una reducción en el número, e incluso la ausencia de sitios en los ambientes más frágiles (Barrientos, 1997; Núñez y col. 1999; Gil y col. 2005). Estas condiciones climáticas son compatibles con la fragmentación del paisaje y el consecuente aislamiento de los grupos humanos, que en ausencia de flujo génico y con un tamaño poblacional reducido habrían estado mayormente afectados por la deriva génica. Estas son las condiciones propicias para la diferenciación a nivel genético de cada población y de esta manera, en cada una de ellas se habrían perdido ciertos linajes al tiempo en que otros adquirieron preponderancia, generándose así linajes propios de cada región.

En cuanto al otro foco poblacional inicial ubicado en la actual costa atlántica de la provincia de Buenos Aires, señalado por la abundancia de sitios arqueológicos tempranos, no es posible hacer inferencias desde el punto de vista de la diversidad mitocondrial en el área, en primer lugar porque no existe un muestreo puntual en el área, pero aún en el caso de que lo hubiera, la dinámica poblacional de la región pampeana bonaerense ha sufrido mayormente el impacto de la inmigración europea de los siglos XVIII y XIX, y previamente el fenómeno conocido como “araucanización de las pampas” que consistió en el desplazamiento masivo de grupos mapuches provenientes de la Araucanía chilena. Estos procesos poblacionales recientes imposibilitan una estrategia metodológica similar a la empleada en esta tesis para acceder al conocimiento de los linajes maternos nativos. Sería muy difícil encontrar entre la población actual bonaerense descendientes de aquellos primeros pobladores.

En lo que respecta a la ruta de poblamiento que se desplazó hacia el este por la costa atlántica, uno de los linajes sobresalientes es D1+16142 (D1f *sensu* Kumar y col. 2011), cuyas mayores frecuencias se concentran en el norte de Brasil, y que alcanza el territorio argentino en la región del litoral, reforzando la idea de las vías fluviales como rutas de poblamiento (Figura 3.27g).

La región muestreada en esta tesis se encuentra mayormente afectada por los procesos poblacionales andinos, pero en la Región III se distinguen linajes con un claro origen chaqueño o litoral, como A2+16051, B2+197-207-292 y D1f (Figuras 3.26 y 3.27). En las denominadas tierras bajas, se habrían constituido otros focos de diferenciación poblacional que también forman parte, aunque en menor medida, de la dinámica poblacional de la región en estudio.

Discutiremos a continuación los modelos propuestos desde una interpretación basada en medidas craneométricas en relación con el modelo planteado en base a la distribución de linajes mitocondriales.

Las investigaciones en morfología craneana se han centrado fundamentalmente en la discusión acerca del número de corrientes fundadoras u “oleadas migratorias” que poblaron Sudamérica (González-José, 2003; Neves y Hubbe, 2005; Pérez y col. 2007; Pérez y col. 2009). Este debate carece de asidero desde una perspectiva molecular, ya que se ha demostrado que todas las poblaciones americanas, incluso aquellas calificadas como “relictos” tales como las fueguinas, comparten los mismos subhaplogrupos que son derivados de clados de mayor jerarquía propios de Asia. Un trabajo reciente, basado en el análisis de polimorfismos en todo el genoma, comprueba que todos los pueblos americanos son el resultado de una única migración inicial, a la que posteriormente se habrían sucedido dos expansiones que no habrían alcanzado Sudamérica (Reich y col. 2012).

En cuanto a la diferenciación geográfica de las poblaciones en Argentina, Fabra y col. (2007) evalúan distintos modelos de poblamiento para el cono sur, a partir del análisis de 13 medidas craneanas en adultos varones, correspondientes a diez poblaciones del territorio argentino. Encuentran mayor afinidad entre las muestras del Litoral, las Sierras Centrales y Patagonia y proponen un poblamiento en sentido noreste suroeste. Esta interpretación, difiere rotundamente con el modelo de poblamiento propuesto en base al análisis de distribución de los linajes maternos en muestras actuales. Por el contrario, en esta tesis encontramos una mayor afinidad entre las Sierras Centrales y el Centro Oeste argentino, proponiendo una ruta de poblamiento por la costa pacífica, que habría ingresado en territorio argentino a través de los pasos cordilleranos ubicados a la altura de Mendoza y/o San Juan. Asimismo en el análisis de distribución de linajes a nivel sudamericano, no se han hallado en Patagonia, linajes compartidos con el Litoral. Los linajes patagónicos alcanzan su menor latitud en la región oeste, con la presencia de D1g en la provincia de Catamarca, indicando la existencia de flujo génico entre la Patagonia y el centro-oeste argentino.

Nuestros resultados son más próximos a los expuestos por Cocilovo y Di Rienzo (1984-1985), quienes basándose también en datos craneométricos, encuentran mayor afinidad entre las muestras de la Región Central (Córdoba y Santiago del Estero) respecto de las de Belén y a su vez entre ésta última y San Juan y Mendoza. Proponen una dirección de poblamiento norte-sur, que a partir de los valles Calchaquíes y a través de Belén, se habría bifurcado en dos rutas, una precordillerana y otra chaco-serrana. En esta tesis, por el contrario proponemos que el poblamiento de la Región Central se habría

dado desde la región de San Juan y Mendoza basándonos en la presencia compartida de linajes mitocondriales entre ambas regiones y en los fechados de los sitios arqueológicos tempranos próximos a la cordillera. Según nuestro análisis, Belén representa por un lado, el extremo sur de dispersión de linajes propios del sur de Bolivia y la Puna y por otro constituye un sector periférico de distribución de los linajes propios de la región centro-oeste. Más allá de las discusiones en torno al sentido de las rutas de poblamiento, coincidimos con el trabajo de Cocilovo y DiRenzo en el sentido de vincular a las poblaciones del NOA y CO-A como una entidad diferenciada respecto de las poblaciones del litoral.

El modelo de poblamiento, basado en la distribución actual de linajes maternos (Figura 4.4) es por supuesto, una propuesta que deberá ser contrastada con futuras investigaciones. En especial sería muy valioso contar con datos de ADN antiguo, ya que la distribución actual de los linajes puede estar enmascarando procesos poblacionales tempranos, tal vez algunas de las primeras ocupaciones territoriales fueron infructuosas y ya no existen linajes de aquellos primeros pobladores en la población actual, o existen en un reducido número y no han sido detectados por el muestreo.



Figura 4.4. Modelo de poblamiento sudamericano propuesto en esta tesis. Se señalan los focos de poblamiento discutidos en el texto.

## CAPÍTULO V: CONCLUSIONES

- Se demostró la persistencia de un alto porcentaje de linajes maternos nativos en las regiones del Noroeste y Centro-oeste de Argentina.
- El análisis de la población actual constituye una alternativa válida de acceso al conocimiento de los linajes maternos nativos y su distribución espacial, siempre y cuando se considere la información histórica y genealógica como control de los efectos de las migraciones interregionales.
- La identificación de linajes monofiléticos al interior de cada haplogrupo permitió identificar diferencias regionales a nivel subcontinental y así refinar los estudios de afinidades y diferenciación poblacional.
- Se pudo comprobar una estructuración regional de los linajes maternos, identificándose la existencia de focos o centros de distribución de linajes que coinciden con la Puna, el Centro, los valles andinos del norte de Mendoza y sur de San Juan, el Chaco y la Patagonia.
- Mientras que en cada población coexisten múltiples linajes maternos, producto de distintos procesos de movilidad poblacional a lo largo del tiempo; pueden identificarse linajes que por su frecuencia y diversidad estarían asociados a momentos tempranos del poblamiento de la región.

## CAPÍTULO VI: REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Achilli** A, Rengo C, Magri C, Battaglia V, Olivieri A, Scozzari R, Cruciani F, Zeviani M, Briem E, Carelli V, Moral P, Dugoujon JM, Roostalu U, Loogvali EL, Kivisild T, Bandelt HJ, Richards M, Villems R, Santachiara-Benerecetti AS, Semino O, Torroni A. 2004. The molecular dissection of mtDNA haplogroup H confirms that the Franco-Cantabrian glacial refuge was a major source for the European gene pool. *American Journal of Human Genetics*; 75(5):910-8.
- Achilli** A, Perego UA, Bravi CM, Coble MD, Kong QP, Woodward SR, Salas A, Torroni A, Bandelt HJ. 2008. The phylogeny of the four pan-American MtDNA haplogroups: implications for evolutionary and disease studies. *PLoS One*; 3(3):e1764.
- Afonso** CH, Carvalho M, Lopes V, Balsa F, Bento A, Serra A, Andrade L, Anjos MJ, Vide MC, Pantoja S, Vieira DN, Corte-Real F. 2010. Mitochondrial DNA sequence analysis of a native Bolivian population. *Journal of Forensic and Legal Medicine*; 17(5):247-53.
- Albeck** E, Ruiz MS. 2003. El tardío en la puna de Jujuy: poblados, etnias y territorios. *Cuadernos FHyCS-UNJu*; 20:199-219.
- Alvarez-Iglesias** V, Jaime JC, Carracedo A, Salas A. 2007. Coding region mitochondrial DNA SNPs: targeting East Asian and Native American haplogroups. *Forensic Science International Genetics*; 1:44-55.
- Alves-Silva** J, da Silva Santos M, Guimarães PE, Ferreira ACS, Bandelt H-J, Pena SDJ, Ferreira Prado V. 2000. The ancestry of Brazilian mtDNA lineages. *American Journal of Human Genetics*; 67(2):444-61.
- Anderson** S, Bankier AT, Barrell BG, de Bruijn MH, Coulson AR, Drouin J, Eperon IC, Nierlich DP, Roe BA, Sanger F, Schreier PH, Smith AJ, Staden R, Young IG. 1981. Sequence and organization of the human mitochondrial genome. *Nature*; 290(5806):457-65.
- 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*; 23:147
- Aris-Brosou** S, Excoffier L. 1996. The impact of population expansion and mutation rate heterogeneity on DNA sequence polymorphism. *Molecular Biology and Evolution*; 13(3):494-504.
- Avena** SA, Goicoechea AS, Dugoujon JM, Rey J, Dejean CB; Carnese FR. 2006. Mezcla génica en la Región Metropolitana de Buenos Aires. *Revista Medicina* 66:113-118.
- Avena** SA, Goicoechea A, Bartomioli M, Fernández V, Cabrera A, Dugoujon JM, Dejean C, Fabrykant G, Carnese FR. 2007. Mestizaje en el sur de la región pampeana (Argentina). *Revista Argentina de Antropología Biológica*; 9(2):59-76.

- Avena** SA, Parolin ML, Dejean C, Ríos Part MC, Fabrikant G, Goicoechea AS, Dugoujon JM, Carnese FR. 2009. Mezcla génica y linajes uniparentales en Comodoro Rivadavia (provincia de Chubut, Argentina). *Revista Argentina de Antropología Biológica*; 11(1):25-41.
- Avena** SA, Parolin ML, Boquet M, Dejean CB, Postillone MB, Alvarez Trentini Y, Di Fabio Rocca F, Mansilla F, Jones L, Dogoujon JM, Carnese FR. 2010. Mezcla génica y linajes uniparentales en Esquel (Pcia. de Chubut): Su comparación con otras muestras poblacionales argentinas. *BAG. Journal of Basic and Applied Genetics*; 21(1):01–14.
- Ávila** F. 2005. El estilo alfarero yavi y su relación con la construcción de entidades culturales. *Theoria*; 14(1):85–101.
- Avise** JC, Arnold J, Ball RM, Bermingham E, Lamb T, Neigel JE, Reeb CA, Saunders NC. 1987. Intraspecific phylogeography: the mitochondrial DNA bridge between population genetics and systematics. *Annual review of ecology and systematics*: 489–522.
- Avise** JC. 2000. *Phylogeography: The history and formation of species*. Harvard University Press, Londres.
- Baeta** M, Núñez C, González-Andrade F, Sosa C, Casalod Y, Bolea M, Zweynert S, Vacas Cruz OW, González-Solorzano J, Geppert M, Roewer L, Martínez-Jarreta B. 2009. Mitochondrial analysis revealed high homogeneity in the Waorani population—The last nomadic group of hunter-gatherers from Ecuador. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series*; 2(1):313–4.
- Bailliet** G, Rothhammer F, Carnese FR, Bravi CM, Bianchi NO. 1994. Founder mitochondrial haplotypes in Amerindian populations. *American Journal of Human Genetics*; 27–33.
- Bandelt** HJ, Forster P, Sykes B, Richards M. 1995. Mitochondrial portraits of human populations using median networks. *Genetics*; 147:743-753.
- Bandelt** HJ, Herrnstadt C, Yao Y-G, Kong Q-P, Kivisild T, Rengo C, Scozzari R, Richards M, Villems R, Macaulay V, Howell N, Torroni A, Zhang Y-P. 2003. Identification of native american founder mtDNAs through the analysis of complete mtDNA sequences. *Annals of Human Genetics*; 1–13.
- Bandelt** HJ, Parson W. 2008. Consistent treatment of length variants in the human mtDNA control region: a reappraisal. *International Journal of Legal Medicine*; 122(1):11–21.
- Barbieri** C, Heggarty P, Castrì L, Luiselli D, Pettener D. 2011. Mitochondrial DNA variability in the Titicaca basin: Matches and mismatches with linguistics and ethnohistory. *American journal of Human Biology : the official journal of the Human Biology Council*; 23(1):89–99.
- Barbosa** ABG, da Silva LAF, Azevedo D a, Balbino VQ, Mauricio-da-Silva L. 2008. Mitochondrial DNA control region polymorphism in the population of Alagoas state, north-eastern Brazil. *Journal of Forensic Sciences*; 53(1):142–6.

- Barrientos G.** 1997. Nutrición y dieta de las poblaciones aborígenes prehispanicas del sudeste de la región pampeana. Tesis Doctoral. La Plata, Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Universidad Nacional de La Plata.
- Behar DM,** Villems R, Soodyall H, Blue-Smith J, Pereira L, Metspalu E, Scozzari R, Makkan H, Tzur S, Comas D, Bertranpetit J, Quintana-Murci L, Tyler-Smith C, Wells RS, Genographic Consortium. 2008. The dawn of human matrilineal diversity. *The American Journal of Human Genetics*; 82(5):1130–1140.
- Benclowicz, J.D.,** 2011. Aportes para la Historia del Norte de Salta. Conformación y desarrollo de las localidades de Tartagal y General Mosconi durante la primera mitad del siglo XX. *Andes* 22, 0-0.
- Bert F,** Corella A, Gene M. 2004. Mitochondrial DNA diversity in the Llanos de Moxos : Moxo , Movima and Yuracare Amerindian populations from Bolivia lowlands. *Annals of Human Biology*; 31(1):9–28.
- Bobillo MC,** Zimmermann B, Sala A, Huber G, Röck A, Bandelt H-J, Corach D, 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.
- Bodner M,** Perego U a, Huber G, Fendt L, Röck AW, Zimmermann B, Olivieri A, Gómez-Carballa A, Lancioni H, Angerhofer N, Bobillo MC, Corach D, Woodward SR, Salas A, Achilli A, Torroni A, Bandelt H-J, Parson W. 2012. Rapid coastal spread of First Americans: Novel insights from South America’s Southern Cone mitochondrial genomes. *Genome research*; en prensa.
- Bonilla C,** Bertoni B, Gonzalez S, Cardoso H, Brum-Zorrilla N, 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*; 16:289–297
- Bortolini MC,** Araujo Da Silva Junior W, Castro de Guerra D, Remonato G, Mirandola R, Hutz MH, Weimer TA, Silva MCBO, Zago MA, Salzano FM. 1999. African-derived South American populations : A history of symmetrical and asymmetrical matings according to sex revealed by bi- and uni-parental genetic markers. *American Journal of Human Biology*; 11: 551-63
- Brandstätter A,** Peterson CT, Irwin JA, Mpoke S, Koech DK, Parson W, Parsons TJ. 2004. Mitochondrial DNA control region sequences from Nairobi (Kenya): inferring phylogenetic parameters for the establishment of a forensic database. *International Journal of Legal Medicine*; 118(5):294-306

- Brandstätter A**, Egyed B, Zimmermann B, Duftner N, Padar Z, Parson W. 2007. Migration rates and genetic structure of two hungarian ethnic groups in Transylvania, Romania. *Annals of Human Genetics* 71(Pt 6):791-803
- Bryc K**, Velez C, Karafet T, Moreno-Estrada A, Reynolds A, Auton A, Hammer M, Bustamante CD, Ostrer H. 2010. Colloquium paper: genome-wide patterns of population structure and admixture among Hispanic/Latino populations. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*; 107 Suppl :8954–61.
- Cabana GS**, Merriwether DA, Hunley KL, Demarchi D. 2006. Is the genetic structure of Gran Chaco populations unique? Interregional perspectives on Native South American mitochondrial DNA variation. *American Journal of Physical Anthropology*; 131 (1): 108-19.
- Campañã H**, Pawluk MS, López Camelo JS. 2010. Prevalencia al nacimiento de 27 anomalías congénitas seleccionadas, en 7 regiones geográficas de Argentina. *Archivos Argentinos de Pediatría*; 108(5):409-417.
- Carnese FR**, Mendisco F, Keyser C, Dejean CB, Dugoujon J-michel, Bravi CM, Ludes B, Crubézy E. 2010. Paleogenetical study of pre-columbian samples. *American Journal of Physical Anthropology*; 141(3): 452-62.
- Carvajal-Carmona LG**, Soto ID, Pineda N, Ortíz-Barrientos D, Duque C, Ospina-Duque J, McCarthy M, Montoya P, Alvarez VM, Bedoya G, Ruiz-Linares A. 2000. Strong Amerind/white sex bias and a possible Sephardic contribution among the founders of a population in northwest Colombia. *The American Journal of Human Genetics*; 67(5):1287–1295.
- Carvalho BM**, Bortolini MC, Batista dos Santos SE, Campos Ribeiro-dos-Santos AK. 2008. Mitochondrial DNA mapping of social-biological interactions in Brazilian Amazonian African-descendant populations. *Genetics and Molecular Biology*; 31 (1): 12–22.
- Castro de Guerra D**, Figuera Pérez C, Bravi CM, Sunier J, Scheible M, Irwin J, Coble MD. 2011. Sequence variation of mitochondrial DNA control region in North Central Venezuela. *Forensic Science International Genetics*. doi:10.1016/j.fsigen.2011.11.004
- Catelli ML**, Alvarez-Iglesias V, Gomez-Carballa A, Mosquera-Miguel A, Romanini C, Borosky A, Amigo J, Carracedo A, Vullo C, Salas A. 2011. The impact of modern migrations on present-day multi-ethnic Argentina as recorded on the mitochondrial DNA genome. *BMC genetics*; 12(1):77.
- Censabella M**. 1999. Las lenguas indígenas de la Argentina. Una mirada actual. Ed. Eudeba.
- Cerezo M**, Achilli A, Olivieri A, Perego UA, Gómez-Carballa A, Brisighelli F, Lancioni H, Woodward SR, López-Soto M, Carracedo A, Capelli C, Torroni A, Salas A. 2012. Reconstructing ancient mitochondrial DNA links between Africa and Europe. *Genome Res*; 22(5):821-6

- Cocilovo JA, Di Rienzo JA.** 1984-1985. Un modelo biológico para el estudio del poblamiento prehispánico del territorio argentino. Correlación fenético-espacial. *Relaciones de la Sociedad Argentina de Antropología*; 15: 119-135
- Corella A, Bert F, Pérez-Pérez A, Gené M, Turbón D.** 2007. Mitochondrial DNA diversity of the Amerindian populations living in the Andean Piedmont of Bolivia: Chimane, Mosen, Aymara and Quechua. *Annals of Human Biology*; 34(1):34–55.
- de Saint Pierre M, Bravi CM, Motti JMB, Fuku N, Tanaka M, Bonatto SL, Moraga M.** 2012. An alternative model for the early peopling of southern South America revealed by analyses of three new mitochondrial DNA haplogroups. *PlosOne*, en prensa.
- Diaz-Matallana M, Martinez-Cruzado JC.** 2010. Estudios sobre ADN mitocondrial sugieren un linaje predominante en la cordillera Oriental de Colombia y un vínculo suramericano para los arcaicos de Puerto Rico. *Universidad Médica de Bogotá*; 51(3):241–72.
- 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.
- Dornelles CL, Battilana J, Fagundes NJR, Freitas LB, Bonatto SL.** 2004. Mitochondrial DNA and Alu Insertions in a Genetically Peculiar Population : The Ayoreo Indians of Bolivia and Paraguay. *American Journal of Human Biology*; 16:479–88.
- Dornelles CL, Bonatto SL, De Freitas LB, Salzano FM.** 2005. Is haplogroup X present in extant South American Indians? *American Journal of Physical Anthropology*; 127(4):439–48.
- Escolar D.** 2001. Subjetividad y estatalidad: usos del pasado y pertenencias indígenas en Calingasta. En: Susana Bandieri coordinadora. *Cruzando la cordillera... La frontera argentino-chilena como espacio social*. CEHR. Universidad Nacional del Comahue. p 141-165.
- Escolar D.** 2007. Los dones étnicos de la nación: identificaciones huarpe y modos de producción de soberanía en Argentina. Ed. Prometeo. Buenos Aires.
- Estrada-Cuzcano A, Sandoval J, Guevara-Fujita ML, Fujita R.** 2006. Uso de la técnica SSCP para detectar mutaciones puntuales del ADN mitocondrial humano. *Revista Peruana de Biología*; 12(3):349–58.
- Excoffier L, Laval LG, Schneider S.** 2005. Arlequin ver. 3.0: An integrated software package for population genetics data analysis. *Evolutionary Bioinformatics Online* 1:47-50.
- Fabra M, Laguens G, Demarchi DA.** 2007. Human Colonization of the Central Territory of Argentina : Design Matrix Models and Craniometric Evidence. *American Journal of Physical Anthropology*; 133:1060–6.
- Fagundes NJR, Kanitz R, Eckert R, Valls ACS, Bogo MR, Salzano FM, Glenn Smith D, Silva Jr. WA, Zago MA, Ribeiro-dos-Santos AK, Santos SEB, Petz-Erler ML, Bonatto SL.** 2008.

- Mitochondrial population genomics supports a single pre-Clovis origin with a coastal route for the peopling of the Americas. *Journal of Human Genetics*; 82:583–92.
- Fehren-Schmitz** L, Reindel M, Cagigao ET, Hummel S, Herrmann B. 2009. Pre-Columbian population dynamics in coastal southern Peru: A diachronic investigation of mtDNA patterns in the Palpa region by ancient DNA analysis. *American Journal of Physical Anthropology*; 141(2):208–21.
- Feio-Dos-Santos** AC, Carvalho BM, Batista dos Santos SE, Ribeiro-dos-santos AK. 2006. Nucleotide variability of HV-I in admixed population of the Brazilian Amazon Region. *Forensic Science International*; 164(2-3):276–7.
- Figueiro** G, Hidalgo PC, Sans M. 2011. Control region variability of haplogroup C1d and the tempo of the peopling of the Americas. *PloS one*; 6(6):e20978.
- Forster** P, Harding R, Torroni A, Bandelt HJ. 1996. Origin and evolution of Native American mtDNA variation: a reappraisal. *American Journal of Human Genetics*; 59(4):935-45.
- Frazier** TM. 1960. A note on race-specific congenital malformation rates. *American Journal of Obstetrics and Gynecology*; 80:184-185.
- Fuselli** S, Tarazona-santos E, Dupanloup I, Soto A, Luiselli D, Pettener D. 2003. Mitochondrial DNA diversity in South America and the genetic history of Andean highlanders. *Molecular Biology and Evolution*; 20(10):1682–1691.
- García** A, Demarchi DA. 2009. Incidence and distribution of Native American mtDNA haplogroups in central Argentina. *Human Biology*; (1):59-69.
- García-Bour** J, Pérez-Pérez A, Alvarez S, Fernandez E, Lopez-Parra AM, Arroyo-Pardo E, Turbón D. 2004. Early population differentiation in extinct aborigines from Tierra del Fuego-Patagonia: ancient mtDNA sequences and Y-Chromosome STR characterization. *American Journal of Physical Anthropology*; 123: 361–70.
- Gayà-Vidal** M, Moral P, Saenz-Ruales N, Gerbault P, Tonasso L, Villena M, Vasquez R, Bravi CM, Dugoujon J-M. 2011. mtDNA and Y-chromosome diversity in Aymaras and Quechuas from Bolivia: Different stories and special genetic traits of the Andean Altiplano populations. *American Journal of Physical Anthropology*; en prensa
- Ghose** C, Perez-perez GI, Pride DT, Bravi CM, Blaser MJ. 2002. East Asian genotypes of *Helicobacter pylori* strains in Amerindians provide evidence for its ancient human carriage. *Proceedings of the National Academy of Sciences*; 99(23):15107–11.
- Gil** AF, Zárate M, Neme G. 2005. Mid-Holocene paleoenvironments and the archeological record of southern Mendoza, Argentina. *Quaternary International*; 132:81–94.
- Gilbert** MT, Willerslev E, Hansen AJ, Barnes I, Rudbeck L, Lynnerup N, Cooper A. 2003. Distribution patterns of postmortem damage in human mitochondrial DNA. *American Journal of Human Genetics* 72:32–47

- Ginther C**, Corach D, Penacino GA, Rey JA, Carnese FR, Hutz MH, Anderson A, Just J, Salzano FM, King M-C. 1993. Genetic variation among the Mapuche Indians from the Patagonian region of Argentina: Mitochondrial DNA sequence variation and allele frequencies of several nuclear genes. En: Pena SDJ, Chakraborty R, Epplen JT, Jeffreys AJ, eds. *DNA Fingerprinting: State of the Science*, Birkhauser Verlag Basel, pp 211-219.
- Golden Software**, Inc. 2002. *Surface Mapping System. Surfer v. 8.0*. Golden, Colorado.
- Gonçalves VF**, Carvalho CMB, Bortolini MC, Bydlowski SP, Pena SDJ. 2008. The phylogeography of African Brazilians. *Human Heredity*; 65(1):23–32.
- Gonçalves VF**, Parra FC, Gonçalves-Dornelas H, Rodrigues-Carvalho C, Silva HP, Pena SDJ. 2010. Recovering mitochondrial DNA lineages of extinct Amerindian nations in extant homopatric Brazilian populations. *Investigative genetics*; 1(1):13.
- González AR**. 1960 La estratigrafía de la gruta de Intihuasi (Prov. de San Luis, R.A.) y sus relaciones con otros sitios precerámicos de Sudamérica. *Revista del Instituto de Antropología*; 1:5-302.
- González AR**. 1979. Dinámica Cultural del N. O. Argentino. Evolución e historia en las culturas del N. O. argentino. *Antiquitas*; 28-29: 1-15
- González-José R**. 2003. El poblamiento de la patagonia. Análisis de la variación craneofacial en el contexto del poblamiento americano. Tesis Doctoral. Universidad de Barcelona.
- Goudet J**. 1996. FSTAT A computer program to calculate F-statistics. Version 1.2. *Journal of Heredity*; 86: 485–486
- Grzybowski T**, Malyarchuk BA, Derenko MV, Perkova MA, Bednarek J, Woźniak M. 2007. Complex interactions of the Eastern and Western Slavic populations with other European groups as revealed by mitochondrial DNA analysis. *Forensic Science International Genetics*; 1(2):141-7
- Guerreiro-Junior V**, Bisso-Machado R, Marrero AR, Hünemeier T, Salzano FM, Bortolini MC. 2009. Genetic signatures of parental contribution in black and white populations in Brazil. *Genetics and Molecular Biology*; 32(1):1–11.
- Guzmán F**. 2006. Africanos en la Argentina: Una reflexión desprevenida. *Andes* 17:197-238.
- Haber M**, Youhanna SC, Balanovsky O, Saade S, Martínez-Cruz B, Ghassibe-Sabbagh M, Shasha N, Osman R, el Bayeh H, Koshel S, Zaporozhchenko V, Balanovska E, Soria-Hernanz DF, Platt DE, Zalloua PA. 2012. mtDNA lineages reveal coronary artery disease-associated structures in the Lebanese population. *Annals of Human Genetics*; 76(1):1-8.
- Helgason A**, Pálsson G, Pedersen HS, Angulalik E, Gunnarsdóttir ED, Yngvadóttir B, Stefánsson K. 2006. mtDNA variation in Inuit populations of Greenland and Canada: migration history and population structure. *American Journal of Physical Anthropology*; 130(1):123–134.

- Hennig W.** 1968. Elementos de una sistemática filogenética. EUDEBA, Buenos Aires
- Horai S,** Kondo R, Nakagawa-hattori Y, Hayashi S, Sonoda S, Tajima K. 1993. Peopling of the Americas, founded by four major lineages of mitochondrial DNA. *Molecular Biology and Evolution*; 10(1):23–47.
- Howell N,** Kubacka I, Mackey DA. How rapidly does the human mitochondrial genome evolve? 1996. *American Journal of Human Genetics*; 59(3):501-9.
- Howell N,** Smejkal CB, Mackey DA, Chinnery PF, Turnbull DM, Herrnstadt C. 2003. The pedigree rate of sequence divergence in the human mitochondrial genome: there is a difference between phylogenetic and pedigree rates. *American Journal of Human Genetics*; 72(3):659-70.
- INDEC.** 2001. Censo Nacional de Población, Hogares y Viviendas. [www.indec.gov.ar](http://www.indec.gov.ar)
- Ingman M,** Kaessmann H, Paabo S, Gyllensten U. 2000. Mitochondrial genome variation and the origin of modern humans. *Nature*; 408(6813):708–13.
- Ivanov PL,** Wadhams MJ, Roby RK, Holland MM, Weedn VW, Parsons TJ. 1996. Mitochondrial DNA sequence heteroplasmy in the Grand Duke of Russia Georgij Romanov establishes the authenticity of the remains of Tsar Nicholas II. *Nature Genetics*; 12: 417–42
- Jackson D,** Mendez C, Seguel R, Maldonado A, Vargas G. 2007. Initial occupation of the Pacific coast of Chile during Late Pleistocene times. *Current Anthropology*; 48(5):725–31.
- Kashani BH,** Perego UA, Olivieri A, Angerhofer N, Gandini F, Carossa V, Lancioni H, Semino O, Woodward SR, Achilli A, Torroni A. 2012. Mitochondrial haplogroup C4c: A rare lineage entering America through the ice-free corridor? *American Journal of Physical Anthropology*; 147: 35–9.
- Kemp BM,** Tung TA, Summar ML. 2009. Genetic continuity after the collapse of the Wari empire: mitochondrial DNA profiles from Wari and post-Wari populations in the ancient Andes. *American Journal of Physical Anthropology*; 140(1):80–91.
- Kivisild T,** Shen P, Wall DP, Do B, Sung R, Davis K, Passarino G, Underhill PA, Scharfe C, Torroni A, Scozzari R, Modiano D, Coppa A, de Knijff P, Feldman M, Cavalli-Sforza LL, Oefner P. 2006. The role of selection in the evolution of human mitochondrial genomes. *Genetics*; 172(1):373-87.
- Kloss-Brandstaetter A,** Pacher D, Schoenherr S, Weissensteiner H, Binna R, Specht G, Kronenberg F. 2010. HaploGrep: a fast and reliable algorithm for automatic classification of mitochondrial DNA haplogroups <http://www.haplogrep.uibk.ac.at> doi: 10.1002/humu.21382
- Kocher TD,** Wilson AC. 1991. Sequence evolution of mitochondrial DNA in humans and chimpanzees: control region and protein-coding regions, pp. 391–413 in *Evolution of Life: Fossils, Molecules and Culture*, edited by S. Osawa and T. Honio. Springer Verlag, Tokyo

- Kumar S**, Bellis C, Zlojutro M, Melton PE, Blangero J, Curran JE. 2011. Large scale mitochondrial sequencing in Mexican Americans suggests a reappraisal of Native American origins. *BMC evolutionary biology*; 11(1):293.
- Lagiglia H**. 1976. La Cultura de Viluco del Centro Oeste Argentino. *Actas y Memorias IV Congreso Nacional de Arqueología Argentina*; 3 (1/4): 227-265 San Rafael, Mendoza
- Lander N**, Rojas MG, Chiurillo MA, Ramírez JL. 2008. Haplotype diversity in human mitochondrial DNA hypervariable regions I-III in the city of Caracas (Venezuela). *Forensic Science International Genetics*; 2(4):e61–4.
- Lattes AE**. 1973. Las migraciones en la Argentina entre mediados del siglo XIX y 1960. *Desarrollo Económico*; XII(48):1–20.
- Lewis CM**, Tito RY, Lizárraga B, Stone AC. 2005. Land, language, and loci: mtDNA in Native Americans and the genetic history of Peru. *American Journal of Physical Anthropology*; 127: 351–360.
- Lewis CM**, Lizárraga B, Tito RY, López PW, Iannacone GC, Medina A, Martínez R, Polo SI, De la Cruz AF, Cáceres AM, Stone AC. 2007. Mitochondrial DNA and the peopling of South America. *Human Biology; an international record of research*; 79(2):159–78.
- Lobos N**. 2004. Para pensar la identidad cultural en el desierto de Lavalle. *Revista Confluencia*; 1(4): 1-20. Mendoza, Argentina.
- Lorandi AM**. 1998. Los Diaguitas y el Tawantinsuyu: una hipótesis de conflicto. En: *La frontera del estado Inca*. Dillehay y Netherly comps.
- Macaulay V**, Richards M, Forster P, Bendall K, Watson E, Sykes B, Bandelt H-J. mtDNA mutation rates-no need to panic. 1997. *American Journal of Human Genetics*; 61:983-986.
- Malhi RS**, Cybulski JS, Tito RY, Johnson J, Harry H, Dan C. 2010. Brief Communication : Mitochondrial Haplotype C4c Confirmed as a Founding Genome in the Americas. *American Journal of Physical Anthropology*; 141:494–7.
- Mandrini R**. 2008. *La Argentina Aborigin. De los primeros pobladores a 1910*. Buenos Aires: Siglo XXI Editores.
- Manni F**, Guérard E, Heyer E. 2004. Geographic patterns of (genetic, morphologic, linguistic) variation: how barriers can be detected by “Monmonier’s algorithm”. *Human Biology*; 76(2): 173-190.
- Margulis L**. 1967. On origin of mitosing cells. *Journal of theoretical biology*; 14 (3), 225-274.
- Marinho AN do Rosário**, de Moraes MR, Santos S, Ribeiro-Dos-Santos A. 2011. Human aging and somatic point mutations in mtDNA: A comparative study of generational differences (grandparents and grandchildren). *Genetics and Molecular Biology*; 34(1):31–4.

- Marrero AR**, Das Neves Leite FP, De Almeida Carvalho B, Peres LM, Kommers TC, Da Cruz IM, Salzano FM, Ruiz-Linares A, Araujo Da Silva Junior W, Bortolini MC. 2005. Heterogeneity of the genome ancestry of individuals classified as White in the state of Rio Grande do Sul, Brazil. *American journal of Human Biology : the official journal of the Human Biology Council*; 17(4):496–506.
- Marrero AR**, Bravi CM, Stuart S, Long JC, Pereira das Neves Leite F, Kommers T, Carvalho CMB, Junho Pena SD, Ruiz-Linares A, Salzano FM, Bortolini MC. 2007. Pre- and post-Columbian gene and cultural continuity: the case of the Gaucho from southern Brazil. *Human Heredity*; 64(3):160-71.
- Martínez H**, Rodríguez-Larralde A, Izaguirre MH, Castro-de-Guerra D. 2007. Admixture estimates for Caracas, Venezuela, based on autosomal, Y-Chromosome, and mtDNA markers. *Human Biology*; 79(2):201–13.
- Martínez-Marignac VL**, Bravi CM, Lahitte HB, Bianchi NO. 1999. Estudio del ADN mitocondrial de una muestra de la ciudad de La Plata. *Revista Argentina de Antropología Biológica*; 2(1):281–300.
- Mazières S**. 2006. Le peuplement amerindien de la guyane française: apport des marqueurs moléculaires. Université Toulouse III – paul sabatier U.F.R. SVT. Universidade Federal do Rio Grande do sul. Departamento de genética.
- Mendisco F**, Keyser C, Hollard C, Seldes V, Nielsen AE, Crubézy E, Ludes B. 2011. Application of the iPLEX(TM) Gold SNP genotyping method for the analysis of Amerindian ancient DNA samples: Benefits for ancient population studies. *Electrophoresis*; en prensa.
- Metspalu E**, Mait, Bandelt H-J, Kivisild T, Richards MB, Villems R. 2006. The pioneer settlement of modern humans in Asia. En: *Human Mitochondrial DNA and the Evolution of Homo Sapiens*. Hans-Jürgen Bandelt, Vincent Macaulay y Martin Richards (Eds.)
- Michieli CT**. 1983. Los huarpes protohistóricos. San Juan, Instituto de Investigaciones Arqueológicas y Museo UNSJ.
- Michieli CT**. 1996. Realidad socioeconómica de los indígenas de San Juan en el Siglo XVII. Instituto de Investigaciones Arqueológicas y Museo Universidad Nacional de San Juan. San Juan, Argentina.
- Michieli CT**. 2000. La disolución de la categoría Jurídico-Social de "indio" en el siglo XVIII: El caso de San Juan (Región de Cuyo). Publicaciones 23 (nueva serie). Universidad Nacional de San Juan.
- Miotti LL**. 2006. La fachada atlántica, como puerta de ingreso alternativa de la colonización humana de América del Sur durante la transición Pleistoceno/Holoceno. En 2° Simposio Internacional

- del Hombre Temprano en América (J. C. Jiménez López y col, eds.). Instituto Nacional de Antropología e Historia, México: 155–88.
- Mishmar D**, Ruiz-Pesini E, Golik P, Macaulay V, Clark AG, Hosseini S, Brandon M, Easley K, Chen E, Brown MD, Sukernik RI, Olckers A, Wallace DC. 2003. Natural selection shaped regional mtDNA variation in humans. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*; 100(1):171-6.
- Moraga M**, Rocco P, Miquel JF, Nervi F, Llop E, Chakraborty R, Rothhammer F, Carvallo P. 2000. Mitochondrial DNA polymorphisms in Chilean aboriginal populations: implications for the peopling of the southern cone of the continent. *American Journal of Physical Anthropology*; 113(1):19–29.
- Motti JMB**, Rodenak B, Bailliet G, Bravi CM. 2009. Tipificación de haplogrupos mitocondriales mediante *multiplex* PCR-AFLP. *Novenas Jornadas Nacionales de Antropología Biológica*. Puerto Madryn, Argentina.
- Motti JMB**. 2010. Detrás del consentimiento informado. *International Journal of Bio-Anthropological Practice*; 1:15-18.
- Nei M**. 1987. *Molecular Evolutionary Genetics*. Columbia Univ. Press, New York.
- Neves WA**, Hubbe M. 2005. Cranial morphology of early Americans from Lagoa Santa, Brazil: Implications for the settlement of the NewWorld. *Proceedings of the Natural Academy of Science USA*; 102:18309–18314.
- Núñez L**, Grosjean M, Cartajena EL. 1999. Un ecorefugio oportunístico en la puna de Atacama durante eventos áridos del Holoceno Medio. *Estudios Atacameños* 17: 125-174.
- Olivieri A**, Achilli A, Pala M, Battaglia V, Fornarino S, Al-Zahery N, Scozzary R, Cruciani F, Behar DM, Dugoujon J-M, Coudray C, Santachiara-Benerecetti AS, Semino O, Bandelt H-J, Torroni A. 2006. The mtDNA legacy of the Levantine early Upper Palaeolithic in Africa. *Science*; 314(5806):1767-70.
- Otero H**. 2006. *Estadística y Nación: una historia conceptual del pensamiento censal de la Argentina moderna 1869-1914*. 1ª ed. Buenos Aires. Prometeo.
- Paäbo S**. 1996. Mutational hot spots in the mitochondrial microcosm. *American Journal of Human Genetics*; 59(3):493-6.
- Pagano S**, Sans M, Pimenoff V, Cantera AM, Alvarez JC, Lorente JA, Peco JM, Mones P, Sajantila A. 2005. Assessment of HV1 and HV2 mtDNA variation for forensic purposes in an Uruguayan population sample. *Journal of Forensic Sciences*; 50(5):1239.
- Palencia L**, Valverde L, Alvarez A, Cainé LM, Cardoso S, Alfonso-Sánchez M, Pinheiro MF, de Pancorbo MM. 2010. Mitochondrial DNA diversity in a population from Santa Catarina (Brazil): predominance of the European input. *International Journal of Legal Medicine*; 124(4):331–6.

- Paredes A.** 2004. Los inmigrantes en Mendoza. En: Roig A, Lacoste P y Saltari MC, compiladores. Mendoza a través de su historia. Caviar Bleu Editora.
- Perego UA, Achilli A, Angerhofer N, Accetturo M, Pala M, Olivieri A, Kashani BH, Ritchie KH, Scozzari R, Kong K-P, Myres NM, Salas A, Semino O, Bandelt H-J, Woodward SR, Torroni A.** 2009. Distinctive Paleo-Indian migration routes from Beringia marked by two rare mtDNA haplogroups. *Current Biology*; 19(1):1–8.
- Perego UA, Angerhofer N, Pala M, Olivieri A, Lancioni H, Kashani BH, Carossa V, Ekins JE, Gómez-Carballa A, Huber G, Zimmermann B, Corach D, Baudri N, Panara F, Myres NM, Parson W, Semino O, Salas A, Woodward AR, Achilli A, Torroni A.** 2010. The initial peopling of the Americas: A growing number of founding mitochondrial genomes from Beringia. *Genome Research*; 20(9):1174-9.
- Pereira F, Soares P, Carneiro J, Pereira L, Richards MB, Samuels DC, Amorim A.** 2008. Evidence for variable selective pressures at a large secondary structure of the human mitochondrial DNA control region. *Molecular Biology and Evolution*; 25(12):2759-70.
- Pérez SI, Bernal V, Gonzalez PN.** 2007. Morphological Differentiation of Aboriginal Human Populations From Tierra del Fuego ( Patagonia ): Implications for South American Peopling. *American Journal of Physical Anthropology*; 133:1067–79.
- Pérez SI, Monteiro LR.** 2009. Nonrandom factors in modern human morphological diversification: a study of craniofacial variation in southern South american populations. *Evolution*; 63(4):978–93.
- Politis G, Messineo PG, Kaufmann CA.** 2004. El poblamiento temprano de las llanuras pampeanas de Argentina y Uruguay. *Complutum*; 15:207–24.
- Politis G, Bonomo M.** 2011. Nuevos datos sobre el "Hombre fósil" de Ameghino. En: Vida y obra de Florentino Ameghino. Publicación especial de la Asociación Paleontológica Argentina N°12. Farnicola, Prieto y Lazo Editores.
- Prieto L, Zimmermann B, Goios A, Rodriguez-Monge A, Paneto GG, Alves C, Alonso A, Fridman C, Cardoso S, Lima G, Anjos MJ, Whittle MR, Montesino M, Cicarelli RMB, Rocha AM, Albarrán C, de Pancorbo MM, Pinheiro MF, Carvalho M, Sumita DR.** 2011. The GHEP-EMPOP collaboration on mtDNA population data--A new resource for forensic casework. *Forensic Science International. Genetics*; 5(2):146–51.
- Ramallo V, Mucci J, García A, Muzzio M, Motti JMB, Santos MR, Pérez ME, Alfaro EL, Dipierri JE, Demarchi DA, Bravi CM, Bailliet G.** 2009. Comparison of Y-chromosome haplogroup frequencies in eight Provinces of Argentina. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series*; 2:431–2.
- Raymond M, Rousset F.** 1995. An exact test for population differentiation. *Evolution*; 49:1280-1283

- Reich** D, Patterson N, Campbell D, Tandon A, Mazieres S, Ray N, et al. 2012. Reconstructing Native American population history. *Nature*; en prensa
- Reidla** M, Kivisild T, Metspalu E, Kaldma K, Tambets K, Tolk H-V, Parik J, Loogväli E-L, Derenko M, Malyarchuk B, Bermisheva M, Zhadanov S, Pennarun E, Gubina M, Golubenko M, Damba L, Fedorova S, Gusar V, Grechanina E, Mikerezi I, Moisan J-P, Chaventré A, Khusnutdinova E, Osipova L, Stepanov V, Voevoda M, Achilli A, Rengo C, Rickards O, De Stefano GF, Papiha S, Beckman L, Janicijevic B, Rudan P, Anagnou N, Michalodimitrakis E, Koziel S, Usanga E, Geberhiwot T, Herrnstadt C, Howell N, Torroni A, Villems R. 2003. Origin and diffusion of mtDNA haplogroup X. *American Journal of Human Genetics*; 73(5):1178-90.
- Renfrew** C. 2001. From molecular genetics to archaeogenetics. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*; 98(9):4830-2.
- Ribeiro-dos-santos** AK, Guerreiro JF, Santos SE, Zago M. 2001. The split of the Arara population: comparison of genetic drift and founder effect. *Human Heredity*; 51(1-2):79-84.
- Ribeiro-dos-santos** AK, Carvalho BM, Feio-dos-Santos AC, Batista dos Santos SE. 2007. Announcement of population data nucleotide variability of HV-I in Afro-descendants populations of the Brazilian Amazon region. *Forensic Science International*; 167:77-80.
- Rickards** O, Martínez-Labraga C, Lum JK, De Stefano GF, Cann RL. 1999. mtDNA History of the Cayapa Amerinds of Ecuador: Detection of additional founding lineages for the Native American populations. *Am J Hum. Genet*; 65:519-30.
- Rivero** D, Roldán F. Initial peopling of the Córdoba mountains, Argentina: First evidence from El Alto 3. 2005. *Current Research in the Pleistocene*; 22:33-5.
- Rivero** D, Berberian E. 2008. El poblamiento de la región central del territorio argentino durante la transición Pleistoceno-Holoceno (12.000-9.000 AP). *Revista Española de Antropología*; 38:17-37.
- Rohlf** FJ. 2000. NTSYS-pc: Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System, version 2.11s. Exeter Software, Setauket, NY.
- Rothhammer** F, Dillehay TD. 2009. The late Pleistocene colonization of South America: an interdisciplinary perspective. *Annals of Human Genetics*; 73(5):540-9.
- Rozas** J, Sánchez-DelBarrio JC, Messeguer X, Rozas R. 2003. DnaSP, DNA polymorphism analyses by the coalescent and other methods. *Bioinformatics*; 19: 2496-2497.
- Sala** A, Argüelles CF, Marino ME, Bobillo MC, Fenocchio A, Corach D. 2010. Genetic analysis of six communities of Mbyá-Guaraní inhabiting Northeastern Argentina by means of nuclear and mitochondrial polymorphic markers. *Human Biology*; 82(4):433-56.

- Salas A**, Richards M, Lareu M-V, Sobrino B, Silva S, Matamoros M, Macaulay V, Carracedo Á. 2005. Shipwrecks and founder effects: Divergent demographic histories reflected in Caribbean mtDNA. *American Journal of Physical Anthropology*; 128: 855–860.
- Salas A**, Jaime JC, Alvarez-Iglesias V. 2008. Gender bias in the multiethnic genetic composition of central Argentina. *Journal of Human Genetics*; 53(7):662-74.
- Sandoval K**, Buentello-Malo L, Peñaloza-Espinosa R, Avelino H, Salas A, Calafell F, Comas D. 2008. Linguistic and maternal genetic diversity are not correlated in Native Mexicans. *Human Genetics*; 126(4):521–31.
- Sans M**, Weimer TA, Franco MH, Salzano FM, Betancor N, Alvarez I, Bianchi NO, Chakraborty R. 2002. Unequal contributions of male and female gene pools from parental populations in the African descendants of the city of Melo, Uruguay. *American Journal of Physical Anthropology*; 18(1):33-44.
- Sans M**, Merriwether DA, Hidalgo PC, Bentancor N. 2006. Population structure and admixture in Cerro Largo, Uruguay, based on blood markers and mitochondrial DNA polymorphisms. *American Journal of Human Biology*; 524:513-524.
- Sans M**, Figueiro G, Ackermann E, Barreto I, Egaña a, Bertoni B, Poittevin-Glimet E, Maytia D, Hidalgo PC. 2011. Mitochondrial DNA in Basque descendants from the city of Trinidad, Uruguay: Uruguayan- or Basque-like population? *Human Biology*; an international record of research; 83(1):55–70.
- Santos SE**, Ribeiro-dos-Santos AK, Meyer D, Zago MA. 1996. Multiple founder haplotypes of mitochondrial DNA in Amerindians revealed by RFLP and sequencing. *Annals of Human Genetics*; 60:305-319.
- Santos C**, Montiel R, Sierra B, Bettencourt C, Fernandez E, Alvarez L, Lima M, Abade A, Aluja MP. 2005. Understanding differences between phylogenetic and pedigree-derived mtDNA mutation rate: a model using families from the Azores Islands (Portugal). *Molecular Biology and Evolution*; 22(6):1490-505.
- Shinoda K-ichi**, Adachi N, Guillen S, Shimada I. 2006. Mitochondrial DNA analysis of ancient peruvian highlanders. *American Journal of Physical Anthropology*; 131(1):98-107
- Schmitt R**, Bonatto SL, Freitas LB, Muschner V, Hill K, Hurtado AM, Salzano FM. 2004. Extremely limited mitochondrial DNA variability among the Aché Natives of Paraguay. *Annals of Human Biology*; 31(1):87–94.
- Schwartz M**, Vissing J. 2002. Paternal inheritance of mitochondrial DNA. *New England Journal of Medicine*; 347:576–80

- Silva** WA, Bortolini MC, Schneider MPC, Marrero AR, Elion J, Krishnamoorthy R, Zago MA. 2006. MtDNA haplogroup analysis of black Brazilian and sub-Saharan populations: implications for the Atlantic slave trade. *Human Biology*; 78(1):29–41.
- Soares** P, Ermini L, Thomson N, Mormina M, Rito T, Röhl A, Salas A, Oppenheimer S, Macaulay V, Richards M. 2009. Correcting for purifying selection: an improved human mitochondrial molecular clock. *Journal of Human Genetics*; 84:740-759.
- Steele** J, Politis G. 2009. AMS 14C dating of early human occupation of southern South America. *Journal of Archaeological Science*; 36(2):419–29.
- Stoneking** M. 2000. Hypervariable sites in the mtDNA control region are mutational hotspots. *American Journal of Human Genetics*; 67:1029–32
- Suárez** R. 2011. Movilidad, acceso y uso de ágata traslucida por los cazadores-recolectores tempranos durante la transición Pleistoceno-Holoceno en el norte de Uruguay (ca. 11,000-8500 a.P.). *Latin American Antiquity*; 22(3):359–83.
- Sutovsky** P, Moreno RD, Ramalho-Santos J, Dominko T, Simerly C, Schatten G. 1999. Ubiquitin tag for sperm mitochondria. *Nature*; 402:371–72
- Tercer Censo Nacional:** Levantado el 1° de junio de 1914. T2: Población. Buenos Aires, Argentina. Imprenta Rosso LJ. 1916-1917
- Tamm** E, Kivisild T, Reidla M, Smith DG, Metspalu M, Mulligan CJ, Bravi CM, Rickards O, Martinez-Labraga C, Khusnutdinova EK, Fedorova SA, Golubenko MV, Stepanov VA, Gubina MA, Zhadanov SI, Ossipova LP, Damba L, Voevoda MI, Dipierri JE, Villems R, Malhi R. 2007. Beringian standstill and spread of native American founders. *PLoS One*; 2(9):e829.
- Tamura** K, Nei M. 1993. Estimation of the number of nucleotide substitutions in the control region of mitochondrial DNA in humans and chimpanzees. *Molecular Biology and Evolution*; 10(3):512-26.
- Tamura** K, Dudley J, Nei M & Kumar S (2007) MEGA4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4.0. *Molecular Biology and Evolution* 24: 1596-1599.
- 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.
- Torroni** A, Schurr TG, Cabell MF, Brown MD, Neel JV, Larsen M, Smith DG, Vullo CM, Wallace DC. 1993. Asian affinities and continental radiation of the four founding Native American mtDNAs. *American Journal of Human Genetics*; 53(3):563-90.

- Torroni A**, Bandelt HJ, Macaulay V, Richards M, Cruciani F, Rengo C, Martinez-Cabrera, Villemis R, Kivisild T, Metspalu E, Parik J, Tolk HV, Tambets K, Forster P, Karger B, Francalacci P, Rudan P, Janicijevic B, Rickards O, Savontaus ML, Huoponen K, Laitinen V, Koivumäki S, Sykes B, Hickey E, Novelletto A, Moral P, Sellitto D, Coppa A, Al-Zaheri N, Santachiara-Benerecetti AS, Semino O, Scozzari R. 2001. A signal, from human mtDNA, of postglacial recolonization in Europe. *American Journal of Human Genetics*; 69(4):844-52.
- Tully LA**, Parsons TJ, Steighner RJ, Holland MM, Marino MA, Prenger VL. 2000. A sensitive denaturing gradient-gel electrophoresis assay reveals a high frequency of heteroplasmy in hypervariable region 1 of the human mtDNA control region. *American Journal of Human Genetics* 67:432-43
- Umetsu K**, Tanaka M, Yuasa I, Adachi N, Miyoshi A, Kashimura S, Sook Park K, Wei Y, Watanabe G, Osawa M. 2005. Multiplex amplified product-length polymorphism analysis of 36 mitochondrial single-nucleotide polymorphisms for haplogrouping of East Asian populations. *Electrophoresis*; 26:91-8.
- Van Oven M**, Kayser M. 2008. Updated comprehensive phylogenetic tree of global human mitochondrial DNA variation. *Human Mutation*; 386-394.
- Vona G**, Falchi A, Moral P, Calo CM, Varesi L. 2005. Mitochondrial sequence variation in the Guahibo Amerindian population from Venezuela. *American Journal of Physical Anthropology*; 369:361-9.
- Ward RH**, Salzano FM, Bonatto SL, Hutz MH, Coimbra CEA, Santos RV. 1996. Mitochondrial DNA polymorphism in three Brazilian Indian tribes. *American Journal of Human Biology*; 8: 317-323.
- Williams SR**, Chagnon NA, Spielman RS. 2002. Nuclear and mitochondrial genetic variation in the Yanomamo : a test case for ancient DNA studies of prehistoric populations. *American Journal of Physical Anthropology*; 259:246-59.
- Wilson AS**, Taylor T, Ceruti MC, Chavez JA, Reinhard J, Grimes V, Meier-Augenstein W, Cartmell L, Stern B, Richards MP, Worobey M, Barnes I, Gilbert TP. 2007. Stable isotope and DNA evidence for ritual sequences in Inca child sacrifice. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*; 104(42):16456-61.
- Yang D**, Oyaizu Y, Oyaizu H, Olsen GJ, Woese CR. 1985. Mitochondrial origins. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*; 82(13):4443-7.
- Yang NN**, Mazieres S, Bravi CM, Ray N, Wang S, Burley M-W, Bedoya G, Rojas W, Parra MV, Molina JA, Gallo C, Poletti G, Hill K, Hurtado AM, Petzl-Erler ML, Tsuneto LT, Klitz W, Barrantes R, Llop E, Rothhammer F, Labuda D, Salzano FM, Bortolini MC, Excoffier L, Dugoujon J-M, Ruiz-Linares A. 2010. Contrasting patterns of nuclear and mtDNA diversity in Native American populations. *Annals of Human Genetics*; 74(6):525-38.

**Yao** Y-gang, Ogasawara Y, Kajigaya S, Molldrem JJ, Falcao RP, Pintao M, McCoy Jr JP, Rizzatti EG, Young NS. 2007. Mitochondrial DNA sequence variation in single cells from leukemia patients. *Blood*; 109(2):756–62.

## VII. ANEXOS

### 7.1 ANEXO MATERIAL Y MÉTODOS

#### 7.1.1 ENCUESTA GENEALÓGICA

El texto que se transcribe a continuación fue impreso en hoja tamaño oficio, lo cual permitió la inclusión de todo el documento en una sola carilla.

	VARÓN

MUJER

N°

Muestra

---

**DONANTE**                      **Apellido y nombres (edad)**

---

**DONANTE**    **Lugar de nacimiento** (localidad o paraje / departamento / provincia / país)

---

—

**1- PADRE** **Apellido y Nombres**    **Lugar de nacimiento** (localidad / departamento / provincia / país)

---

—

**2- ABUELO PATERNO**    **Apellido y Nombres**    **Lugar de nacimiento** (localidad / departamento / provincia / país)

---

—

**3- ABUELA PATERNA**    **Apellido y Nombres**    **Lugar de nacimiento** (localidad / departamento / provincia / país)

---

---

4- **MADRE** Apellido y Nombres Lugar de nacimiento (localidad / departamento / provincia / país)

---

5- **ABUELO MATERNO** Apellido y Nombres Lugar de nacimiento (localidad / departamento / provincia / país)

---

6- **ABUELA MATERNA** Apellido y Nombres Lugar de nacimiento (localidad / departamento / provincia / país)

Favor de preguntar al donante si sabe que alguno de sus padres/abuelos es/era descendiente de inmigrantes o perteneciente a alguna parcialidad socio-étnica (por ejemplo **judío sefaradí, árabe, criollo, nativo, aborigen**, etc.).

Cuando el donante desconoce el lugar de nacimiento de algún ancestro, favor de consignar el lugar de residencia habitual (e indicar en la encuesta con la leyenda “*vive o vivía en*”)

---

---

---

---

## 7.1.2 FORMULARIO DE CONSENTIMIENTO INFORMADO

El texto que se transcribe a continuación fue impreso en hoja tamaño oficio, lo cual permitió la inclusión de todo el documento en una sola carilla.

### Consentimiento Informado del Proyecto de Investigación

#### “Aportes continentales diferenciales en la conformación de las poblaciones humanas de América Latina”

Yo, ..... DNI  
 N° ..... con ..... domicilio ..... legal ..... en  
 calle ..... N° ..... de la localidad de .....  
 de la provincia de ..... declaro que he sido informado sobre la  
 realización de un estudio genético para conocer el origen o procedencia de los antepasados de  
 los habitantes actuales de América y averiguar qué proporción de ellos es originaria de este  
 continente o bien llegó aquí desde Europa, Asia o África.

Manifiesto acceder voluntariamente a participar en este proyecto, del cual he sido informado a través de una entrevista con miembros del grupo de investigación (abajo firmantes), quienes me comunicaron ampliamente sobre las características y alcances del estudio y me entregaron una hoja de “Información para el Participante” donde se detallan los objetivos, características genéticas a investigar, metodología, beneficios, riesgos y confidencialidad de los datos. Luego de leer esta hoja de información he podido realizar libremente cualquier pregunta relacionada con el proyecto.

Comprendo las características del trabajo y acepto libre y voluntariamente que me sea tomada una muestra de sangre o de saliva para ser utilizada en el presente estudio. Acepto además aportar datos sobre el origen o procedencia de mis padres, abuelos y bisabuelos para los fines indicados en la hoja de información. He comprendido que si lo deseo puedo retirarme de la investigación sin tener que dar explicaciones, como así también solicitar los datos obtenidos con mi muestra y reclamar la muestra sobrante del estudio.

La extracción de sangre o saliva (tachar lo que no corresponda) fue realizada por.....

..... Cargo..... DNI:.....  
 .....

La muestra es recibida por el investigador responsable quien la codifica y archiva el consentimiento informado en el Laboratorio de Bioantropología de la Universidad Nacional de Jujuy. La toma de la muestra y su codificación se realizó ante la presencia del/los testigos abajo firmantes.

Dado a los .....días del mes de.....de 200....

---

\_\_\_\_\_

Firma del donante

Aclaración y DNI

---

\_\_\_\_\_

Firma y cargo del entrevistador

Aclaración y DNI

---

\_\_\_\_\_

Firma y cargo del extraccionista

Aclaración y DNI

---

\_\_\_\_\_

Firma del testigo

Aclaración y DNI

**Investigadores Responsables: Dr. Claudio Bravi - Dra. Graciela Bailliet**

Instituto Multidisciplinario de Biología Celular (IMBICE), Calle 526 e/ 10 y 11, La Plata.

TeleFax: (0221) 421-0112

---

### 7.1.3 SOLUCIONES DE TRABAJO

- Etil-diamino-tetracético sal disódica (EDTA) 0,5M  
Para 500ml
  - 93,05grs de EDTA
  - 480ml de H<sub>2</sub>O destilada
  - Llevar a pH 8 con NaOH (10grs aproximadamente)
  - Completar con H<sub>2</sub>O destilada hasta 500ml
- Tris-Cloruro 1M pH 8 (Tris-Cl)  
Para 500ml
  - 60,57grs de Tris
  - 400ml de H<sub>2</sub>O destilada
  - Agregar HCl hasta alcanzar pH>7,8
  - Completar con H<sub>2</sub>O destilada hasta 500ml
- Buffer Tris-Edta (TE)  
Para 100ml
  - 1ml de Tris-Cl 1M
  - 0,2ml de EDTA 0,5M
  - Completar con H<sub>2</sub>O destilada hasta 100ml
  - Llevar a pH a 8 con NaOH
- Buffer Tris-Borato-Edta (TBE)10x  
Para 1000ml
  - 108grs de Tris
  - 55grs de Acido Bórico
  - 40 ml de EDTA 0,5M pH8
  - Completar con H<sub>2</sub>O destilada hasta 1000ml
- Acrilamida al 40% (solución de stock)  
Para 100ml
  - 38grs de Acrilamida
  - 2grs de Bisacrilamida
  - Completar con H<sub>2</sub>O destilada hasta 100ml
- Cloruro de Sodio (NaCl) 5,4M  
Para 1000ml
  - 315,57grs de NaCl
  - Completar con H<sub>2</sub>O destilada hasta 1000ml
- Cloruro de Sodio (NaCl) 1M

---

Para 1000ml

- 58,44grs de NaCl
- Completar con H<sub>2</sub>O destilada hasta 1000ml

- Detergente sodio duodecil sulfato (SDS) 20%

Para 500ml

- 100grs de SDS
- Completar con H<sub>2</sub>O destilada hasta 500ml

- Solución de lisis de glóbulos rojos (SLGR) 50x

Para 1000ml

- 3,95grs de Bicarbonato de Amonio (NH<sub>4</sub>HCO<sub>3</sub>)
- 307,6grs de Cloruro de Amonio (NH<sub>4</sub>Cl)
- Completar hasta 1000ml con H<sub>2</sub>O destilada

En el campo, se lleva la solución a 1x mezclando 20ml de SLGR 50x en 980ml de H<sub>2</sub>O destilada.

- Solución de lisis de glóbulos blancos (SLGB)

Para 1000ml

- 100ml de Tris-Cl 1M
- 50ml de NaCl 1M
- 80ml de EDTA 0,5M
- 0,5grs de Azida Sódica
- 10ml de SDS al 20%
- Completar con H<sub>2</sub>O destilada hasta 1000ml

## 7.2 ANEXO RESULTADOS

## 7.2.1 LISTA DE MUESTRAS POR LOCALIDAD, INDICANDO EL HAPLOGRUPO, EL MÉTODO DE ASIGNACIÓN Y EL LUGAR DE NACIMIENTO DEL ÚLTIMO ANCESTRO MATERNO CONOCIDO.

Rótulo	Hg	Método	RFLP info	UACM	Lugar de nacimiento
<b>BELEN</b>					
Be 001	B2	Sec.		ABU	ARG CAT BEL, Condorhuasi
Be 002	B	AFLP		ABU	ARG LRJ GBE, Olta
Be 003	B2	Sec.		ABU	ARG CAT BEL, Puerta del Corral Quemado
Be 004	D1	Sec.		ABU	ARG CAT BEL, La Toma (=ca. Pozo de Piedra)
Be 005	B2	Sec.		ABU	ARG CAT ANT, Antofagasta de la Sa.
Be 006	D	AFLP		ABU	ARG CAT BEL, Belén
Be 007	L1c1d	Sec.		ABU	ARG CAT BEL, Hualfín
Be 008	A2	Sec.		ABU	ARG CAT BEL, Laguna Blanca
Be 009	B2	Sec.		ABU	CHI?
Be 010	B	AFLP		ABU	ARG CAT BEL, Belén?
Be 011	D1	Sec.		ABU	ARG CAT BEL, La Ciénaga
Be 012	B2	Sec.		ABU	ARG CAT BEL, Azampay
Be 013	L3e1	Sec.		ABU	ARG CAT BEL, Belén
Be 014	B	AFLP		ABU	ARG CAT BEL, Belén
Be 015	D	AFLP		ABU	ARG CAT BEL, Belén
Be 016	A2	Sec.		ABU	ARG CAT BEL, Belén
Be 017	B2	Sec.		ABU	ARG CAT BEL, Hualfín
Be 018	A	AFLP		ABU	ARG MZA LAV, Lavalle
Be 019	B	AFLP		ABU	ARG CAT BEL, Belén
Be 020	B2	Sec.		ABU	ARG CAT BEL, El Tolar (N.de Belén)
Be 021	D1	Sec.		ABU	ARG CAT BEL, Villa Vil
Be 022	D	AFLP		ABU	ARG CAT BEL, Belén
Be 023	D	AFLP		ABU	ARG CAT BEL, Belén
Be 024	B	AFLP		ABU	ARG CAT BEL, Belén
Be 025	D	AFLP		ABU	ARG CAT BEL, Durán (será El Durazno?)
Be 026	C1b	Sec.		ABU	ARG CAT AND, Andalgalá
Be 027	N	AFLP		ABU	ARG BUE Bs As o ARG TUC Tafí Viejo?
Be 028	L	Sec.		ABU	ITA Sicilia
Be 029	A	AFLP		ABU	ARG CAT BEL, Belén
Be 030	B2	Sec.		ABU	ARG CAT BEL, Puerta de Corral Quemado
Be 031	B2	Sec.		ABU	ARG CAT SMA, Santa María
Be 032	C1c	Sec.	AluI 13262+	ABU	ARG CAT BEL, El Durazno (Norte Grande)
Be 033	A2	Sec.		ABU	ARG CAT BEL, Piedra Larga (Norte Chico)
Be 034	L	Sec.		MA	ARG CAT BEL, Belén
Be 035	D1	Sec.		S/D	S/D
Be 036	C1b	Sec.		ABU	ARG CAT BEL, Jacipunco
Be 037	D1	Sec.		ABU	ARG CAT BEL, algún lugar del "Norte"
Be 038	B2	Sec.		ABU	ARG CAT BEL, Belén
Be 039	B2	Sec.		ABU	ARG CAT BEL, Belén
Be 040	B2	Sec.		ABU	ARG CAT BEL, Belén
Be 041	B2	Sec.		ABU	ARG CAT TIN, Tatón
Be 042	D	AFLP		ABU	ARG TUC
Be 043	B2	Sec.		ABU	ARG CAT BEL, Pozo de Piedra
Be 044	D1	Sec.		ABU	ARG CAT BEL, Pozo de Piedra
Be 045	B2	Sec.		ABU	ARG CAT BEL, Belén, B° La Puntilla
Be 046	C	AFLP		ABU	ARG CAT BEL, Londres
Be 047	B	AFLP		MA	ARG CAT BEL, Hualfín
Be 048	D1	Sec.		ABU	ARG CAT BEL, Los Morteritos
Be 049	C	AFLP		ABU	ARG CAT BEL, Belén
Be 050	B2	Sec.		ABU	ARG CAT BEL, Villa Vil
Be 051	B	AFLP		ABU	BOL
Be 052	B2	Sec.		MA	ARG CAT BEL, Corral Quemado Cajón
Be 053	C	AFLP		ABU	ARG CAT BEL, Belén
Be 054	B2	Sec.		ABU	ARG CAT BEL, Jacipunco
Be 055	B2	Sec.		ABU	ARG CAT BEL, Puerta de San José
Be 056	B	AFLP		MA	ARG CAT BEL, Belén
Be 057	A	AFLP		MA	ARG CAT CAP, SfdV

Rótulo	Hg	Método	RFLP info	UACM	Lugar de nacimiento
Be 058	B	AFLP		ABU	ARG CAT BEL, Villa Vil
Be 059	B2	Sec.		ABU	ARG CAT BEL, Ampujaco
Be 060	A2	Sec.		ABU	ARG CAT BEL, Belén
Be 061	D	AFLP		ABU	ARG CAT BEL, Belén
Be 062	C	AFLP		MA	ARG CAT BEL, Belén
Be 063	B2	Sec.		MA	ARG CAT BEL, Corral Quemado
Be 064	B2	Sec.		ABU	ARG CAT AND, Andalgalá
Be 065	C	AFLP		ABU	ARG SAL?
Be 066	B2	Sec.		ABU	ARG CAT BEL, Norte Chico
Be 067	C1b	Sec.		ABU	ARG CAT BEL, Belén
Be 068	B	AFLP		ABU	ARG SAL GSM, Embarcación
Be 069	B	AFLP		ABU	ARG CHB ESC, C. Rivadavia
Be 070	B2	Sec.		ABU	ARG CAT BEL, Culampajá
Be 071	C	AFLP		ABU	BOL
Be 072	C	AFLP		ABU	ARG CAT BEL, Belén
Be 073	B	AFLP		ABU	ARG CAT SMA, Santa María
Be 074	B2	Sec.		ABU	ARG CAT BEL, Norte Chico
Be 075	N	AFLP		ABU	ITA
Be 076	D	AFLP		ABU	ARG CAT BEL, Belén
Be 077	D1	Sec.		ABU	ARG CAT BEL, Belén
Be 078	C1c	Sec.	Alul 13262+	ABU	ARG CAT BEL, Azampay
Be 079	C1b	Sec.		ABU	ARG CAT BEL, Las Barrancas (N chico)
Be 080	C	AFLP		ABU	ARG CAT BEL, Belén
Be 081	D	AFLP		ABU	ARG CAT SMA, Santa María
Be 082	C	AFLP		ABU	ARG CAT BEL, Belén
Be 083	B2	Sec.		ABU	ARG CAT BEL, El Tolar
Be 084	B2	Sec.		ABU	ARG CAT BEL, La Estancia (hacia Andalgalá)
Be 085	C1b	Sec.		ABU	ARG CAT BEL, Puerta del Corral Quemado
Be 086	B	AFLP		MA	ARG CAT BEL, Puerta de Corral Quemado
Be 087	A2	Sec.		ABU	ARG CAT BEL, Belén
Be 088	C1c	Sec.	Alul 13262+	ABU	ARG CAT BEL, El Durazno
Be 089	A	AFLP		ABU	ARG CAT BEL, Londres
Be 090	D1	Sec.		ABU	ARG CAT BEL, Hualfín Los Nacimientos
Be 091	C1c	Sec.	Alul 13262+	ABU	ARG CAT BEL, Condorhuasi
Be 092	D1	Sec.		ABU	ARG CAT BEL, Norte Grande
Be 093	L	Sec.		ABU	ARG CAT BEL, Belén
Be 094	A2	Sec.		ABU	ARG CAT TIN, Tinogasta / hija de chilenos
Be 095	D1	Sec.		ABU	ARG CAT BEL, Belén
Be 096	C	AFLP		ABU	ARG CAT BEL, Belén
Be 097	C1b	Sec.		ABU	ARG CAT BEL, Ampujaco
Be 098	C	AFLP		ABU	ARG CAT BEL, Belén
Be 099	A	AFLP		ABU	ARG CAT BEL, Londres
Be 100	B2	Sec.		ABU	ARG CAT BEL, Cóndorhuasi
Be 101	D	AFLP		ABU	ARG CAT BEL, Belén
Be 102	D	AFLP		ABU	ARG CAT BEL, Belén
Be 103	C1b	Sec.		ABU	ARG CAT BEL, Corral Quemado
Be 104	C	AFLP		ABU	ARG CAT BEL, Belén (viven en)
Be 105	N	AFLP		ABU	ARG CAT BEL, Belén
Be 106	A	AFLP		ABU	ARG CAT BEL, Belén
Be 107	B	AFLP		ABU	ARG CAT BEL, Belén
BeLo 01	A	AFLP		ABU	ARG CAT BEL, Londres
BeLo 02	C	AFLP		ABU	ARG CAT TIN, Tinogasta
BeLo 03	D	AFLP		ABU	ARG TUC RIO, Santa Ana
BeLo 04	B	AFLP		ABU	ARG CAT BEL, La Ciénaga (N. Chico)
BeLo 05	N	AFLP		ABU	ARG CAT BEL, Londres
BeLo 06	B	AFLP		ABU	ARG CAT BEL, Corral Quemado
BeLo 07	D	AFLP		S/D	S/D
BeLo 08	C	AFLP		ABU	ARG CAT BEL, Belén
BeLo 09	D	AFLP		ABU	ARG CAT BEL, Londres
BeLo 10	D	AFLP		ABU	ARG CAT BEL, Belén
BeLo 11	B	AFLP		ABU	ARG CAT BEL, Belén
BeLo 12	B	AFLP		MA	ARG CAT BEL, Londres
BeLo 13	B	AFLP		ABU	ARG CAT BEL, Belén
BeLo 14	C	AFLP		DO	ARG CAT BEL, Belén
BeLo 15	B	AFLP		ABU	ARG CAT BEL, Londres
BeLo 16	B	AFLP		DO	ARG CAT BEL, Belén
BeLo 17	A	AFLP		MA	ARG CAT BEL, La Aguada
BeLo 18	C	AFLP		DO	ARG CAT BEL, Londres
BeLo 19	B	AFLP		ABU	ARG CAT BEL, Londres?

Rótulo	Hg	Método	RFLP info	UACM	Lugar de nacimiento
BeLo 20	A	AFLP		MA	ARG CAT BEL, Belén
BeLo 21	A	AFLP		MA	ARG CAT BEL, Londres?
BeLo 22	C	AFLP		MA	ARG LRJ CAP, La Rioja ciudad
BeLo 23	C	AFLP		ABU	ARG CAT BEL, Londres
BeLo 24	C	AFLP		DO	ARG CAT BEL, Belén
BeLo 25	L	Sec.		MA	ARG CAT BEL, Londres
BeLo 26	A	AFLP		ABU	ARG CAT BEL, Londres
BeLo 27	N	AFLP		ABU	ARG CAT BEL, Londres
BeLo 28	B	AFLP		MA	ARG CAT BEL, Londres
BeLo 29	D	AFLP		ABU	ARG CAT BEL, Londres
BeLo 30	D	AFLP		ABU	ARG CAT BEL, Londres
BeLo 31	C1c	Sec.	Alul 13262+	ABU	ARG CAT BEL, Laguna Blanca
BeLo 32	B	AFLP		ABU	ARG TUC CAP, SMD Tucumán
BeLo 33	A	AFLP		ABU	ARG CAT BEL, Norte de Belén
BeLo 34	C	AFLP		ABU	ARG CAT TIN, Tinogasta
BeP 001	B	AFLP		ABU	ARG CAT BEL, Villa Vil
BeP 002	C	AFLP		ABU	ARG CAT BEL, Belén
BeP 003	C1b	Sec.		ABU	ARG CAT BEL, Corral Quemado
BeP 004	B	AFLP		ABU	ARG CAT TIN, Fiambalá
BeP 005	C	AFLP		ABU	ARG CAT BEL, Belén
BeP 006	B	AFLP		ABU	ARG CAT BEL, Belén
BeP 007	D	AFLP		ABU	ARG CAT BEL, Belén
BeP 008	A2	Sec.		ABU	ARG CAT TIN, El Salado
BeP 009	A	AFLP		ABU	ARG CAT BEL, Londres
BeP 010	D	AFLP		ABU	ARG CAT BEL, Belén
BeP 011	C	AFLP		ABU	ARG CAT BEL, Londres
BeP 012	N	AFLP		ABU	ARG ERI VGY, Villaguay
BeP 013	B2	Sec.		ABU	ARG CAT BEL, Corral Quemado
BeP 014	C	AFLP		ABU	ARG CAT BEL, Las Juntas (N. Chico)
BeP 015	D	AFLP		ABU	ARG CAT BEL, Londres
BeP 016	D	AFLP		ABU	ARG CAT BEL, Hualfín
BeP 017	D	AFLP		ABU	ARG CAT SFVdeCat
BeP 018	D	AFLP		ABU	ARG CAT AND, Andalgalá
BeP 019	B	AFLP		ABU	ARG CAT BEL, Villa Vil, Rodeo Gerbán
BeP 020	A2	Sec.		ABU	ARG CAT BEL, Hualfín
<b>CALINGASTA</b>					
CAL 01	B2	Sec.		ABU	ARG SNJ CAL, Calingasta
CAL 02	C1b	Sec.		ABU	CHILE V, Valparaíso
CAL 03	D1	Sec.		MA	CHILE VIII, Concepción
CAL 04	H	Sec.		ABU	España
CAL 05	C1b	Sec.		ABU	ARG SNJ CAL, Calingasta
CAL 06	C1b	Sec.		MA	ARG SNJ CAP, San Juan
CAL 07	A2	Sec.		MA	CHILE IV, Andacollo
CAL 08	D1	Sec.		MA	ARG SNJ CAP, San Juan
CAL 09	D1	Sec.		ABU	ARG SNJ JAC, Jáchal_ padres de CHI?
CAL 10	D1	Sec.		MA	ARG SNJ CAP, San Juan
CAL 11	B2	Sec.		ABU	ARG SNJ CAL, Villa Corral
CAL 12	A2	Sec.		ABU	CHI
CAL 13	D1	Sec.		ABU	ARG SNJ JAC, Jáchal
CAL 14	C1b	Sec.		MA	ARG SNJ CAL, Calingasta
CAL 15	D1	Sec.		ABU	CHI
CAL 16	B2	Sec.		ABU	CHI
CAL 17	C1b	Sec.		ABU	ARG SNJ CAL, Calingasta
CAL 18	B2	Sec.		ABU	ARG SNJ CAL, Calingasta
CAL 19	D1	Sec.		ABU	CHILE IV, Andacollo
CAL 20	C1b	Sec.		ABU	ARG SNJ CAL, Calingasta
CAL 21	D1	Sec.		ABU	ARG SNJ CAL, Barreal_madre CHI
CAL 22	D1	Sec.		ABU	ARG SNJ_huarpe
CAL 23	A2	Sec.		ABU	ARG LRJ RVP, Mascasín
CAL 24	U6a	Sec.		ABU	ARG LRJ
CAL 25	C1b	Sec.		ABU	ARG SNJ CAL
CAL 26	C1b	Sec.		ABU	CHI
CAL 27	D1	Sec.		ABU	ARG SNJ JAC, Jáchal
CAL 28	D1	Sec.		ABU	CHI
CAL 29	D4h3	Sec.		ABU	ARG SNJ CAL, Puchuzún
CAL 30	D1	Sec.		ABU	CHILE IV, Carén
CAL 31	A2	Sec.		MA	ARG SNJ CAL, Calingasta
CAL 32	C1b	Sec.		ABU	ARG SNJ CAL, Calingasta

Rótulo	Hg	Método	RFLP info	UACM	Lugar de nacimiento
CAL 33	C1b	Sec.		ABU	ARG SNJ CAL, Puchuzún_abu Campillay
CAL 34	D1	Sec.		ABU	ARG SNJ CAL, Barreal
CAL 35	C1b	Sec.		ABU	ARG SNJ CAL
CAL 36	A2	Sec.		ABU	ARG SNJ VFE, Sierras de Elizondo
CAL 37	C1b	Sec.		ABU	ARG SNJ CAL, Tamberías
CAL 38	C4c	Sec.		MA	ARG SNJ CAP, San Juan
CAL 39	C1b	Sec.		ABU	ARG SNJ CAL, Tamberías_abu Campillay
CAL 40	C1d	Sec.		MA	CHILE IV, Ovalle
CAL 41	C1b	Sec.		ABU	CHI
CAL 42	B2	Sec.		ABU	ARG SNJ JAC, Jáchal
CAL 43	C1b	Sec.		ABU	ARG SNJ CAL, Calingasta
CAL 44	C1d	Sec.		ABU	ARG SNJ CAL, Calingasta_abu Campillay
CAL 45	B2	Sec.		MA	CHI
CAL 46	L3d3	Sec.		ABU	CHI
CAL 47	B2	Sec.		ABU	CHI
CAL 48	C1d	Sec.		MA	ARG SNJ CAL, Calingasta
CAL 49	A2	Sec.		ABU	CHI
CAL 50	D1	Sec.		ABU	CHI
CAL 51	B2	Sec.		ABU	ARG SNJ JAC, Huaco_abu Aballay
CAL 52	C1d	Sec.		ABU	ARG SNJ CAL, Calingasta
CAL 53	B2	Sec.		ABU	CHI
CAL 54	D1	Sec.		ABU	ARG SNJ CAL, Calingasta
CAL 55	A2	Sec.		ABU	ARG SNJ ANG, Angaco
CAL 56	B2	Sec.		ABU	CHI
CAL 57	A2	Sec.		ABU	CHILE IV, Andacollo
CAL 58	B2	Sec.		ABU	CHILE IV, La Serena?
CAL 59	C1b	Sec.		ABU	ARG SNJ CAL, Calingasta
CAL 60	C1b	Sec.		ABU	CHI
CAL Sal 01	L0a	Sec.		ABU	ARG SNJ
CAL Sal 02	C1b	Sec.		ABU	ARG SNJ CAL, Calingasta
CAL Sal 03	C1b	Sec.		ABU	ARG SNJ CAL, Calingasta
CAL Sal 04	C1b	Sec.		ABU	ARG SNJ CAL, Calingasta
CAL Sal 05	B2	Sec.		ABU	ARG SNJ CAL, Calingasta
CAL Sal 06	B2	Sec.		ABU	CHILE IV, Ovalle
CAL Sal 07	C1b	Sec.		DO	ARG SNJ CAP, San Juan
CAL Sal 08	C1b	Sec.		MA	ARG SNJ CAP, San Juan
CAL Sal 09	B2	Sec.		DO	ARG SNJ CAL, Barreal
CAL Sal 10	C1b	Sec.		ABU	CHI
CAL Sal 11	L3e1d	Sec.		ABU	ARG SNJ CAL, Barreal
<b>CHEPES</b>					
CHE 01	C1b	Sec.		ABU	ARG CBA
CHE 02	C1b	Sec.		ABU	ARG LRJ RVP, Chepes
CHE 03	D1	Sec.		ABU	ARG LRJ GSM, Ulapes
CHE 04	C	AFLP		ABU	ARG SNL?
CHE 05	C1b	Sec.		ABU	ARG LRJ RVP, Chepes
CHE 06	Nx(A,B)	AFLP		ABU	ARG BS AS
CHE 07	D1	Sec.		ABU	ARG LRJ RVP, Chelcos
CHE 08	D1	Sec.		ABU	ARG SNJ, Caucete (o de la zona)
CHE 09	A2	Sec.		ABU	ARG LRJ RVP, Ea. San Antonio (cerca de Chepes)
CHE 10	C1b	Sec.		ABU	ARG CBA, Chancaní
CHE 11	H	Sec.		ABU	ARG LRJ RVP, Chepes
CHE 12	A2	Sec.		ABU	ARG LRJ RVP, El Totoral ( o de la zona)
CHE 13	C1b	Sec.		ABU	ARG LRJ RVP, Chepes
CHE 14	H	Sec.		ABU	ARG LRJ GSM, Ulapes
CHE 15	B2	Sec.		ABU	ARG CBA (cerca de Dean Funes)
CHE 17	D1	Sec.		ABU	ARG LRJ RVP, La Aguada
CHE 18	C1b	Sec.		ABU	ARG LRJ RVP, Sierra de los Argañaraz
CHE 19	A2	Sec.		ABU	ARG LRJ RVP, La Calera
CHE 20	A	AFLP		DO	ARG LRJ RVP, Agua de Aguirre
CHE 21	D1	Sec.		ABU	ARG LRJ RVP, San Isidro
CHE 22	C1b	Sec.		ABU	AEG SNJ, Caucete
CHE 23	A2	Sec.		ABU	ARG LRJ RVP, Chepes
CHE 24	W1c	Sec.		ABU	ARG LRJ RVP, Chepes
CHE 25	Nx(A,B)	AFLP		ABU	ARG BS AS
CHE 26	B2	Sec.		ABU	ARG LRJ RVP, Chepes (o en el campo)
CHE 27	A	AFLP		ABU	ARG SNJ, San Juan capital
CHE 28	D1	Sec.		ABU	ARG LRJ RVP, Chepes
CHE 29	D1	Sec.		ABU	ARG LRJ RVP, Jarilla

Rótulo	Hg	Método	RFLP info	UACM	Lugar de nacimiento
CHE 30	C	AFLP		MA	ARG CBA, Chancaní
CHE 31	C1b	Sec.		ABU	ARG SNJ, Valle Fértil
CHE 32	C	AFLP		MA	ARG LRJ RVP, Las Toscas
CHE 33	C1b	Sec.		ABU	ARG LRJ RVP, Jarilla
CHE 34	H	Sec.		ABU	ARG LRJ GOO, Milagro
CHE 35	A2	Sec.		ABU	ARG LRJ
CHE 36	C	AFLP		MA	ARG LRJ RVP, Chepes
CHE 37	A2	Sec.		ABU	ARG LRJ RVP, Villa Casana
CHE 38	D	AFLP		ABU	ARG SNJ
CHE 39	A2	Sec.		ABU	ARG LRJ GSM, Ulapes?
CHE 40	A2	Sec.		ABU	ARG LRJ, La Rioja capital
CHE 41	D	AFLP		ABU	ARG SNJ
CHE 42	D1	Sec.		ABU	ARG LRJ RVP, Chepes
CHE 43	A2	Sec.		ABU	ARG LRJ RVP
CHE 44	C4c	Sec.		ABU	ARG LRJ GSM, Pozo Piedra
CHE 45	C1b	Sec.		ABU	ARG LRJ RVP, Chepes
CHE 46	D1	Sec.		ABU	ARG CBA, San José de las Salinas
CHE 47	A	AFLP		ABU	ARG SNJ
CHE 48	C4c	Sec.		ABU	ARG LRJ RVP, Chepes
CHE 49	C	AFLP		ABU	ARG SNJ, Jáchal
CHE 50	C1b	Sec.		ABU	ARG LRJ RVP, Chepes
CHE 51	B	AFLP		ABU	ARG LRJ RVP, La Pintada
CHE 52	D1	Sec.		ABU	ARG LRJ JFQ, Nacate
CHE 53	C1b	Sec.		ABU	ARG LRJ GSM, Corral de Isaac
CHE 54	H	Sec.		ABU	ARG LRJ RVP, Chepes
CHE 55	A	AFLP		MA	ARG LRJ RVP, Chepes
CHE 56	A	AFLP		ABU	ARG SNJ
CHE 57	C1b	Sec.		ABU	ARG SNJ, Jáchal
CHE 58	D1	Sec.		ABU	ARG LRJ AVP, Huaja
CHE 59	C	AFLP		MA	ARG FOR, Las Lomitas
CHE 60	D1	Sec.		ABU	ARG LRJ RVP, Chepes
CHE 61	A2	Sec.		ABU	ARG CBA, Alta Gracia
CHE 62	C	AFLP		ABU	ARG CBA, Lafinure
CHE 63	D1	Sec.		ABU	ARG LRJ RVP, Chepes
CHE 64	C	AFLP		ABU	ARG LRJ RVP, Agua del Alto de la Sierra
CHE 65	H	Sec.		ABU	ARG LRJ RVP, Chepes
CHE 66	D1	Sec.		ABU	ARG LRJ JFQ, Malanzán
CHE 67	C	AFLP		ABU	ARG LRJ RVP, La Jarilla?
CHE 68	A2	Sec.		ABU	ARG LRJ GOO, Milagro
CHE 70	Nx(A,B)	AFLP		MA	ARG LRJ RVP, Chepes
CHE 71	Nx(A,B)	AFLP		ABU	ITALIA
CHE 72	A2	Sec.		ABU	ARG LRJ RVP, Salana
CHE 73	A	AFLP		MA	ARG LRJ JFQ, San Antonio
CHE 75	C1b	Sec.		ABU	ARG LRJ RVP, Chepes
CHE 77	C	AFLP		MA	ARG LRJ RVP, Chepes
<b>JUJUY</b>					
Jujuy 01	C1b	RFLP y Sec.		S/D	S/D
Jujuy 03	B2	RFLP y Sec.		S/D	S/D
Jujuy 04	D	RFLP		S/D	S/D
Jujuy 05	A2	RFLP y Sec.		S/D	S/D
Jujuy 06	C1d	RFLP y Sec.		S/D	S/D
Jujuy 07	C1d	RFLP y Sec.		S/D	S/D
Jujuy 08	C1b	RFLP y Sec.		S/D	S/D
Jujuy 09	B	RFLP		S/D	S/D
Jujuy 10	B2	RFLP y Sec.		S/D	S/D
Jujuy 11	A2	RFLP y Sec.		S/D	S/D
Jujuy 12	D1	RFLP y Sec.		S/D	S/D
Jujuy 13	D	RFLP		S/D	S/D
Jujuy 14	C1b	RFLP y Sec.		S/D	S/D
Jujuy 15	A2	RFLP y Sec.		S/D	S/D
Jujuy 17	C	RFLP		S/D	S/D
Jujuy 18	A2	RFLP y Sec.		S/D	S/D
Jujuy 19	C	RFLP		S/D	S/D
Jujuy 20	B2	RFLP y Sec.		S/D	S/D
Jujuy 21	C1b	RFLP y Sec.		S/D	S/D
Jujuy 22	B2	RFLP y Sec.		S/D	S/D
Jujuy 24	B2	RFLP y Sec.		S/D	S/D
Jujuy 28	L3e1	RFLP y Sec.	9 pb del.	S/D	S/D

Rótulo	Hg	Método	RFLP info	UACM	Lugar de nacimiento
Jujuy 31	D1	RFLP y Sec.		S/D	S/D
Jujuy 33	A	RFLP		S/D	S/D
Jujuy 34	B2	RFLP y Sec.		S/D	S/D
Jujuy 35	B2	RFLP y Sec.		S/D	S/D
Jujuy 36	A2	RFLP y Sec.		S/D	S/D
Jujuy 38	B2	RFLP y Sec.		S/D	S/D
Jujuy 39	B2	RFLP y Sec.		S/D	S/D
Jujuy 40	C	RFLP		S/D	S/D
Jujuy 41	D1	RFLP y Sec.		S/D	S/D
Jujuy 42	B2	RFLP y Sec.		S/D	S/D
Jujuy 45	B2	RFLP y Sec.		S/D	S/D
Jujuy 47	C1b	RFLP y Sec.		S/D	S/D
Jujuy 48	B2	RFLP y Sec.		S/D	S/D
Jujuy 49	A2	RFLP y Sec.		S/D	S/D
Jujuy 50	B2	RFLP y Sec.		S/D	S/D
Jujuy 52	B2	RFLP y Sec.		S/D	S/D
Jujuy 55	B2	RFLP y Sec.		S/D	S/D
Jujuy 56	B2	RFLP y Sec.		S/D	S/D
Jujuy 57	D1	RFLP y Sec.		S/D	S/D
Jujuy 58	A2	RFLP y Sec.		S/D	S/D
<b>LA QUIACA</b>					
LQ 001	A	AFLP y Sec.		MA	ARG JUJ PAL, Palpalá
LQ 002	C	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ YAV, Pumahuasi
LQ 003	D	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ YAV, La Quiaca
LQ 004	B	AFLP		DO	ARG JUJ SCA, Cienaguillas
LQ 005	C	AFLP		ABU	BOL
LQ 006	B	AFLP y Sec.		MA	ARG JUJ YAV, La Quiaca
LQ 007	B	AFLP		MA	BOL
LQ 008	B	AFLP y Sec.		MA	ARG SAL SVI, Viscachañi
LQ 009	B	AFLP		ABU	BOL
LQ 010	D	AFLP y Sec.		ABU	BOL TAR, Tarija
LQ 011	A	AFLP		MA	BOL
LQ 012	A	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ YAV, Inti Cancha
LQ 013	A	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ COC, Abra Pampa
LQ 014	B	AFLP y Sec.		ABU	BOL POT, Yanalpa? (frente a Yavi Chico)
LQ 015	A	AFLP y Sec.		MA	ARG JUJ YAV, La Quiaca
LQ 016	B	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ YAV, La Quiaca
LQ 017	D	AFLP y Sec.		ABU	BOL CHU, Sucre
LQ 018	C	AFLP y Sec.		DO	BOL SCZ, Santa Cruz
LQ 019	B	AFLP y Sec.		ABU	BOL TAR, El Puente
LQ 020	A	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ SCA, Santa Catalina
LQ 021	A	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ YAV, Rodeo
LQ 022	B	AFLP		DO	ARG JUJ YAV, Ojo de Agua
LQ 023	A	AFLP y Sec.		MA	ARG JUJ YAV, Caracara
LQ 024	C	AFLP y Sec.		MA	ARG JUJ YAV, Corral Blanco
LQ 025	B	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ YAV, Tafna
LQ 026	B	AFLP y Sec.		ABU	ARG SAL SVI, S.V. Oeste
LQ 027	B	AFLP y Sec.		MA	ARG JUJ YAV, La Quiaca
LQ 028	L	Sec.		ABU	BOL POT, Sajnasti
LQ 029	B	AFLP y Sec.		MA	ARG JUJ HUM, Humahuaca
LQ 030	C	AFLP		DO	ARG CBA TUL, Va. Rosario de Saladillo
LQ 031	B	AFLP y Sec.		ABU	BOL POT, Potosí
LQ 032	B	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ YAV, Cerrillos
LQ 033	B	AFLP y Sec.		ABU	BOL POT, Villazón
LQ 034	B	AFLP y Sec.		MA	BOL POT, Potosí
LQ 035	A	AFLP y Sec.		MA	BOL POT, Potosí
LQ 036	B	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ YAV, La Quiaca
LQ 037	B	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ COC, Abra Pampa
LQ 038	N	AFLP		ABU	ITALIA
LQ 039	B	AFLP y Sec.		ABU	BOL POT, Talina
LQ 040	B	AFLP y Sec.		ABU	BOL ORU, Oruro
LQ 041	B	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ SCA, Santa Catalina
LQ 042	B	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ SCA, San Juan de Oro
LQ 043	B	AFLP y Sec.		ABU	PERÚ, Arequipa
LQ 044	B	AFLP		ABU	BOL
LQ 045	B	AFLP y Sec.		ABU	BOL
LQ 046	B	AFLP y Sec.		ABU	BOL
LQ 047	B	AFLP		ABU	BOL

Rótulo	Hg	Método	RFLP info	UACM	Lugar de nacimiento
LQ 048	B	AFLP		DO	ARG SAL SVI, San Francisco de Tuctuca
LQ 049	B	AFLP		ABU	BOL
LQ 050	B	AFLP y Sec.		ABU	BOL ORU, Oruro
LQ 051	B	AFLP		ABU	ARG JUJ HUM, Uquía
LQ 052	B	AFLP		ABU	BOL POT, Villazón
LQ 053	B	AFLP y Sec.		ABU	BOL POT, Tupiza
LQ 054	B	AFLP y Sec.		MA	ARG JUJ YAV, Colpayoc
LQ 055	B	AFLP		MA	ARG SAL
LQ 056	B	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ SCA, Casira
LQ 057	B	AFLP y Sec.		MA	BOL POT, Potosí
LQ 058	B	AFLP y Sec.		ABU	BOL POT, Villazón
LQ 059	B	AFLP y Sec.		ABU	BOL TAR, Tarija
LQ 060	B	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ HUM, Coraya
LQ 061	A	AFLP y Sec.		MA	ARG JUJ YAV, Yavi Chico
LQ 062	A	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ COC, San José de Miraflores?
LQ 063	B	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ YAV, Castí
LQ 064	B	AFLP		ABU	BOL
LQ 065	A	AFLP y Sec.		MA	BOL POT, Potosí
LQ 066	B	AFLP y Sec.		ABU	BOL POT, Suipacha
LQ 067	B	AFLP		ABU	BOL
LQ 068	B	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ SCA, Timón Cruz
LQ 069	C	AFLP y Sec.		MA	ARG JUJ SPE?, La Mendieta
LQ 070	B	AFLP		ABU	BOL
LQ 071	B	AFLP y Sec.		ABU	BOL TAR, Tarija
LQ 072	B	AFLP		ABU	BOL
LQ 073	B	AFLP		MA	BOL
LQ 074	B	AFLP y Sec.		ABU	BOL
LQ 075	B	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ YAV, Río Colorado
LQ 076	B	AFLP		ABU	BOL POT, Potosí
LQ 077	B	AFLP y Sec.		ABU	BOL ORU, Oruro
LQ 078	B	AFLP		ABU	BOL
LQ 079	D	AFLP y Sec.		ABU	BOL TAR, Iscayachi
LQ 080	B	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ COC, Abdón Castro Tolay
LQ 081	A	AFLP y Sec.		MA	ARG JUJ YAV, La Quiaca
LQ 082	B	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ SCA, Yoscaba
LQ 083	B	AFLP y Sec.		ABU	ARG SAL SVI, Nazareno
LQ 084	A	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ YAV, Tafna
LQ 085	A	AFLP		ABU	ARG SAL
LQ 086	B	AFLP y Sec.		ABU	BOL POT, Sajnasti
LQ 087	A	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ YAV, EL Cóndor
LQ 088	B	AFLP		DO	ARG JUJ YAV, Suripujio
LQ 089	B	AFLP y Sec.		ABU	BOL POT, Cuartos -cerca Villazón
LQ 090	B	AFLP		ABU	BOL
LQ 091	B	AFLP		ABU	ARG SAL CAP, Salta
LQ 092	B	AFLP		MA	ARG JUJ, BEL SSI
LQ 093	B	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ YAV, La Quiaca
LQ 094	B	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ RIN, Quebraleña
LQ 095	B	AFLP y Sec.		MA	BOL POT, Villazón
LQ 096	B	AFLP y Sec.		MA	ARG JUJ YAV, La Quiaca
LQ 097	C	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ COC, Abra Pampa
LQ 098	B	AFLP y Sec.		ABU	ARG SAL SVI, Viscachañi
LQ 099	B	AFLP y Sec.		MA	ARG JUJ SCA, La Cruz
LQ 100	D	AFLP y Sec.		ABU	ARG SAL SVI, S.V. Oeste
LQ 101	D	AFLP y Sec.		MA	ARG SAL SVI, San Marcos
LQ 102	C	AFLP		MA	ARG TUC
LQ 103	B	AFLP y Sec.		ABU	BOL POT, Tupiza
LQ 104	B	AFLP y Sec.		ABU	BOL POT, Villazón
LQ 105	D	AFLP y Sec.		ABU	BOL CHU, Sucre
LQ 106	B	AFLP y Sec.		MA	ARG JUJ SCA, Mina Azul
LQ 107	B	AFLP y Sec.		ABU	BOL TAR, Tarija
LQ 108	B	AFLP		MA	ARG SAL
LQ 109	B	AFLP y Sec.		ABU	BOL TAR, Tarija
LQ 110	B	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ TIL?, Tunalito
LQ 111	B	AFLP y Sec.		MA	ARG JUJ YAV, Río Colorado
LQ 112	C	AFLP y Sec.		MA	ARG SAL SVI, Nazareno
LQ 114	D	AFLP y Sec.		ABU	BOL? POT?, Valle Rico
LQ 115	B	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ YAV, La Quiaca
LQ 116	C	AFLP y Sec.		MA	ARG SAL GSM, Madrejones
LQ 117	A	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ YAV, Suripugio

Rótulo	Hg	Método	RFLP info	UACM	Lugar de nacimiento
LQ 118	B	AFLP y Sec.		ABU	BOL POT, Potosí
LQ 119	B	AFLP y Sec.		MA	ARG JUJ YAV, Cienaguillas
LQ 120	A	AFLP		DO	ARG JUJ BEL, SSJ
LQ 121	A	AFLP y Sec.		ABU	ARG SAL SVI, Nazareno
LQ 122	B	AFLP		ABU	BOL
LQ 123	B	xSec		ABU	BOL POT, Moraya
LQ 124	B	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ SCA, Santa Catalina
LQ 125	N	AFLP		ABU	ARG JUJ BEL, SSJ
LQ 126	A	AFLP y Sec.		MA	ARG JUJ YAV, Río Colorado
LQ 127	B	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ YAV, Sansana
LQ 128	B	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ SCA, Mina Azul
LQ 129	B	AFLP		ABU	BOL
LQ 130	B	AFLP y Sec.		ABU	BOL
LQ 131	B	AFLP y Sec.		MA	ARG JUJ HUM, Humahuaca
LQ 132	A	AFLP y Sec.		ABU	CHILE
LQ 133	C	AFLP		MA	ARG SAL
LQ 134	B	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ YAV, La Quiaca
LQ 135	A	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ YAV, Ojo de Agua
LQ 136	A	AFLP		MA	ARG JUJ
LQ 137	B	AFLP		ABU	BOL
LQ 138	A	AFLP		MA	ARG JUJ BEL, SSJ
LQ 139	A	AFLP y Sec.		MA	BOL POT, Mojo
LQ 140	C	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ TUM, Purmamarca
LQ 141	B	AFLP		ABU	ARG TUC
LQ 142	C	AFLP		ABU	ARG JUJ BEL, SSJ
LQ 143	D	AFLP y Sec.		ABU	BOL POT, Tupiza
LQ 144	D	AFLP		ABU	ARG SAL
LQ 145	D	AFLP		ABU	BOL
LQ 146	B	AFLP y Sec.		ABU	BOL SCZ, Santa Cruz
LQ 147	B	AFLP y Sec.		ABU	BOL ORU, Oruro
LQ 148	A	AFLP y Sec.		MA	ARG JUJ TUM, Volcán
LQ 149	A	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ YAV, Corral Blanco
LQ 150	A	AFLP		MA	ARG JUJ BEL, SSJ
LQ 151	B	AFLP y Sec.		MA	BOL POT, Talina
LQ 152	A	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ COC, Abra Pampa?
LQ 153	B	AFLP		MA	BOL
LQ 154	B	AFLP y Sec.		ABU	BOL POT, Cotagaita
LQ 155	B	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ YAV, Punta de Agua
LQ 156	B	AFLP y Sec.		MA	ARG JUJ YAV, Cerro Colorado
LQ 157	B	AFLP y Sec.		MA	ARG SAL SVI, S.V. Oeste
LQ 158	C	AFLP y Sec.		MA	ARG JUJ YAV, Pumahuasi
LQ 159	B	AFLP y Sec.		MA	BOL POT, Talina
LQ 161	B	AFLP y Sec.		ABU	BOL POT, Tupiza
LQ 162	N	AFLP		ABU	ESPAÑA
LQ 163	B	AFLP y Sec.		MA	ARG JUJ COC, Cochinoca
LQ 164	A	AFLP y Sec.		ABU	ARG SAL SVI, Nazareno
LQ 165	B	AFLP y Sec.		MA	ARG SAL SVI, Nazareno
LQ 166	D	AFLP y Sec.		MA	ARG JUJ SCA, Puesto Grande
LQ 167	B	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ YAV, Barrios
LQ 168	B	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ YAV, La Quiaca
LQ 169	B	AFLP y Sec.		MA	ARG JUJ SBA, El Talar Ramal
LQ BS 01	B	AFLP y Sec.		MA	ARG JUJ SPE, San Pedro
LQ BS 02	B	AFLP y Sec.		MA	ARG SAL SVI, S.V. Oeste
LQ Cie 01	B	AFLP		ABU	ARG JUJ SCA, Santa Catalina
LQ Cie 02	B	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ ANT, Ceibal
LQ Cie 03	B	AFLP y Sec.		ABU	BOL
LQ Cie 04	B	AFLP y Sec.		MA	ARG JUJ VGR, Valle Grande
LQ Cie 05	B	AFLP y Sec.		ABU	BOL LPZ, La Paz
LQ Cie 06	B	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ RIN, Peñas Blancas
LQ Cie 07	B	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ SCA, El Angosto
LQ Cie 08	B	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ SCA, La Ciénaga
LQ Cie 09	B	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ HUM, Humahuaca
LQ Pr 01	B	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ RIN, Rinconada
LQ Pr 02	C	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ YAV, Yavi
LQ Pr 03	B	AFLP y Sec.		ABU	BOL POT o TAR?, Sococha
LQ Pr 04	B	AFLP y Sec.		ABU	BOL POT, Charaja -Suipacha
LQ Pr 05	B	AFLP		ABU	BOL
LQ Pr 06	B	AFLP		DO	ARG JUJ HUM, El Aguilar
LQ Pr 07	B	AFLP		ABU	BOL

Rótulo	Hg	Método	RFLP info	UACM	Lugar de nacimiento
LQ Pr 08	B	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ?, Chariguamayoc
LQ Pr 09	B	AFLP y Sec.		ABU	BOL POT, Tupiza
LQ Pr 10	A	AFLP y Sec.		MA	ARG JUJ SCA, Calahoyo
LQ Pr 11	C	AFLP		ABU	ARG SAL
LQ Pr 12	B	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ BEL, Ocloyas (León)
LQ Pr 13	B	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ YAV, Yavi Chico
LQ Pr 14	B	AFLP y Sec.		ABU	BOL COC, Cochabamba
LQ Pr 15	B	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ SCA, Santa Catalina
LQ Pr 16	C	AFLP		MA	BOL
LQ Pr 17	A	AFLP y Sec.		ABU	BOL POT, Palca de Higueras
LQ Pr 18	A	AFLP		ABU	BOL
LQ Pr 19	B	AFLP y Sec.		ABU	BOL POT, Tupiza
LQ Pr 20	B	AFLP		MA	ARG SAL
LQ Pr 21	B	AFLP y Sec.		MA	ARG JUJ HUM, Miyuyoc
LQ Pr 22	C	AFLP y Sec.		ABU	BOL POT, Tupiza
LQ Pr 23	A	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ COC, Cochinoca
LQ Pr 24	C	AFLP y Sec.		ABU	BOL POT, Tupiza
LQ Pr 25	B	AFLP y Sec.		ABU	BOL POT, Potosí
LQ Pr 26	B	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ SCA, El Angosto
LQ Pr 27	B	AFLP		MA	ARG JUJ BEL, SSJ
LQ Pr 28	B	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ YAV, La Quiaca
LQ Pr 29	B	AFLP y Sec.		MA	BOL POT, (puna)
LQ Pr 30	A	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ CAR, Perico
LQ Pr 31	B	AFLP y Sec.		ABU	BOL POT, Livi Livi
LQ Pr 32	C	AFLP y Sec.		MA	BOL POT, Tupiza
LQ Pr 33	B	AFLP y Sec.		ABU	BOL ORU, Oruro
LQ Pr 34	B	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ YAV, Barrios
LQ Pr 35	C	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ YAV, Cangrejillos
LQ Pr 36	D	AFLP y Sec.		MA	ARG JUJ SCA, Santa Catalina
LQ Pr 37	B	AFLP y Sec.		MA	ARG JUJ TIL, Maimará
LQ Pr 38	B	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ TIL, Tilcara
LQ Pr 39	B	AFLP y Sec.		ABU	BOL CHU, Sucre
LQ Pr 40	B	AFLP y Sec.		ABU	BOL POT, Talina
LQ Pr 41	B	AFLP		ABU	ARG SNJ CAU, Caucete
LQ SCA 01	B	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ SCA, San Francisco
LQ SCA 02	B	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ RIN, Mina Pirquitas
LQ SCA 03	A	AFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ SCA, Mina Azul
<b>LA RIOJA</b>					
LR 001	D1	Sec.		ABU	ARG LRJ CHA, Chamental
LR 003	B	RFLP		ABU	ARG LRJ
LR 004	H	Sec.		ABU	ARG SNL
LR 005	C1b	Sec.		ABU	ARG LRJ, La Rioja capital
LR 006	N(xA,B)	RFLP		ABU	ARG MZA, Junín
LR 007	A	RFLP		ABU	ARG CBA, Córdoba capital
LR 009	C	RFLP		MA	ARG SFE, Las Toscas
LR 010	B	RFLP		MA	ARG CAT
LR 011	D	RFLP		MA	ARG LRJ GBE, Olta
LR 012	C	RFLP		ABU	ARG TUC, Tacurrado
LR 013	D	RFLP		ABU	ARG LRJ, La Rioja capital
LR 014	C1b	Sec.		ABU	ARG LRJ SBL, Los Sauces
LR 015	B	RFLP		ABU	ARG CAT TIN
LR 016	D1	Sec.		ABU	ARG LRJ CHI, Chilecito
LR 017	D	RFLP		ABU	ARG LRJ (interior)
LR 019	C	RFLP		ABU	ARG SNJ, San Ramón
LR 020	B	Sec.		ABU	ARG VIN, Va. San José
LR 021	D1	Sec.		ABU	ARG LRJ, La Rioja capital
LR 022	C1b	Sec.		ABU	ARG LRJ FVA, Guandacol
LR 023	D	RFLP		ABU	ARG BS AS, Quilmes
LR 024	C	RFLP		ABU	ARG LRJ, La Rioja capital
LR 025	A	RFLP		ABU	ARG BS AS ?
LR 026	C	RFLP		ABU	ARG LRJ, La Rioja capital
LR 027	C1b	Sec.		MA	ARG LRJ CHI, Chilecito
LR 028	D1	Sec.		ABU	ARG LRJ, La Rioja capital
LR 029	D1	Sec.		ABU	ARG LRJ CAB, Anillaco
LR 030	C1b	Sec.		ABU	ARG LRJ LSC, Alpasinda
LR 031	D1	Sec.		ABU	ARG LRJ CHI, Chilecito
LR 032	D1	Sec.		ABU	ARG LRJ, La Rioja Capital
LR 033	D1	Sec.		MA	ARG RLJ FVA, Va. Unión

Rótulo	Hg	Método	RFLP info	UACM	Lugar de nacimiento
LR 034	A	RFLP		MA	ARG LRJ IND, La Torre
LR 035	C1b	Sec.		ABU	ARG LRJ CHA, Chemical
LR 036	D	RFLP		ABU	ARG CBA, Chancaní
LR 037	B	Sec.		ABU	ARG SDE
LR 038	D	RFLP		ABU	ARG MZA, Godoy Cruz
LR 039	A	RFLP		DO	ARG LRJ GBE, Chañar
LR 040	C	RFLP		MA	ARG CBA, Córdoba capital
LR 041	C1b	Sec.		ABU	ARG SNL, (del campo)
LR 042	C	RFLP		ABU	ARG MZA, Mendoza Capital
LR 043	B	Sec.		ABU	ARG LRJ FVA, Guandacol
LR 044	C	RFLP		ABU	ARG TUC, ¿capital?
LR 046	C1b	Sec.		ABU	ARG LRJ JFQ, Nacate
LR 047	N(xA,B)	RFLP		MA	ARG LRJ, La Rioja Capital
LR 048	D1	Sec.		ABU	ARG LRJ, La Rioja Capital
LR 049	D1	Sec.		ABU	ARG LRJ CHI, Chilecito
LR 050	N(xA,B)	RFLP		MA	ARG BS AS, Junín
LR 051	D	RFLP		MA	ARG CBA, Cruz del eje
LR 052	A	Sec.		ABU	ARG LRJ GOO, (de la región de Milagro)
LR 053	D1	Sec.		ABU	ARG TUC MON, Acheral
LR 054	D	RFLP		MA	ARG CAT, Bazán
LR 055	C1d	Sec.		ABU	ARG LRJ, La Rioja Capital
LR 056	B	Sec.		ABU	ARG LRJ IND, Patquía
LR 057	N(xA,B)	RFLP		MA	ARG
LR 058	D1	Sec.		ABU	ARG LRJ, La Rioja Capital
LR 059	B	RFLP		ABU	ARG LRJ RVP, Ñoqueve
LR 060	H?	Sec.		ABU	ARG LRJ CHA, Chemical
LR 061	N(xA,B)	RFLP		ABU	ARG LRJ GSM, Ulapes
LR 063	C	RFLP		DO	ARG BS AS, Morón
LR 064	N(xA,B)	RFLP		ABU	ARG LRJ, La Rioja Capital
LR 065	D1	Sec.		ABU	ARG LRJ LSA, Los Sauces
LR 066	D1	Sec.		ABU	ARG LRJ, La Rioja Capital
LR 067	C1d	Sec.		ABU	ARG LRJ IND, Patquía
LR 068	D	RFLP		MA	ARG CBA, Cobituyo
LR 069	A	RFLP		MA	ARG CAT, Gruta quinta paralela Norte
LR 070	B	RFLP		ABU	ARG CAT MFL
LR 071	L3e2b	Sec.		ABU	ARG LRJ, La Rioja Capital
LR 072	D	RFLP		MA	ARG LRJ, La Rioja Capital
LR 073	D1	Sec.		ABU	ARG LRJ LSA, Los Sauces
LR 074	C	RFLP		MA	ARG SNJ VFE
LR 075	C1b	Sec.		ABU	ARG LRJ IND, Patquía
LR 076	C	RFLP		ABU	ARG LRJ, La Rioja Capital
LR 077	D1	Sec.		ABU	ARG LRJ, La Rioja Capital
LR 078	C	RFLP		ABU	ARG TUC
LR 079	D	RFLP		MA	ARG LRJ, La Rioja Capital
LR 080	A	Sec.		ABU	ARG MIS CAP, Pto. Mineral
LR 081	N(xA,B)	RFLP		ABU	ARG LRJ, La Rioja Capital
LR 082	A	RFLP		ABU	ARG CBA
LR 083	A	RFLP		ABU	ARG LRJ
LR 084	D1	Sec.		ABU	ARG LRJ GOO, Las Playas
LR 085	D	RFLP		ABU	ARG LRJ
LR 086	D1	Sec.		ABU	ARG LRJ LSA, Los Sauces
LR 087	D	RFLP		ABU	ARG LRJ, La Rioja Capital
LR 088	D	RFLP		ABU	ARG LRJ RVP, San Antonio
LR 089	D	RFLP		ABU	ARG LRJ, La Rioja Capital
LR 090	C1d	Sec.		ABU	ARG LRJ CHI, Chilecito? (vivía)
LR 091	J1c1	Sec.		ABU	ARG LRJ FAM, Famatina
LR 092	B	RFLP		ABU	ARG SNJ, San Juan Capital? (vivía)
LR 093	C	RFLP		ABU	ARG CBA, Alta Gracia
LR 095	C	RFLP		ABU	ARG LRJ RVP, La Chuña
LR 096	A	RFLP		ABU	ARG SNJ VFE, Las Sierras
LR 097	C	RFLP		ABU	ARG LRJ, La Rioja Capital? (vivía)
LR 098	N(xA,B)	RFLP		ABU	ARG LRJ, La Rioja Capital
LR 099	C1d	Sec.		ABU	ARG LRJ SAN, Sanagasta
LR 100	D1	Sec.		ABU	ARG LRJ, La Rioja Capital
LR 101	D	RFLP		DO	ARG CAT, Saujil
LR 102	N(xA,B)	RFLP		ABU	ARG CBA, Cerro de la Rosa
LR 103	D	RFLP		ABU	ARG LRJ
LR 104	A	RFLP		ABU	ARG SNJ, Valle Fértil
LR 105	D1	Sec.		ABU	ARG LRJ VIN, Jagüe

Rótulo	Hg	Método	RFLP info	UACM	Lugar de nacimiento
LR 106	D1	Sec.		ABU	ARG LRJ CBR, Pinchas
LR 107	D	RFLP		ABU	ARG LRJ, La Rioja Capital
LR 108	L(XM,N)	RFLP		ABU	ARG CBA, Cruz del Eje
LR 109	D	RFLP		MA	ARG LRJ
LR 110	N(xA,B)	RFLP		ABU	ESPAÑA
LR 111	D1	Sec.		ABU	ARG LRJ CHA, Chamical
LR 112	A	RFLP		ABU	ARG LRJ
LR 113	A	Sec.		ABU	ARG LRJ CAP, Carranza
LR 114	D	RFLP		ABU	ARG LRJ ACO, Villa Mazán
LR 115	D	RFLP		ABU	ARG CBA, Córdoba capital
LR 116	L(XM,N)	RFLP		ABU	ARG LRJ
LR 117	C	RFLP		MA	ARG CAT, Catamarca capital
LR 118	D	RFLP		MA	ARG LRJ CBR, Pinchas
LR 119	C1d	Sec.		ABU	ARG LRJ, La Rioja Capital
LR 120	C	RFLP		ABU	ARG FOR, Villa General Güemes
LR 121	D1	Sec.		ABU	ARG LRJ CHI, Vichigasta
LR 122	D	RFLP		MA	ARG LRJ FVA, Guandacol
LR 123	D1	Sec.		ABU	ARG LRJ CHI, Chilecito
LR 124	D	RFLP		ABU	ARG LRJ, La Rioja Capital
LR 125	A	RFLP		ABU	ARG LRJ, La Rioja Capital
LR 126	D	RFLP		ABU	ARG LRJ, La Rioja Capital
LR 127	N(xA,B)	RFLP		ABU	ARG CBA, Cruz del eje
LR 128	D1	Sec.		ABU	ARG LRJ CHA, La Esperanza de los Cerrillos
LR 129	C	RFLP		ABU	ARG LRJ, La Rioja Capital (vive)
LR 130	H	Sec.		ABU	ARG LRJ GBE
LR 131	D	RFLP		DO	ARG LRJ, La Rioja Capital
LR 132	N(xA,B)	RFLP		ABU	ARG CBA, Córdoba Capital
LR 133	C	RFLP		ABU	ARG FOR
LR 134	B	RFLP		ABU	ARG LRJ, La Rioja Capital
LR 135	A	RFLP		MA	ARG LRJ, Salana
LR 136	A	RFLP		ABU	ARG LRJ, La Rioja Capital
LR 137	D1	Sec.		ABU	ARG LRJ, La Rioja Capital
LR 138	C	RFLP		ABU	ARG BS AS
LR 139	L(XM,N)	RFLP		ABU	ARG CBA, Chancaní
LR 140	D1	Sec.		ABU	ARG LRJ CHI, Nonogasta
LR 141	D1	Sec.		ABU	ARG LRJ
LR 142	D	RFLP		ABU	ARG LRJ, La Rioja Capital
LR 143	B	RFLP		ABU	ARG JUJ
LR 144	D1	Sec.		ABU	ARG LRJ CHI, Chilecito
LR 145	B	Sec.		ABU	ARG LRJ CAP, El Cantadero
LR 146	B	Sec.		ABU	ARG LRJ GOO, Milagro
LR 147	A	RFLP		ABU	ARG LRJ RVP, EL Agua de Aguirre
LR 148	B	RFLP		ABU	ARG CAT, Belén
LR 149	C	RFLP		ABU	ARG MZA, Gral. Alvear
LR 150	B	Sec.		MA	ARG LRJ VIN, Jagüe
LR 151	B	RFLP		MA	ARG CAT AND, Capillitas
LR 152	B	Sec.		ABU	ARG LRJ CBR, Anillaco
LR 153	C	RFLP		ABU	ARG CAT, Catamarca Capital.
LR 154	C	RFLP		DO	ARG LRJ, La Rioja Capital
LR 155	N(xA,B)	RFLP		ABU	ARG LRJ, La Rioja Capital
LR 156	D	RFLP		DO	ARG SDE ATA, Loreto
LR 157	N(xA,B)	RFLP		ABU	ARG LRJ, La Rioja Capital
LR 158	B	RFLP		ABU	ARG COR, Sauce
LR 159	B	RFLP		ABU	ARG, Capital Federal
LR 160	D	RFLP		ABU	ARG CBA, Córdoba Capital
LR 161	L(XM,N)	RFLP		ABU	ARG LRJ, La Rioja Capital
LR 162	D	RFLP		MA	ARG CBA, La Tacanita (El Chacho)
LR 163	D1	Sec.		ABU	ARG LRJ JFQ, Portezuelo
LR 164	N(xA,B)	RFLP		ABU	ARG BS AS
LR 165	N(xA,B)	RFLP		ABU	ARG CBA, Serrezuela
LR 166	D	RFLP		ABU	ARG LRJ, La Rioja Capital
LR 167	D1	Sec.		MA	ARG LRJ FVA, Guandacol
LR 168	L(XM,N)	RFLP		ABU	ARG CBA, Cruz del eje
LR 169	D1	Sec.		ABU	ARG SDE, Santiago del E. capital
LR 170	C1b	Sec.		ABU	CHI, Tarca
LR 171	C	RFLP		ABU	ARG TUC, Tucumán Capital
LR 172	A	Sec.		ABU	ARG LRJ, La Rioja Capital
LR 174	B	RFLP		S/D	S/D
LR 175	D1	Sec.		ABU	ARG LRJ, La Rioja Capital

Rótulo	Hg	Método	RFLP info	UACM	Lugar de nacimiento
LR 176	C	RFLP		ABU	ARG LRJ, La Rioja Capital
LR 177	D	RFLP		ABU	ARG LRJ, La Rioja Capital
LR 178	D	RFLP		ABU	ARG TUC, Tucumán Capital
LR 179	B	Sec.		ABU	ARG LRJ SAN, Sanagasta
LR 180	D	RFLP		ABU	ARG CAT, Andalgalá
LR 181	A	RFLP		ABU	ARG, Capital Federal
LR 182	A	RFLP		MA	ARG LRJ, La Rioja Capital
LR 184	A	RFLP		ABU	ARG SNJ
LR 185	N(xA,B)	RFLP		ABU	ARG LRJ, La Rioja Capital
LR 186	C	RFLP		MA	ARG LRJ, La Rioja Capital
LR 187	B	RFLP		ABU	BOL Cochabamba Prov. Esteban Arce Tarata
LR 188	D	RFLP		ABU	ARG JUJ
LR 189	C1d	Sec.		ABU	ARG LRJ GOO, Catuna
LR 190	D	RFLP		MA	ARG SNL
LR 191	B	RFLP		ABU	ARG MZA, Rivadavia
LR 192	L1c1a2	Sec.		ABU	ARG LRJ FAM, Famatina Atocarrizal
LR 193	A	Sec.		ABU	ARG LRJ GOO, Milagro
LR 194	A	RFLP		ABU	ARG LRJ, La Rioja Capital
LR 195	A	Sec.		ABU	ARG LRJ CHI, Chilecito
LR 196	A	RFLP		MA	ARG SNJ, Rawson
LR 197	L(XM,N)	RFLP		ABU	ARG CBA
LR 198	B	RFLP		ABU	ARG FOR, Formosa Capital
LR BS 01	C1b	Sec.		ABU	ARG LRJ AVP, Tama
LR BS 02	B	Sec.		ABU	ARG LRJ FAM, Antinaco
LR BS 03	D	RFLP		MA	ARG ¿LRJ o CAT?, Tucumanao
LR BS 04	H5	Sec.		ABU	ARG LRJ CB, Aminga
LR BS 05	C1d	Sec.		ABU	ARG LRJ GLM, Va. Castelli
LR BS 06	B	Sec.		ABU	ARG LRJ CHI, Anguinan
LR BS 07	C1b	Sec.		ABU	ARG LRJ JFQ, Nacate
LR BS 08	D	RFLP		ABU	ARG LRJ, LA Rioja capital
LR BS 09	A	RFLP		ABU	ARG SFE, Sta. Fe Capital
LR BS 10	B	RFLP		MA	ARG LRJ GOO, Milagro
LR BS 11	A	Sec.		ABU	ARG LRJ FVA, Villa Unión
LR BS 12	D1	Sec.		ABU	ARG LRJ GOO, Olpas
LR BS 13	N(xA,B)	RFLP		MA	ÁRG CBA
LR BS 14	D	RFLP		ABU	ARG LRJ CHA, Puesto de las Riberas
LR BS 15	L3e3	Sec.		ABU	ARG LRJ CHI, Malligasta
LR BS 16	C	RFLP		S/D	S/D
LR BS 17	N(xA,B)	RFLP		ABU	ARG LRJ, LA Rioja capital
LR BS 18	D	RFLP		ABU	ARG TUC, Monteros
LR BS 19	D	RFLP		ABU	ARG CAT, Copacabana
LR BS 20	J1a'b'e	Sec.		ABU	ARG LRJ ACO, Aimagasta
LR BS 21	D1	Sec.		MA	ARG LRJ ACO, Aimagasta
LR BS 22	C	RFLP		MA	ARG LRJ, La Rioja capital
LR BS 23	D	RFLP		ABU	ARG LRJ, La Rioja capital
LR BS 24	D	RFLP		ABU	ARG CBA
LR BS 25	A	RFLP		MA	ARG LRJ, La Rioja capital
LR BS 26	D	RFLP		ABU	ARG LRJ, Chamental
LR BS 27	N(xA,B)	RFLP		ABU	ARG CAT
LR BS 28	D	RFLP		ABU	ARG LRJ, La Rioja capital
LR BS 29	HV0b'c	Sec.		ABU	ARG LRJ FMA, Chañarmuyo
LR BS 30	D1	Sec.		ABU	ARG LRJ, La Rioja capital
LR BS 31	D1	Sec.		ABU	ARG LRJ LRC, Talamuyuna
LR BS 32	N(xA,B)	RFLP		ABU	ITALIA
LR BS 33	C	RFLP		ABU	ARG LRJ, La Rioja capital
LR BS 34	D	RFLP		ABU	ARG CAT, Medanito
LR BS 35	N(xA,B)	RFLP		ABU	ARG CBA
LR BS 36	D1	Sec.		ABU	ARG LRJ VCH, Jagüé
LR BS 37	B	Sec.		ABU	ARG LRJ CHA (a 15 km. De Chamental)
LR BS 38	D1	Sec.		MA	ARG LRJ, Chilecio
LR BS 39	B	RFLP		ABU	ARG SNJ, Jáchal
LR BS 40	C	RFLP		ABU	ARG LRJ, La Rioja capital
LR BS 41	D	RFLP		MA	ARG LRJ, La Rioja capital
LR BS 42	N(xA,B)	RFLP		ABU	ARG CAT
LR BS 43	B	Sec.		ABU	ARG LRJ, Chamental
LR BS 44	N(xA,B)	RFLP		ABU	ARG ERI, Gualeguay
LR BS 45	H5	Sec.		ABU	ARG LRJ, Cuesta de Miranda
LR BS 46	N(xA,B)	RFLP		ABU	ARG CBA, Cruz del Eje

Rótulo	Hg	Método	RFLP info	UACM	Lugar de nacimiento
<b>MAIMARA</b>					
MM 001	B	AFLP		DO	ARG JUJ TIL, Maimará
MM 002	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ YAV, Pulpera
MM 003	B	AFLP		DO	ARG JUJ TIL, Tilcara
MM 004	B	AFLP y sec.		MA	ARG JUJ HUM, Hornaditas
MM 005	B	AFLP		DO	ARG JUJ TIL, Maimará
MM 006	A	AFLP		MA	ARG SAL CAP, Salta Capital
MM 007	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ SUS, Huancar
MM 009	B	AFLP y sec.		ABU	BOL
MM 010	B	AFLP y sec.		ABU	ARG SAL IRU, Rodeo Colorado
MM 011	B	AFLP y sec.		ABU	BOL POT, Potosí
MM 012	B	AFLP y sec.		MA	BOL COC, Cochabamba
MM 013	B	AFLP		ABU	ARG JUJ COC, Cochinoca
MM 014	B	AFLP y sec.		ABU	BOL TAR, Villazón San Marco
MM 016	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TIL, Juella
MM 017	C	AFLP y sec.		ABU	BOL MISTE, Huanacuno
MM 018	Nx(A,B)	AFLP		ABU	Siria
MM 019	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ BEL, SSJ
MM 020	C	AFLP y sec.		ABU	BOL
MM 021	C	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TIL, Maimará
MM 022	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TIL, Maimará
MM 023	C	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TIL, Las Ánimas
MM 024	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TIL, Juella
MM 025	D	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TIL, El Perchel
MM 026	B	AFLP		DO	ARG JUJ TIL, Maimará
MM 027	A	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ LED, Yuto
MM 028	D	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TIL, Juella
MM 029	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TIL, Yacoraité
MM 030	B	AFLP		MA	ARG SAL CAN?, El Zapallar
MM 031	B	AFLP y sec.		ABU	BOL?
MM 032	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ YAV, Abra Colorada
MM 033	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ HUM, Mina El Aguilar (Portillo)
MM 034	B	AFLP y sec.		MA	ARG JUJ TIL, Tilcara
MM 035	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TIL, Maimará
MM 036	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ HUM, Rodero
MM 037	A	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ COC, Abra Pampa
MM 038	B	AFLP y sec.		ABU	BOL?
MM 039	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ HUM, Mina El Aguilar
MM 040	B	AFLP		ABU	BOL TAR, Villazón San Marco
MM 041	D	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ SUS, Susques
MM 042	B	AFLP y sec.		MA	ARG JUJ VGR, Caspalá
MM 043	B	AFLP y sec.		MA	ARG SAL GUE, Güemes
MM 044	B	AFLP y sec.		ABU	ARG SAL CAP, Salta
MM 045	B	AFLP y sec.		ABU	BOL SCZ, Santa Cruz de la Sierra
MM 046	A	AFLP y sec.		MA	ARG JUJ COC, Abra Pampa
MM 047	C	AFLP y sec.		ABU	BOL
MM 048	B	AFLP y sec.		MA	ARG SAL SVI, Santa Victoria
MM 049	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ YAV, Tafna
MM 050	B	AFLP y sec.		ABU	BOL, La Paz
MM 051	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ HUM, Mina El Aguilar
MM 052	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TIL, Maimará
MM 053	C	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ CAR, Los Lapachos
MM 054	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TIL, Tilcara
MM 055	B	AFLP y sec.		MA	ARG JUJ TIL, Juella
MM 056	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TIL, Maimará
MM 057	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TUM, San José del Chañi
MM 058	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TUM, Purmamarca
MM 059	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TUM, Purmamarca
MM 060	B	AFLP y sec.		ABU	BOL COC, Cochabamba
MM 062	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TIL, Huichaira
MM 063	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TIL, Abra Mayo
MM 064	C	AFLP y sec.		MA	ARG JUJ COC, Aguas Chicas
MM 065	B	AFLP y sec.		ABU	BOL
MM 066	D	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TIL, Huichaira
MM 067	C	AFLP y sec.		MA	ARG JUJ COC, Abra Pampa o ARG JUJ HUM, El Aguilar
MM 068	B	AFLP		DO	ARG JUJ PED, Ingenio La Esperanza
MM 069	B	AFLP y sec.		MA	ARG JUJ HUM, Humahuaca
MM 071	A	AFLP		ABU	ARG JUJ YAV, La Quiaca
MM 072	B	AFLP y sec.		MA	ARG JUJ TUM, El Moreno

Rótulo	Hg	Método	RFLP info	UACM	Lugar de nacimiento
MM 073	C	AFLP y sec.		MA	ARG JUJ TIL, Molulo
MM 074	B	AFLP		MA	ARG JUJ HUM, Mina El Aguilar
MM 075	A	AFLP y sec.		ABU	ARG SAL RDL, El Palomar
MM 076	A	AFLP y sec.		ABU	ARG SAL SVI, Santa Victoria
MM 077	B	AFLP y sec.		ABU	BOL?
MM 078	B	AFLP y sec.		ABU	BOL?
MM 079	C	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TIL, El Durazno
MM 080	B	AFLP y sec.		MA	ARG JUJ YAV, Aguada (cerca de Cerrillos)
MM 081	B	AFLP y sec.		MA	ARG JUJ HUM, Casa Grande
MM 082	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ SUS, Susques
MM 083	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TIL, Tilcara_hija de BOL
MM 084	D	AFLP y sec.		MA	ARG JUJ TIL, Juella
MM 085	B	AFLP y sec.		MA	ARG JUJ TIL, El Durazno
MM 086	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TIL, Juella
MM 087	B	AFLP		ABU	ARG CAT SMA, Santa María
MM 088	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ YAV, Pulpera
MM 089	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ COC, Quebraleña
MM 090	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TIL, Huichaira
MM 091	B	AFLP y sec.		ABU	ARG SAL
MM 092	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TUM, El Moreno
MM 093	A	AFLP y sec.		ABU	ARG SAL IRU, Iruya
MM 094	B	AFLP y sec.		MA	ARG JUJ HUM, Mina El Aguilar
MM 095	B	AFLP		DO	ARG JUJ HUM, Mina El Aguilar
MM 096	A	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ HUM, Rodero
MM 097	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ HUM, Azulpampa
MM 098	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ HUM, Tres Cruces
MM 099	C	AFLP y sec.		MA	BOL
MM 100	C	AFLP y sec.		ABU	BOL TAR, Tarija
MM 101	D	AFLP		DO	ARG JUJ HUM, Negra Muerta
MM 102	B	AFLP y sec.		MA	PAR, Mbarigüí
MM 103	A	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TIL, Quebrada Amarilla
MM 104	Nx(A,B)	AFLP		ABU	ITA, Piamonte
MM 105	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ COC, Casabindo
MM 106	B	AFLP		DO	ARG JUJ TUM, Purmamarca
MM 107	C	AFLP		ABU	URU
MM 108	A	AFLP y sec.		ABU	ARG SAL RIV?, Morillos
MM 109	B	AFLP		ABU	BOL
MM 110	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TUM, Purmamarca
MM 112	A	AFLP y sec.		ABU	BOL
MM 113	B	AFLP		DO	ARG JUJ TIL, Tilcara
MM 114	B	AFLP		DO	ARG JUJ TIL, Maimará
MM 115	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TIL, Juella
MM 116	B	AFLP		ABU	ARG JUJ TUM, Sepultura
MM 117	B	AFLP		MA	ARG JUJ BEL, SSJ
MM 118	D	AFLP y sec.		ABU	BOL
MM 119	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ COC, Abra Pampa
MM 120	A	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ RIN, Mina Pirquitas
MM 121	B	AFLP		DO	ARG JUJ TIL, Tilcara
MM 122	B	AFLP y sec.		MA	ARG JUJ HUM, Humahuaca
MM 123	B	AFLP y sec.		MA	ARG JUJ HUM, Humahuaca
MM 124	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TUM, Rinconadilla
MM 125	B	AFLP y sec.		ABU	PER
MM 126	B	AFLP y sec.		ABU	BOL COC, Quillacoyo
MM 127	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TIL, Maimará
MM 128	B	AFLP y sec.		MA	BOL TAR, Tarija
MM 129	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TUM, Volcán
MM 130	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TUM, Purmamarca
MM 131	B	AFLP		MA	ARG JUJ TIL, Maimará
MM 132	A	AFLP y sec.		MA	ARG JUJ COC, Quera
MM 133	C	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TUM, Purmamarca
MM 134	B	AFLP y sec.		MA	ARG JUJ TUM, Purmamarca
MM 135	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TUM, Chañi Grande
MM 136	C	AFLP y sec.		ABU	CHI
MM 137	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ HUM, Mina El Aguilar
MM 138	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ HUM, Mina El Aguilar
MM 139	B	AFLP y sec.		MA	ARG JUJ TIL, Maimará
MM 140	D	AFLP		DO	ARG JUJ TIL, Maimará
MM 141	B2	Sec.		ABU	ARG JUJ HUM, Mina El Aguilar
MM 142	B	AFLP y sec.		MA	ARG JUJ TUM, Cienaguillas

Rótulo	Hg	Método	RFLP info	UACM	Lugar de nacimiento
MM 143	A	AFLP y sec.		MA	ARG JUJ COC, Queta
MM Pur 01	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TUM, Lipán
MM Pur 02	A	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TUM, El Moreno?
MM Pur 03	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TIL, Maimará
MM Pur 04	B	AFLP y sec.		MA	ARG JUJ RIN, Casa Colorada
MM Pur 06	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TUM, Tucsa (cerca de Colorado)
MM Pur 08	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TUM, Purmamarca
MM Pur 09	B	AFLP y sec.		ABU	ARG SAL
MM Pur 10	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ COC, Vicuñaoc (cerca de El Aguilar)
MM Pur 11	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ COC, Tusaquía
MM Pur 12	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TUM, La Ciénaga
MM Pur 13	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TUM, Potrero Grande
MM Pur 14	A	AFLP y sec.		MA	ARG JUJ TUM, Tumbaya
MM Pur 15	A	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ COC, Abra Pampa
MM Pur 16	C	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TUM, Lipán
MM Pur 17	B	AFLP y sec.		ABU	BOL
MM Pur 18	A	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TUM, Purmamarca
MM Pur 20	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TUM, Rinconadilla
MM Pur 21	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TUM, El Moreno
MM Pur 22	B	AFLP		MA	ARG JUJ BEL, SSJ
MM Pur 25	B	AFLP y sec.		MA	ARG JUJ TUM, San José del Chañi
MM Pur 26	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TUM, Moreno Chico
MM Pur 27	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TUM, El Moreno
MM Pur 28	B	AFLP y sec.		ABU	ARG SAL LAN, Sansana
MM Pur 29	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TUM, San José del Chañi
MM Pur 30	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TUM, Rinconadilla
MM Pur 31	A	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TUM, San José del Chañi
MM Pur 34	B	AFLP y sec.		MA	ARG JUJ TUM, Huachichocana
MM Pur 35	B	AFLP y sec.		ABU	ARG SAL IRU, San Juan (cerca de Iruya)
MM Pur 36	C	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ HUM, Humahuaca
MM Pur 37	B	AFLP		MA	ARG JUJ BEL, SSJ
MM Pur 38	B	AFLP y sec.		ABU	ARG SAL SVI, Santa Victoria
MM Pur 39	C	AFLP y sec.		ABU	BOL SCZ, Santa Cruz de la Sierra
MM Pur 40	B	AFLP		MA	ARG JUJ BEL, San Bernardo
MM Pur 41	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TUM, Volcán
MM Pur 42	B	AFLP		DO	ARG JUJ TIL, Maimará
MM Tum 01	B	AFLP y sec.		MA	ARG JUJ TIL, Maimará
MM Tum 02	B	AFLP y sec.		MA	ARG JUJ TUM, Tumbaya Grande
MM Tum 03	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TUM, Salvear (Tumbaya Grande)
MM Tum 04	B	AFLP y sec.		MA	BOL TAR, Uyuni
MM Tum 06	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TIL, Huacalera
MM Tum 07	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TIL, Maimará
MM Tum 08	C	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TUM, Tumbaya
MM Tum 09	C	AFLP y sec.		MA	ARG JUJ TIL, Yala de Monte Carmelo
MM Tum 10	D	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TUM, Punta Corral
MM Tum 11	A	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TUM, Tumbaya Grande
MM Tum 13	A	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TUM, Tunalito (cerca de Maimará)
MM Tum 14	C	AFLP y sec.		MA	ARG JUJ TUM o BEL, Bárcena
MM Tum 15	B	AFLP y sec.		MA	ARG JUJ TIL, Maimará
MM Tum 20	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TUM, Punta Corral
MM Tum 21	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TUM, Punta Corral
MM Tum 22	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TUM, San Bernardo
MM Tum 23	B	AFLP y sec.		ABU	ARG JUJ TUM, Punta Corral
<b>MENDOZA</b>					
MZ 001	N(xAB)	RFLP		ABU	URUGUAY
MZ 002	N(xAB)	RFLP		MA	ARG MZA, Mendoza capital
MZ 003	D	RFLP		DO	ARG MZA, Godoy Cruz
MZ 004	N(xAB)	RFLP		MA	ARG BS AS, Chavez
MZ 005	C	RFLP		ABU	ARG SJN
MZ 006	N(xAB)	RFLP		ABU	ITALIA?
MZ 007	A	Sec.		ABU	ARG MZA
MZ 008	A	Sec.		ABU	ARG CBA
MZ 010	B	Sec.		ABU	BOL TAR
MZ 012	D1	Sec.		DO	ARG MZA, Bermejo
MZ 013	D	RFLP		MA	BOL
MZ 015	B	Sec.		ABU	BOL
MZ 016	C	RFLP		MA	ARG SNJ, Pocitos
MZ 017	C1b	Sec.		ABU	ARG SAL GGM, General Güemes

Rótulo	Hg	Método	RFLP info	UACM	Lugar de nacimiento
MZ 018	B	Sec.		ABU	ARG MZA
MZ 019	C1d	Sec.		ABU	ARG SDE, Herrera?
MZ 020	H	Sec.		S/D	S/D
MZ 021	D1	Sec.		ABU	ARG SNJ
MZ 022	D1	Sec.		ABU	ARG MZA
MZ 023	A	RFLP		MA	ARG LRJ
MZ 024	N(xAB)	RFLP		ABU	ITALIA, Sicilia
MZ 025	L3e2b	Sec.		ABU	ARG SNJ
MZ 026	D	RFLP		MA	ARG MZA
MZ 027	A	Sec.		ABU	ARG MZA
MZ 028	L3f1b1	Sec.		ABU	ITALIA
MZ 029	N(xAB)	RFLP		ABU	ITALIA, Carrara
MZ 030	A	RFLP		ABU	ESPAÑA, Toledo
MZ 031	D	RFLP		ABU	ESPAÑA
MZ 032	N(xAB)	Sec.	Región V 9bp por triplicado	ABU	ESPAÑA
MZ 033	A	Sec.		ABU	ARG SNL?
MZ 034	B	Sec.		ABU	BOL
MZ 035	A	Sec.		ABU	Chi, Santiago
MZ 036	N(xAB)	RFLP		ABU	ARG MZA, Mendoza capital
MZ 037	B	Sec.		ABU	ARG MZA, San Martín
MZ 038	N(xAB)	RFLP		ABU	ARG MZA
MZ 039	C1b	Sec.		ABU	ARG MZA, san Carlos
MZ 040	C1b	Sec.		ABU	ARG MZA
MZ 041	D1	Sec.		ABU	ARG SNJ
MZ 042	L3e1	Sec.		ABU	ARG, Cap. Fed.
MZ 050	B	Sec.		ABU	ARG MZA, Malgüe
MZ 051	A	Sec.		ABU	ARG MZA, mendoza capital
MZ 052	D1	Sec.		ABU	ARG SNL, Quines (al norte)
MZ 053	N(xAB)	RFLP		ABU	ARG MZA
MZ 054	D	RFLP		ABU	ARG SNJ
MZ 055	B	Sec.		ABU	ARG MZA
MZ 056	C	RFLP		MA	ARG MZA
MZ 057	C1b	Sec.		ABU	ARG MZA?
MZ 058	D1	Sec.		ABU	ARG SNJ ¿de Astica o Valle fértil?
MZ 059	H	Sec.		ABU	ARG MZA
MZ 060	L2Ac1	Sec.		ABU	ARG MZA, Luján de Cuyo
MZ 061	H5	Sec.		ABU	ARG MZA
MZ 062	N(xAB)	RFLP		MA	ARG MZA
MZ 063	A	RFLP		MA	ARG SNJ, San Juan Capital
MZ 064	C1b	Sec.		ABU	CHILE, Temuco
MZ 065	B	RFLP		ABU	ARG SAL
MZ 066	A	RFLP		ABU	ARG MZA
MZ 067	C	RFLP		ABU	ARG SNJ
MZ 068	C1b	Sec.		ABU	ARG SNL
MZ 069	A	RFLP		MA	ARG MZA LAV
MZ 070	C	RFLP		ABU	ITALIA
MZ 071	C	RFLP		MA	BOL
MZ 073	D1	Sec.		ABU	ARG SNJ?
MZ 074	A	RFLP		ABU	ARG MZA
MZ 075	C	RFLP		ABU	URU, San José
MZ 076	D1	Sec.		ABU	ARG LPMP, Victorica
MZ 077	H	Sec.		ABU	ARG MZA, Las Heras
MZ 078	B	RFLP		ABU	ARG?
MZ 079	L3b	Sec.		ABU	ARG MZA, Guaymallén
MZ 080	N(xAB)	RFLP		ABU	ESPAÑA
MZ 081	D	RFLP		ABU	ARG MZA, Guaymallén
MZ 082	N(xAB)	RFLP		ABU	ESPAÑA
MZ 083	N(xAB)	RFLP		ABU	ARG MZA, Maipú
MZ 084	L3b	Sec.		ABU	ARG CBA RIO 2º
MZ 085	L2a1	Sec.		MA	ARG MZA, Mendoza Capital
MZ 086	B	RFLP		ABU	ARG SNJ, Caucete
MZ 087	C1b	Sec.		ABU	ARG MZA LUJ, Chacra de Coria
MZ 088	A	Sec.		ABU	ARG MZA
MZ 089	N(xAB)	RFLP		MA	ARG MZA, Mendoza Capital
MZ 090	D	RFLP		ABU	CHILE
MZ 091	A	Sec.		MA	ARG MZA, Tunuyán
MZ 092	N(xAB)	RFLP		ABU	ARG MZA
MZ 093	B	RFLP		ABU	ARG SNJ

Rótulo	Hg	Método	RFLP info	UACM	Lugar de nacimiento
MZ 094	C	RFLP		MA	ARG SNJ
MZ 095	K1b2	Sec.		ABU	ITALIA
MZ 096	N(xAB)	RFLP		ABU	ARG MZA
MZ 097	N(xAB)	RFLP		ABU	ARG MZA
MZ 098	D	RFLP		ABU	ARG SNJ
MZ 099	B	RFLP		ABU	ARG SNJ
MZ 100	C	RFLP		ABU	ARG LRJ
MZ 101	A	Sec.		ABU	ARG MZA, General Alvear
MZ 102	B	RFLP		ABU	ARG SNJ, San Juan Capital
MZ 103	C	RFLP		ABU	ARG JUJ, San Salvador de Jujuy
MZ 104	C	RFLP		MA	ARG MZA
MZ 105	D	RFLP		ABU	ARG MZA, Tunuyán
MZ 106	D1	Sec.		ABU	BOL
MZ 107	D1	Sec.		ABU	CHILE
MZ 108	A	RFLP		ABU	ARG SNJ, San Juan capital
MZ 109	B	Sec.		ABU	ARG MZA, Las Heras
MZ 110	B	RFLP		ABU	ARG MZA
MZ 111	C1b	Sec.		ABU	ARG SNJ BARRIAL
MZ 112	D1	Sec.		ABU	ARG LRJ CHEPES
MZ 114	C1c	Sec.		ABU	CHILE II REGION?
MZ 115	D1	Sec.		ABU	ARG MZA, Mendoza Capital
MZ 116	C1d	Sec.		ABU	ARG MZA
MZ 117	H	Sec.		ABU	ARG MZA, Maipú
MZ 118	D	RFLP	Región V triplicada	MA	ARG MZA, San Rafael
MZ 119	A	Sec.		ABU	ARG MZA, San Rafael
MZ 120	A	RFLP		ABU	ARG MZA
MZ 121	B	RFLP		DO	ARG MZA, Guaymallen
MZ 123	D	RFLP		ABU	ITALIA
MZ 124	B	RFLP		S/D	S/D
MZ 125	D1	Sec.		ABU	ARG SNL
MZ 126	A	Sec.		ABU	ARG MZA, San Rafael
MZ 127	H	Sec.		ABU	ARG MZA, San Rafael
MZ 128	L3e2b	Sec.		ABU	ARG MZA, Guaymallén
MZ 130	C1d	Sec.		ABU	ARG SNJ
MZ 131	D1	Sec.		ABU	BOL
MZ 132	N(xAB)	RFLP		MA	ARG MZA
MZ 133	N(xAB)	RFLP		ABU	ESPAÑA
MZ 134	C	RFLP		ABU	ARG SNJ
MZ 135	C	RFLP		MA	ARG
MZ 136	B	RFLP		ABU	ARG BS AS
MZ 137	H	Sec.		ABU	BRASIL
MZ 138	N(xAB)	RFLP		ABU	ARG MZA
MZ 139	D	RFLP		ABU	ARG MZA, Junín
MZ 140	C1b	Sec.		MA	ARG MZA, Malargüe
MZ 141	A	Sec.		ABU	ARG SDE
MZ 142	B	Sec.		ABU	ARG MZA
MZ 143	D1	Sec.		ABU	ARG MZA, Rivadavia
MZ 144	C1b	Sec.		ABU	ARG SNL, Villa Mercedes
MZ 145	L3f1b1	Sec.		DO	ARG MZA, Mendoza capital
MZ 146	C1b	Sec.		ABU	ARG MZA, General Alvear
MZ 147	L3f1b1	Sec.		ABU	ARG MZA JUNIN de CUYO, Medrano
MZ 148	A	RFLP		ABU	ARG MZA
MZ 149	B	RFLP		ABU	ARG MZA
MZ 150	D1	Sec.		ABU	ARG MZA
MZ Sal 02	C1c	RFLP y Sec.	13263 rev.	ABU	ARG MZA, Rivadavia
MZ Sal 03	A	RFLP y Sec.		ABU	Mza, Sta Rosa
MZ Sal 15	D1	RFLP y Sec.		ABU	Mza, San Rafael, Las Malvinas
MZ Sal 01	B	RFLP		ABU	BOL
MZ Sal 16		RFLP		ABU	ARG RNE
<b>SAN JUAN</b>					
SJ JA 01	C1b	Sec.		ABU	ARG SJN JAC, Jáchal
SJ JA 02	C1b	Sec.		MA	ARG SJN JAC, Jáchal
SJ JA 03	B	Sec.		DO	ARG SJN JAC, Jáchal
SJ JA 04	U6a	Sec.		ABU	CHILE
SJ JA 05	D1	Sec.		ABU	ARG SJN JAC, Jáchal
SJ JA 06	C1b	Sec.		ABU	ARG SNJ IGL, Iglesia
SJ JA 07	A	Sec.		ABU	ARG SJN JAC, Jáchal

Rótulo	Hg	Método	RFLP info	UACM	Lugar de nacimiento
SJ JA 08	B	Sec.		ABU	ARG SJN JAC, Jáchal
SJ JA 09	B	Sec.		DO	ARG SJN JAC, Jáchal
SJ JA 10	D1	Sec.		ABU	ARG SJN JAC, Jáchal
SJ JA 12	C1d	Sec.		ABU	ARG SJN JAC, Huaco
SJ JA 13	C1d	Sec.		ABU	ARG COR PDL, Paso de los Libres
SJ JA 14	U5a	Sec.		ABU	ARG SNJ CAP, San Juan
SNJ 001	C1b	Sec.		ABU	ARG SNJ POC, Pocito
SNJ 002	C4c	Sec.		ABU	ARG SNJ CAU, Caucete
SNJ 003	B2	Sec.		MA	ARG SNJ ULL
SNJ 004	B2	Sec.		MA	ARG SNJ CAP, San Juan
SNJ 005	D1	Sec.		ABU	ARG SNJ VFE, Valle Fértil
SNJ 006	Nx(A,B)	AFLP		ABU	ESPAÑA
SNJ 008	A2	Sec.		ABU	ARG SNJ RIV, La Bebida
SNJ 009	D4h3	Sec.		ABU	ARG SNJ SAR, Va. Media Agua
SNJ 010	A2	Sec.		ABU	ARG SNJ SAR, Va. Media Agua
SNJ 011	A2	Sec.		MA	ARG SNJ
SNJ 012	C4c	Sec.		ABU	ARG LRJ
SNJ 013	D1	Sec.		ABU	ARG SNJ CAP, San Juan
SNJ 014	C1d	Sec.		ABU	ARG SNJ VFE, La Majadita
SNJ 015	B2	Sec.		MA	ARG SNJ CAP, San Juan
SNJ 016	C1c	Sec.	Alul 13262+	ABU	ARG SNJ CAP, San Juan
SNJ 017	A2	Sec.		ABU	ARG SNJ JAC, Jáchal
SNJ 018	A2	Sec.		ABU	ARG LRJ GBE, Bella Vista
SNJ 019	U6a	Sec.		ABU	ARG SNJ
SNJ 020	X2b	Sec.		ABU	ARG SNJ
SNJ 021	A2	Sec.		ABU	ARG SNJ CAP, San Juan
SNJ 023	A2	Sec.		ABU	ARG LRJ GBE, Bella Vista
SNJ 024	C1b	Sec.		ABU	ARG SNJ
SNJ 025	C1b	Sec.		MA	ARG SNJ CAP, San Juan
SNJ 026	D1	Sec.		ABU	CHILE
SNJ 027	B2	Sec.		ABU	ARG SNJ CAL, Calingasta
SNJ 028	A2	Sec.		ABU	ARG SNL CAP, San Luis
SNJ 029	C1b	Sec.		ABU	ARG LRJ RVP, Chepes
SNJ 030	A2	Sec.		MA	ARG SNJ
SNJ 031	C1b	Sec.		ABU	ARG SNJ VDM
SNJ 032	B2	Sec.		ABU	ARG SNJ
SNJ 033	B2	Sec.		ABU	ARG SNJ
SNJ 034	B2	Sec.		MA	ARG SNJ VFE, Valle Fértil
SNJ 035	L3e2	Sec.		ABU	ARG SNJ VFE, Valle Fértil
SNJ 037	C1b	Sec.		ABU	ARG SNJ CAL, Calingasta
SNJ 038	B2	Sec.		MA	ARG SNJ CAP, San Juan
SNJ 039	A2	Sec.		ABU	ARG SNJ CAP, San Juan
SNJ 040	B2	Sec.		ABU	ARG SNJ CAL, Puchuzún
SNJ 041	D1	Sec.		ABU	ARG MZA
SNJ 042	C1b	Sec.		MA	ARG SNJ RAW, Rawson
SNJ 043	C1b	Sec.		ABU	ARG SNJ CAP, San Juan
SNJ 044	U4c1	Sec.		ABU	ARG SNJ CAP, San Juan
SNJ 047	C1b	Sec.		ABU	ARG LRJ
SNJ 048	C1b	Sec.		ABU	ARG SNJ ALB, Albardón
SNJ 049	D1	Sec.		ABU	ARG SNJ ULL
SNJ 050	C1d	Sec.		ABU	ARG LRJ
SNJ 051	Nx(A,B)	AFLP		ABU	RUMANIA
SNJ 052	B2	Sec.		ABU	ARG SNJ
SNJ 053	C1d	Sec.		ABU	ARG SNJ_abu mat apellido Casivar
SNJ 054	B2	Sec.		ABU	ARG SNJ CAL, Calingasta
SNJ 055	D1	Sec.		ABU	ARG SNJ POC, Pocitos
SNJ 056	C1d	Sec.		ABU	ARG SNJ CAP, San Juan?
SNJ 057	D1	Sec.		ABU	ARG SNJ CAP, San Juan
SNJ 058	C1b	Sec.		ABU	ARG SNJ
SNJ 059	B2	Sec.		ABU	ARG CHA CAP, Resistencia
SNJ 060	C1c	Sec.	Alul 13262 -	ABU	ARG SNJ
SNJ 061	C1b	Sec.		MA	ARG SNJ CAP, San Juan
SNJ 062	H	Sec.		MA	ARG MZA LAV, Laguna del Rosario
SNJ 063	B2	Sec.		MA	ARG SNJ
SNJ 064	L2a1	Sec.		MA	ARG LRJ
SNJ 065	B2	Sec.		ABU	ARG SNJ JAC, Jáchal
SNJ 066	D1	Sec.		MA	ARG SNJ CAP, San Juan
SNJ 067	C1b	Sec.		MA	ARG SNJ CAP, San Juan
SNJ 068	B2	Sec.		ABU	ARG SNJ JAC, Jáchal?



Rótulo	Hg	Método	RFLP info	UACM	Lugar de nacimiento
SMA 002	B	AFLP		ABU	ARG SAL
SMA 003	C1b	Sec.		ABU	ARG CAT SMA, Palo Seco
SMA 004	B2	Sec.		ABU	ARG TUC?
SMA 005	B	AFLP		ABU	ARG CAT SMA, Santa María
SMA 006	B2	Sec.		MA	ARG CAT SMA, LA Hoyada
SMA 007	Nx(A,B)	AFLP		ABU	ARG CAT SMA
SMA 008	C	AFLP		ABU	ARG TUC
SMA 009	B	AFLP		ABU	ARG TUC TAF, Amaicha del Valle
SMA 010	D1	Sec.		ABU	ARG CAT SMA, Santa María
SMA 011	A2	Sec.		ABU	ARG CAT SMA, Santa María
SMA 012	B	AFLP		ABU	ARG BS AS
SMA 013	C	AFLP		ABU	ARG TUC
SMA 014	Nx(A,B)	AFLP		ABU	LIBANO
SMA 015	Nx(A,B)	AFLP		ABU	FRANCIA
SMA 016	B2	Sec.		ABU	ARG CAT SMA, Palo Seco
SMA 017	D	AFLP		MA	ARG CAT SMA, Santa María
SMA 018	C	AFLP		MA	ARG CAT SMA, Santa María
SMA 019	C1b	Sec.		ABU	ARG FOR, Las Lomitas
SMA 020	D	AFLP		ABU	ARG TUC TAF, Amaicha del Valle
SMA 021	A	AFLP		ABU	ESPAÑA
SMA 022	D	AFLP		ABU	ARG TUC, Quilmes
SMA 023	B2	Sec.		ABU	ARG CAT SMA, El Cajón
SMA 024	C1b	Sec.		ABU	ARG CAT SMA, Loroahuasi
SMA 025	B2	Sec.		ABU	ARG SAL, Bodeguita
SMA 026	B2	Sec.		ABU	ARG CAT SMA, Las Mojarras
SMA 027	A2	Sec.		DO	ARG CAT SMA, San Antonio del Cajón
SMA 028	D1	Sec.		MA	ARG TUC CRU, Ranchillos
SMA 029	B2	Sec.		ABU	ARG CAT SMA, Santa María
SMA 030	C1b	Sec.		ABU	ARG CAT SMA, Santa María
SMA 031	D1	Sec.		ABU	ARG ERI, San José
SMA 032	C1b	Sec.		DO	ARG CAT SMA, Santa María
SMA 033	D1	Sec.		MA	ARG CAT SMA
SMA 034	Nx(A,B)	AFLP		MA	ARG CAT SMA, Yapes
SMA 035	A	AFLP		ABU	ARG CAT SMA
SMA 036	B2	Sec.		MA	ARG CAT SMA, Loroahuasi
SMA 037	D1	Sec.		ABU	ARG TUC TAF, Colalao del Valle
SMA 038	Nx(A,B)	AFLP		ABU	ARG TUC
SMA 039	B2	Sec.		ABU	ARG CAT FIAM, Tinogasta
SMA 040	C1b	Sec.		ABU	ARG CAT SMA, Santa María
SMA 041	C	AFLP		MA	ARG TUC
SMA 042	C	AFLP		ABU	ARG BS AS TAN, Iraola
SMA 043	D1	Sec.		MA	ARG CAT SMA, Punta de Balasto
SMA 044	C1d	Sec.		ABU	ARG CAT SMA, San José
SMA 045	B	AFLP		MA	ARG CAT SMA, Santa María
SMA 046	B	AFLP		MA	ARG CAT SMA SNJ, Palo Seco
SMA 047	Nx(A,B)	AFLP		MA	ARG CAT SMA, San José
SMA 048	B	AFLP		ABU	ARG CAT SMA, Santa María
SMA 049	D	AFLP		ABU	ARG LPM, Santa Rosa
SMA 050	C1b	Sec.		ABU	ARG CAT SMA, Ampajango
SMA 051	B	AFLP		MA	ARG CAT SMA, Santa María
SMA 052	B2	Sec.		ABU	ARG CAT SMA, Medanito
SMA 053	B2	Sec.		ABU	ARG CAT SMA, Famatanca
SMA 054	B	AFLP		ABU	ARG CAT SMA, Santa María
SMA 055	B2	Sec.		ABU	ARG TUC, El Bañado
SMA 056	Nx(A,B)	AFLP		ABU	ARG CAT SMA, Santa María
SMA 057	D4h3	Sec.		ABU	ARG CAT SMA, Famatanca
SMA 058	A	AFLP		ABU	ARG CAT SMA, Santa María
SMA 059	B2	Sec.		MA	ARG TUC, Quilmes
SMA 060	D	AFLP		ABU	ARG CAT SMA, Santa María ?
SMA 061	A2	Sec.		ABU	ARG CAT SMA, Santa María
SMA 062	D1	Sec.		ABU	ARG CAT SMA, Chiñocani?
SMA 063	B2	Sec.		ABU	ARG CAT SMA, La Hoyada
SMA 064	D1	Sec.		ABU	ARG TUC, Quilmes
SMA 065	D	AFLP		ABU	ARG CAT SMA, Santa María
SMA 066	D1	Sec.		ABU	ARG CAT BEL, Andalgalá
SMA 067	C1d	Sec.		ABU	ARG TUC CON, Los Buchea
SMA 068	A2	Sec.		ABU	ARG CAT TIN, Tinogasta
SMA 069	B2	Sec.		ABU	ARG CAT SMA, Santa María
SMA 070	C1b	Sec.		MA	ARG CAT SMA El Cajón San Antonio

Rótulo	Hg	Método	RFLP info	UACM	Lugar de nacimiento
SMA 071	C	AFLP		DO	ARG CAT SMA (vive en Agua Amarilla)
SMA 072	B	AFLP		ABU	ARG CAT SMA, Santa María
SMA 073	B2	Sec.		ABU	ARG CAT SMA, San José Yape
SMA 074	C1b	Sec.		ABU	ARG CAT SMA (en el cerro)
SMA 075	C1d	Sec.		ABU	ARG CAT SMA, Lorohuasi
SMA 076	A	AFLP		ABU	ARG TUC, San Miguel de Tucumán
SMA 077	D1	Sec.		ABU	ARG SDE, Santiago del Estero cap. ?
SMA 078	C1b	Sec.		ABU	ARG CAT SMA, Santa María
SMA 079	B	AFLP		ABU	ARG CAT SMA, Santa María
SMA 080	B2	Sec.		MA	ARG CAT SMA, LA Hoyada
SMA 081	B2	Sec.		ABU	ARG TUC
SMA 082	A2	Sec.		MA	ARG CAT SMA, Santa María
SMA 083	L	Sec.		ABU	ARG CAT SMA, Lorohuasi
SMA 084	D4h3	Sec.		ABU	ARG CAT SMA, Santa María
SMA 085	B	AFLP		ABU	ARG CAT SMA, Santa María
SMA 086	C1b	Sec.		ABU	ARG CAT SMA, LA Puntilla
SMA 087	B2	Sec.		MA	ARG CAT SMA, Santa María
SMA 088	C1d	Sec.		ABU	ARG CAT SMA (en el cerro)
SMA 089	D1	Sec.		ABU	ARG SAL ORA, Orán
SMA 090	B2	Sec.		ABU	ARG CAT SMA, Punta de Balasto
SMA 091	C1b	Sec.		ABU	ARG CAT SMA, Lorohuasi
SMA 092	B2	Sec.		ABU	ARG TUC, Quilmes
SMA 093	C	AFLP		ABU	ARG CAT SMA
SMA 094	D4h3	Sec.		ABU	ARG CAT SMA, Lorohuasi
SMA 095	B2	Sec.		ABU	ARG CAT BEL
SMA 096	A2	Sec.		MA	ARG CAT SMA, Santa María
SMA 097	B	AFLP		DO	ARG CAT SMA, Santa María
SMA 099	C	AFLP		MA	ARG SAL, Salta cap.
SMA 100	B2	Sec.		MA	ARG TUC, Quilmes
SMA 101	D	AFLP		DO	ARG CAT SMA, Santa María
SMA 102	Nx(A,B)	AFLP		ABU	ARG CAT SMA, San José
SMA 103	A	AFLP		MA	ARG CAT SMA, Las Abritas
SMA 104	D1	Sec.		ABU	ARG TUC TAF, Ampimpa
SMA 105	B	AFLP		DO	ARG CAT SMA, Santa María
SMA 106	B	AFLP		DO	ARG CAT SMA, Lamparcito
SMA 107	B2	Sec.		ABU	ARG CAT BEL, Nacimiento
SMA 108	C1c	Sec.		ABU	ARG TUC RIO, Aguilares
SMA 109	B2	Sec.		ABU	ARG CAT SMA, Medanito
SMA 110	C1d	Sec.		ABU	ARG CAT SMA, Santa María
SMA 111	B	AFLP		ABU	ARG SAL, Salta Cap.
SMA 112	B	AFLP		ABU	ARG CAT SMA, Santa María
SMA 113	B2	Sec.		ABU	ARG CAT SMA, La Hoyada
SMA 114	D4h3	Sec.		MA	ARG CAT SMA, El Puesto
SMA 115	D1	Sec.		DO	ARG SDE, Pozo Hondo
SMA 116	C1b	Sec.		ABU	ARG CAT SMA, Santa María
SMA 117	C	AFLP		ABU	ARG CAT SMA, Santa María ?
SMA 118	C1d	Sec.		ABU	ARG CAT SMA, Famatanca
SMA 120	C1c	Sec.		ABU	ARG CAT SMA, LA Hoyada
SMA 121	D1	Sec.		ABU	ARG CAT SMA, San José
SMA 122	B2	Sec.		ABU	ARG CAT BEL, Los Nacimientos?
SMA 124	A2	Sec.		ABU	ARG CAT BEL
SMA 125	B	AFLP		ABU	ARG CAT SMA, Santa María
SMA 126	D4h3	Sec.		ABU	ARG CAT SMA, Santa María
SMA 127	C1b	Sec.		MA	ARG CAT SMA, Santa María
SMA 128	C	AFLP		ABU	ARG CAT SMA, Santa María
SMA 129	A	AFLP		ABU	ARG CAT, San Fernando del V. de Catamarca
SMA 131	C1d	Sec.		ABU	ARG CAT SMA
SMA 132	C1b	Sec.		ABU	ARG CAT SMA, San José
SMA 133	D1	Sec.		DO	ARG CAT SMA, Santa María
SMA 134	B2	Sec.		ABU	ARG CAT SMA, La Hoyada
SMA 135	C1b	Sec.		ABU	ARG CAT SMA, San José Banda
SMA 136	D4h3	Sec.		ABU	ARG TUC TAF, Amaicha del Valle
SMA 137	B	AFLP		MA	ARG CAT SMA, Agua Amarilla
SMA 138	C1d	Sec.		DO	ARG TUC TAF, Colalao del Valle
SMA 139	D1	Sec.		ABU	ARG CAT SMA, Mojarras
SMA 140	D	AFLP		ABU	ESPAÑA
SMA 141	A2	Sec.		ABU	ARG TUC, San Miguel de Tucumán
SMA 142	B2	Sec.		ABU	ARG CAT BEL, Las Cuevas Los Morteritos
SMA 143	B2	Sec.		ABU	ARG TUC, Quilmes

Rótulo	Hg	Método	RFLP info	UACM	Lugar de nacimiento
SMA 144	D	AFLP		ABU	ARG CAT SMA, Santa María
SMA 145	C1b	Sec.		ABU	ARG TUC BUR, LA Cruz
SMA 146	C1b	Sec.		ABU	ARG CAT SMA, San José Andalhuala?
SMA 147	D1	Sec.		ABU	ARG TUC, Quilmes
SMA 148	C1c	Sec.		ABU	ARG CAT SMA, En los cerros
SMA 149	B2	Sec.		ABU	ARG CAT SMA, Santa María ?
SMA 150	C1d	Sec.		ABU	ARG CAT SMA, San José Banda
SMA 151	B2	Sec.		ABU	ARG CAT SMA, Santa María
SMA 152	B2	Sec.		ABU	ARG CAT SMA, Lamparcito
<b>TARTAGAL</b>					
TG 001	C	RFLP		ABU	ARG SAL
TG 002	B	RFLP y Sec.		ABU	ARG SDE
TG 003	B	RFLP y Sec.		MA	ARG SAL GSM, Tartagal
TG 004	A	RFLP y Sec.		ABU	ARG SAL GSM, Tartagal
TG 005	B	RFLP		ABU	ARG TUC
TG 006	D	RFLP y Sec.		ABU	ARG SAL MET, Metán
TG 007	D	RFLP y Sec.		ABU	PAR
TG 008	C1b	RFLP y Sec.		ABU	ARG FOR
TG 009	B	RFLP		ABU	BOL
TG 010	B	RFLP y Sec.		ABU	ARG CRR, Monte Caseros
TG 011	B	RFLP y Sec.		MA	ARG SAL GSM, Tartagal
TG 012	B	RFLP y Sec.		ABU	BOL TAR, Pocitos
TG 013	C	RFLP		ABU	BOL
TG 014	C1d	RFLP y Sec.		ABU	ARG SDE
TG 015	D	RFLP		ABU	BOL?
TG 017	C1c	RFLP y Sec.		MA	ARG SAL GSM, Tartagal
TG 018	D4h3	RFLP y Sec.		ABU	BOL COCHAB, Cochabamba
TG 019	B	RFLP y Sec.		MA	ARG SAL, Pilcomayo (chaco salteño)
TG 020	B	RFLP y Sec.		MA	ARG SDE
TG 021	B	RFLP		MA	BOL, Crebos
TG 022	D	RFLP y Sec.		ABU	ARG SAL GSM, Traslado
TG 023	B	RFLP y Sec.		ABU	ARG SAL, Poza del Mulato
TG 024	B	RFLP		DO	ARG SAL GSM, Acambuco
TG 025	D	RFLP y Sec.		ABU	PAR
TG 026	B	RFLP		MA	ARG TUC
TG 028	D	RFLP y Sec.		ABU	ARG SAL GSM, Tartagal
TG 029	B	RFLP y Sec.		MA	ARG SAL GSM, Tartagal
TG 030	B	RFLP y Sec.		ABU	ARG SAL GSM, Pocitos
TG 031	B	RFLP y Sec.		MA	ARG SAL GSM, Tartagal
TG 032	C1b	RFLP y Sec.		ABU	ARG SAL GSM, Aguaray
TG 033	B	RFLP y Sec.		ABU	ARG SAL GSM, La Puntana
TG 034	C	RFLP		DO	ARG SAL RBN, Sta Victoria E.
TG 035	B	RFLP y Sec.		MA	ARG SAL GSM, Tartagal
TG 036	C	RFLP		ABU	chaco salteño?
TG 039	C1c	RFLP y Sec.		MA	ARG SAL GSM, Tartagal
TG 040	C1b	RFLP y Sec.		ABU	BOL TAR, Tarija?
TG 041	A	RFLP		ABU	BOL
TG 042	D	RFLP y Sec.		DO	ARG SAL ORAN, Orán
TG 043	D	RFLP		ABU	ARG SAL o SDE?
TG 044	B	RFLP		MA	ARG SAL GSM, Tartagal
TG 045	B	RFLP		ABU	chaco, cerca de BOL
TG 046	D	RFLP		MA	chaco salteño?
TG 047	B	RFLP y Sec.		ABU	ARG SAL GSM, Dragones?
TG 048	B	RFLP		DO	BOL TAR, Entre Ríos, Las Cuevas
TG 049	D	RFLP y Sec.		ABU	ARG SAL? Chaco salteño?, Puesto El Medio
TG 050	B	RFLP		ABU	BOL
TG 051	D	RFLP y Sec.		ABU	ARG SAL GSM, Tonono
TG 052	C	RFLP		ABU	BOL
TG 053	B	RFLP		S/D	
TG 054	D	RFLP y Sec.		MA	ARG SAL GSM, Mosconi
TG 055	D	RFLP y Sec.		ABU	ARG CHA, Resistencia
TG 056	C	RFLP		ABU	inmigrante de ultramar
TG 057	B	RFLP		ABU	ARG CAT
TG 058	D	RFLP		MA	ARG JUJ, Abrapampa
TG 059	D	RFLP		MA	BOL TAR, Yacuiba
TG 060	A	RFLP y Sec.		ABU	ARG FOR o Paraguay?
TG 061	B	RFLP y Sec.		ABU	ARG SAL GSM, Tartagal
TG 062	C1c	RFLP		ABU	madre venía de Entre Ríos (BOL TAR)

Rótulo	Hg	Método	RFLP info	UACM	Lugar de nacimiento
TG 063	B	RFLP y Sec.		MA	ARG SAL GSM, Embarcación
TG 064	B	RFLP y Sec.		MA	ARG SAL GSM, Tartagal
TG 065	B	RFLP y Sec.		MA	ARG FOR
TG 066	A	RFLP y Sec.		ABU	BOL, La Paz
TG 067	B	RFLP		MA	BOL TAR, Entre Ríos
TG 068	B	RFLP y Sec.		MA	ARG SAL GSM, Acambuco
TG 069	B	RFLP y Sec.		ABU	BOL TAR, Tarija
TG 070	A	RFLP		ABU	ARG SDE o BOL Sta. Cruz?
TG 071	D	RFLP y Sec.		ABU	BOL
TG 072	D	RFLP y Sec.		MA	ARG SAL GSM, Acambuco
TG 073	C	RFLP		ABU	BOL
TG 074	B	RFLP y Sec.		ABU	BOL TAR, Tarija
TG 075	C1b	RFLP y Sec.		ABU	ARG TUC, Simoca
TG 076	D	RFLP		ABU	ARG TUC
TG 077	D	RFLP		ABU	ARG CAT
TG 078	C1b	RFLP y Sec.		ABU	ARG SAL RIV, La Victoria
TG 079	B	RFLP		ABU	ARG CAT, Catamarca Capital?
TG 080	C1c	RFLP y Sec.		ABU	ARG SAL GSM, San Pedrito
TG 085	U5a	RFLP y Sec.		ABU	ARG SAL ORAN, Orán
TG 086	B	RFLP		DO	BOL
TG 087	D	RFLP y Sec.		ABU	ARG SAL GSM, El 46
TG 088	B	RFLP		ABU	BOL?
TG 090	A	RFLP y Sec.		MA	ARG SAL GSM, Aguaray
TG 091	A	RFLP y Sec.		ABU	ARG SAL GSM, Campo Largo
TG 092	B	RFLP y Sec.		MA	ARG SAL ORAN, La Ramadita (ca. Pichanal)
TG 093	D	RFLP		MA	ARG SAL
TG 094	D	RFLP y Sec.		ABU	ARG SAL GSM, Tartagal
TG 095	B	RFLP y Sec.		ABU	ARG SAL GSM, Acambuco
TG 096	C1b	RFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ?
TG 097	A	RFLP y Sec.		ABU	BOL TAR, Villa Montes
TG 098	B	RFLP y Sec.		ABU	BOL, Caixa
TG 099	C1b	RFLP y Sec.		MA	ARG SDE
TG 101	B	RFLP y Sec.		ABU	ARG SAL, chaco salteño
TG 102	B	RFLP		ABU	BOL
TG 103	B	RFLP y Sec.		ABU	ARG SAL GUACHIPAS
TG 104	C1d	RFLP y Sec.		ABU	ARG SAL RIV, Morrillo
TG 105	C1b	RFLP y Sec.		ABU	ARG SAL RBN
TG 106	D4h3	RFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ
TG 107	C1b	RFLP y Sec.		MA	ARG SAL RBN, paraje La Casa Vieja
TG 109	B	RFLP		ABU	ARG BUE
TG 110	A	RFLP y Sec.		ABU	ARG FOR, Pozo del Tigre
TG 111	B	RFLP		ABU	BOL
TG 113	B	RFLP y Sec.		ABU	ARG SAL RBN, Sta María
TG 114	D	RFLP y Sec.		MA	ARG SAL ANT, Gral. Pizarro
TG 115	A	RFLP y Sec.		ABU	ARG SAL, El Despunte
TG 116	B	RFLP		ABU	BOL, chaco
TG 117	B	RFLP y Sec.		ABU	PAR
TG 118	B	RFLP		ABU	ARG SDE?
TG 119	D	RFLP y Sec.		DO	ARG SAL GSM, Km 6 (vive en Tonono) Wichí
TG 120	D	RFLP		MA	ARG SAL
TG 121	C1b	RFLP y Sec.		ABU	ARG FOR, Puerto Bermejo
TG 122	L2a1	RFLP y Sec.		ABU	ARG SAL, Lagunilla (cerca de Güemes)
TG 123	B	RFLP		ABU	BOL
TG 124	D	RFLP y Sec.		MA	ARG SAL GSM, Tartagal
TG 125	B	RFLP y Sec.		ABU	ARG SAL GSM, Acambuco
TG 126	A	RFLP y Sec.	663 revertante	ABU	BOL TAR, Villa Montes
TG 127	B	RFLP y Sec.		ABU	BOL, Peña Colorada
TG 128	B	RFLP y Sec.		ABU	ARG SAL GUA, Guachipas
TG 129	B	RFLP y Sec.		ABU	ARG SAL ORAN, H.Yrigoyen
TG 131	B	RFLP		ABU	España
TG 133	B	RFLP y Sec.		ABU	ARG SAL RIV, Sta. Victoria, Banda Norte
TG 134	B	RFLP y Sec.		ABU	ARG SAL GSM, Yacuicito
TG 135	B	RFLP y Sec.		MA	ARG SAL GSM, Tartagal
TG 136	C1b	RFLP y Sec.		ABU	ARG SAL GSM, Tartagal
TG 137	A	RFLP y Sec.		ABU	ARG SAL, misión La Puntana, Banda Norte
TG 138	C1c	RFLP y Sec.		ABU	BOL SCZ, Gutierrez (cerca de Sta. Cruz)
TG 139	D	RFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ, Huacalera (pasando Tilcara)
TG 140	C1d	RFLP y Sec.		ABU	ARG JUJ, Perico
TG 142	B	RFLP y Sec.		ABU	ARG SAL GSM, Tartagal

Rótulo	Hg	Método	RFLP info	UACM	Lugar de nacimiento
TG 144	B	RFLP y Sec.		MA	PAR, Macheretí
TG 145	D4h3	RFLP y Sec.		ABU	BOL, Villamonte
TG 146	B	RFLP y Sec.		ABU	PAR, Lomitas
TG 147	B	RFLP y Sec.		ABU	ARG SAL GSM, Aguaray
TG AG 01	A	RFLP		MA	ARG SAL GSM, Macueta
TG AG 02	B	RFLP		MA	ARG SAL GSM, Aguaray
TG AG 03	C	RFLP		MA	ARG SAL, El Sauzal (chaco)
TG AG 04	D	RFLP		MA	ARG SAL GSM, Aguaray?
TG AG 05	B	RFLP		ABU	BOL TAR, Entre Ríos
TG AG 06	B	RFLP		ABU	ARG SAL GSM, Aguaray
TG AG 07	B	RFLP		ABU	BOL?
TG AG 08	B	RFLP		ABU	BOL?
TG AG 09	B	RFLP		ABU	BOL
TG AG 10	C	RFLP		ABU	BOL
TG AG 11	B	RFLP		MA	BOL
TG AG 12	C	RFLP		ABU	ARG SDE
TG AG 13	B	RFLP		ABU	ARG CHA
TG AG 14	A	RFLP		ABU	BOL
TG AG 16	N(xM,N)	RFLP		ABU	ARF SFE
TG AG 17	B	RFLP		ABU	BOL TAR, Yacuiba
TG AG 18	B	RFLP		ABU	ARG SAL GSM, Campo Largo
TG AG 20	B	RFLP		MA	ARG SAL GSM, Macueta
TG AG 21	B	RFLP		ABU	BOL TAR, Itaú
TG AG 22	B	RFLP		ABU	BOL TAR, Chozas Tarija
TG AG 23	B	RFLP		ABU	BOL
TG AG 24	B	RFLP		ABU	BOL TAR
TG AG 25	B	RFLP		DO	ARG SAL GSM, Macueta
TG AG 26	B	RFLP		ABU	BOL
TG AG 27	B	RFLP		S/D	S/D
TG AG 29	C	RFLP		ABU	BOL, Caraparí
TG AG 34	B	RFLP		ABU	ARG SAL GSM, Macueta
TG AG 36	B	RFLP		ABU	ARG SAL GSM, Macueta
TG AG 40	A	RFLP		ABU	BOL SCZ
TG AG 41	A	RFLP		MA	ARG FOR
TG AG 42	B	RFLP		MA	ARG SAL GSM, Dragones
TG AG 43	C	RFLP		ABU	ARG LRJ, Chepes
TG AG 44	C	RFLP		ABU	ARG CBA, Sobremonte
TG AG 45	C	RFLP		ABU	ARG SAL GSM, Aguaray_ Tobantirenda
TG AG 46	C	RFLP		ABU	ARG SAL METAN
TG AG 47	B	RFLP		ABU	BOL
TG AG 48	B	RFLP		S/D	S/D
TG AG 56	C	RFLP		ABU	ARG SAL GSM, Campo Largo
TG AG 57	D	RFLP		S/D	S/D
TG AG 60	B	RFLP		S/D	S/D
TG AG 66	B	RFLP		DO	ARG SAL GSM, Acambuco
TG AG 67	B	RFLP		DO	ARG SAL GSM, Tuyunti (comunidad Chané)
TG AG 68	C	RFLP		ABU	ARG SAL CERRILLOS, La Garza
TG BS 01	B	RFLP		ABU	ARG SAL GSM, Tartagal
TG BS 02	B	RFLP		ABU	ARG SAL ORAN, Pichanal
TG BS 03	B	RFLP		ABU	ARG SAL ORAN, Urundel
TG BS 04	C	RFLP		MA	ARG SAL GSM, Acambuco
TG BS 05	B	RFLP		ABU	ARG SAL ORAN
TG BS 06	C	RFLP		ABU	ARG SAL GSM, Tartagal
TG BS 07	B	RFLP		ABU	ARG SAL GSM, Tartagal
TG BS 08	D	RFLP		ABU	ARG SAL GSM, Aguaray?
TG BS 09	D	RFLP		ABU	ARG SAL GSM, Aguaray
TG BS 10	B	RFLP		ABU	ARG SAL ORAN
TG BS 11	D	RFLP		DO	ARG SAL GSM, Yacuy
TG BS 12	D	RFLP		ABU	BOL
TG BS 13	A	RFLP		ABU	PAR
TG BS 14	D	RFLP		ABU	ARG JUJ, Jujuy capital
TG BS 16	B	RFLP		ABU	BOL TAR
TG BS 17	C1b	RFLP y Sec.		ABU	ARG SAL GSM, El Algarrobal
TG BS 18	C1b	RFLP y Sec.		ABU	ARG SAL GSM, Tartagal
TG BS 19	D	RFLP y Sec.		ABU	BOL SCZ, Charagua
TG BS 20	B	RFLP		DO	ARG SAL RDL
TG BS 21	B	RFLP y Sec.		ABU	ARG SAL GSM, Tuyunti
TG BS 22	B	RFLP y Sec.		DO	ARG SAL GSM, Coronel Cornejo
TG BS 23	B	RFLP		ABU	BOL

Rótulo	Hg	Método	RFLP info	UACM	Lugar de nacimiento
TG BS 24	A	RFLP y Sec.	663 revertante	ABU	ARG JUJ, San Pedro
TG BS 25	C	RFLP		MA	ARG TUC
TG BS 26	D	RFLP y Sec.		ABU	ARG SAL GSM, Tartagal_ La Curvita
TG BS 27	A	RFLP y Sec.		ABU	BOL
TG BS 28	C	RFLP		ABU	BOL
TG BS 29	D	RFLP y Sec.		ABU	ARG SAL RIV
TG BS 30	B	RFLP		ABU	BOL
TG BS 31	C1b	RFLP y Sec.		ABU	ARG SAL RDF
TG BS 32	A	RFLP		ABU	BOL
TG BS 33	B	RFLP		MA	ARG TUC
TG BS 34	C	RFLP		ABU	ARG SDE, Stgo. Del Estero capital
TG BS 35	B	RFLP		ABU	ARG SAL GSM, Tartagal
TG BS 36	A	RFLP		ABU	ARG SAL GSM, Capiasuti
TG BS 37	B	RFLP		ABU	BOL
TG BS 38	C	RFLP		ABU	ARG SAL (chaco)
TG BS 39	B	RFLP		ABU	BOL LPZ, La Paz
TG BS 40	B	RFLP		ABU	BOL, Chilcara
TG BS 41	B	RFLP		ABU	ARG JUJ
TG BS 42	B	RFLP		ABU	BOL
TG BS 43	D	RFLP		ABU	BOL SCZ
TG BS 44	B	RFLP		ABU	ARG SAL GSM, Campamento Vespuccio
TG BS 45	B	RFLP		ABU	BOL TAR, Entre Ríos
TG BS 46	B	RFLP		DO	ARG SAL GSM, Tartagal
TG BS 47	D	RFLP		MA	ARG SAL RIV, Misión Pozo del Tigre
TG BS 48	D	RFLP		MA	ARG SAL GSM, Misión Chorote
TG BS 49	B	RFLP		MA	ARG TUC
TG BS 50	C	RFLP		ABU	ARG SDE
TG BS 51	D	RFLP		MA	ARG SAL RIV (chaco)
TG BS 52	D	RFLP		MA	ARG SAL GSM, Embarcación
TG BS 53	B	RFLP		ABU	ARG SAL GSM, Embarcación
TG BS 54	B	RFLP		ABU	BOL, Gutierrez
TG BS 55	D	RFLP		ABU	ARG SAL RIV, Monte Carmelo
TG EA 01	B	Sec.		ABU	ARG SAL, Salta capital
TG EA 02	N(xM,N)	RFLP		ABU	ARG BS AS
TG EA 03	N(xM,N)	RFLP		ABU	ARG LPAM, General Pico
TG EA 04	B	RFLP		ABU	ARG SAL GSM, Ycuarenda
TG EA 05	B	RFLP		MA	BOL TAR
TG EA 06	C	RFLP		ABU	ARG, Cap. Fed.
TG EA 07	B	RFLP		ABU	ARG JUJ, La Quiaca
TG EA 08	B	RFLP		MA	ARG JUJ, Tilcara
TG EA 09	B	RFLP		ABU	ARG JUJ TUMBAYA, Volcán
TG EA 10	A	RFLP		ABU	ARG CORR
TG EA 11	A	RFLP		ABU	PAR
TG EA 12	C	RFLP		ABU	ARG SAL GSM, Tartagal
TG EA 13	C	RFLP		MA	ARG SAL, General Güemes
TG EA 14	H	Sec.		ABU	ARG BS AS
TG EA 15	A	RFLP		ABU	BOL
TG EA 16	D	RFLP		ABU	BOL TAR
TG EA 17	A	RFLP		ABU	ARG LR
TG EA 18	B	RFLP		ABU	ARG SAL RIV, Santa Victoria Este
TG EA 19	B	RFLP		ABU	ARG SAL ORAN, El Chulque
TG EA 20	L(xA,B)	RFLP		ABU	ARG SAL, Salta capital
TG EA 21	C	RFLP		ABU	ARG SDE, Campo Gallo
TG EA 22	A	RFLP		ABU	ARG SAL ORAN
TG EA 23	A	RFLP		ABU	ARG SAL CAFAYATE
TG EA 24	D	RFLP		ABU	ARG SAL CAFAYATE
TG SAL 01	D	RFLP		ABU	BOL?
TG SAL 02	B	RFLP		ABU	BOL SCZ
TG SAL 03	B	RFLP		ABU	BOL
TG SAL 04	B	RFLP		ABU	BOL, Tiwanaku
TG SAL 05	A	RFLP		ABU	BOL
TG SAL 06	D	RFLP		ABU	ARG SAL ORAN
<b>Villa Tulumaya</b>					
L 001	A	Sec.		ABU	ARG SJN
L 002	B	Sec.		ABU	BOL, La Paz
L 003	C1b	Sec.		ABU	CHI, Puerto Mont
L 004	D1	Sec.		ABU	ARG SJN
L 005	B	RFLP		MA	ARG SNJ, Pocitos
L 007	A	Sec.		ABU	ARG SLS

Rótulo	Hg	Método	RFLP info	UACM	Lugar de nacimiento
L 008	B	RFLP		ABU	ARG JUJ
L 012	L1b	Sec.		ABU	ARG MZA, Capital
L 013	B	Sec.		ABU	BOL, Sucre, Chirimayo
L 015	B	Sec.		ABU	ARG LAR
L 016	A	RFLP		DO	ARG JUJ, Yavi
L 017	A	Sec.		ABU	ARG MZA, Maipú
L 018	B	Sec.		ABU	ARG SJN
L 019	B	Sec.		ABU	ARG SAL, Orán, San Andrés
L 020	B	RFLP		ABU	ARG MZA
L 021	B	Sec.		ABU	ARG MZA, Lavalle
L 022	B	Sec.		ABU	ARG MZA, Lavalle
L 023	C1b	Sec.		ABU	ARG MZA, Luján
L 025	C1b	Sec.		ABU	ARG MZA, Rivadavia
L 026	H	Sec.		MA	ARG MZA, Carrizal
L 027	C1b	Sec.		ABU	ARG SJN
L 029	C1b	Sec.		ABU	ARG LAR, Vinchina
L 030	A	Sec.		ABU	ARG MZA, Capital
L 032	D1	Sec.		ABU	ARG MZA, Lavalle
L 033	N(xA,B)	RFLP		MA	ARG CBA, Bellville
L 034	A	Sec.		ABU	ARG SJN, Los Berros
L 035	C	RFLP		MA	ARG SAL
L 036	N(xA,B)	RFLP		ABU	España
L 037	A	Sec.		ABU	ARG MZA, Lavalle
L 039	N(xA,B)	RFLP		ABU	ARG SFE, Rosario?
L 041	D1	Sec.		ABU	ARG SJN
L 042	?	Sec.		ABU	PAR
L 043	B	RFLP		MA	ARG MZA, Luján o Godoy Cruz
L 044	A	RFLP		MA	ARG MZA, Capital
L 045	H	Sec.		ABU	ARG MZA, Lavalle
L 046	C1b	Sec.		ABU	ARG MZA, Lavalle
L 047	C1b	Sec.		ABU	ARG SJN
L 048	C1b	Sec.		ABU	ARG MZA, Lavalle
L 049	N(xA,B)	RFLP		ABU	Italia
L 050	A	Sec.		MA	ARG MZA, Lavalle
L 051	C1c	Sec.	Alul 13262+	ABU	ARG MZA, Lavalle, Costa de Araujo
L 052	N(xA,B)	RFLP		ABU	España
L 053	H	Sec.		ABU	ARG MZA, 25 de Mayo, Corralito
L 054	D1	Sec.		ABU	ARG MZA, Lavalle
L 055	H	Sec.		ABU	ARG MZA, Godoy Cruz
L 056	A	Sec.		ABU	ARG MZA, Lavalle
L 057	C1c	Sec.	Alul 13262+	ABU	ARG MZA, Junín de Cuyo
L 058	N(xA,B)	RFLP		MA	ARG MZA, Junín de Cuyo
L 059	A	RFLP		MA	ARG SJN
L 060	A	Sec.		ABU	ARG SJN
L 060	A	RFLP		ABU	ARG SJN
L 061	U4a2	Sec.		ABU	ARG SJN
L 062	C1b	Sec.		ABU	ARG MZA, San Carlos
L 063	A	Sec.		ABU	ARG MZA, Lavalle, Costa de Araujo
L 064	A	Sec.		MA	ARG SJN
L 065	A	Sec.		MA	ARG MZA, Lavalle
L 067	B	RFLP		ABU	ARG MZA, Gral Alvear
L 068	C	RFLP		MA	ARG SNJ, Pocitos
L 069	B	Sec.		ABU	ARG MZA, Lavalle
L 070	A	RFLP		MA	ARG SJN
L 072	A	Sec.		ABU	ARG MZA, Capital
L 073	C1b	Sec.		ABU	ARG MZA, Lavalle
L 075	C1b	Sec.		MA	ARG MZA, Lavalle
L 075	C	RFLP		ABU	ARG MZA, Lavalle
L 076	B	Sec.		ABU	ARG SJN, (idem)
L 077	N(xA,B)	RFLP		ABU	Italia
L 078	L2a1	Sec.		ABU	ARG MZA, Lavalle
L 079	D1	Sec.		ABU	ARG MZA, Lavalle, Lags Rosario
L 080	H5	Sec.		MA	ARG LAR
L 081	C1b	Sec.		ABU	CHI
L 082	C1d	Sec.		ABU	ARG TUC, Aguilar
L 083	A	Sec.		ABU	ARG MZA, Lavalle, Costa de Araujo
L 084	A	RFLP		MA	ARG MZA
L 085	B	Sec.		ABU	BOL
L 086	B	RFLP		MA	BOL

Rótulo	Hg	Método	RFLP info	UACM	Lugar de nacimiento
L 087	A	Sec.		ABU	BOL, Tarija
L 088	L3f1b1	Sec.		ABU	ARG SNJ
L 089	A	Sec.		ABU	ARG SJN, Jáchal
L 090	D	RFLP		ABU	ARG MZA LAV, Costa de Araujo
L 091	C1d	Sec.		ABU	ARG SJN, Caucete
L 092	A	Sec.		ABU	ARG MZA, Lavalle, Lags Rosario
L 093	C4c	Sec.		MA	ARG MZA, Lavalle, S. MigueLAVSauces
L 094	B	Sec.		ABU	BOL, Sucre
L 095	B	Sec.		ABU	ARG LAR, Vinchina
L 096	H	Sec.		ABU	ARG MZA, Lavalle
L 098	C1c	Sec.	Alul 13262-	ABU	ARG MZA, San Martín
L 099	C1c	Sec.	Alul 13262+	ABU	ARG MZA, Lavalle
L 100	L1b	Sec.		ABU	ARG MZA, Capital
L 101	L3f1b1	Sec.		ABU	ARG MZA, San Martín, California
L 102	C1b	Sec.		MA	ARG SLS
L 103	D1	Sec.		ABU	ARG SJN, Sta Lucía
L 104	B	RFLP		MA	ARG MZA, San Carlos
L 105	A	Sec.		ABU	ARG SJN
L 106	B	Sec.		ABU	ARG SJN
L 107	L1b	Sec.		ABU	ARG MZA, Lavalle
SLV 04	D1	Sec.		ABU	ARG SLS, San Fco Monte de Oro
SLV 05	C	RFLP		MA	ARG MZA, Lavalle
SLV 07	B	Sec.		ABU	ARG MZA, Lavalle
SLV 08	B	Sec.		ABU	ARG MZA, San Martín Palmira
SLV 09	B	Sec.		ABU	ARG MZA, Lavalle
SLV 10	C1b	Sec.		ABU	BOL
SLV 11	C	RFLP y AFLP	Alul 13262 -	MA	ARG SJN, Sta Lucía
SLV 12	U5	Sec.		ABU	ARG SJN, Albardón
SLV 14	C1b	Sec.		ABU	ARG MZA, San Rafael

7.2.2 LISTA DE MUESTRAS SECUENCIADAS POR LOCALIDAD, INDICANDO LAS MUTACIONES CON RESPECTO A LA SECUENCIA DE REFERENCIA DE CAMBRIDGE (SRC REVISADA), EL RANGO DE LECTURA Y LA UBICACIÓN EN LAS REDES DE HAPLOTIPOS.

ID en la red	ID	Hg	Región Control 5' (+16000)	Región Control 3'	Rango de lectura
1.1	CAL 31	A2	111 223 290 319 362	064 073 146 153 235 263 309+C 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
1.1	CHE 37	A2	111 223 290 319 362	064 073 146 153 235 263 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
1.1	J36	A2	111 223 290 319 362	064 073 146 153 235 263 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
1.1	SJ 099	A2	111 223 290 319 362	064 073 146 153 235 263 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
1.1	TG 066	A2	111 223 290 319 362	064 073 146 153 235 263 309+C 315+C	16024-16569 / 001-576
1.1	L 030	A2	111 223 290 319 362	064 073 146 153 235 263 315+C 523dd	16024-16569 / 001-576
1.1	LQ 023	A2	111 223 290 319 362	064 073 146 153 235 263 315+C 523dd	15991-16569 / 001-628
1.1	MM 108	A2	111 223 290 319 362	064 073 146 153 235 263 309+C 315+C 523dd	15991-16569 / 001-628
1.1	MM 120	A2	111 179Y 223 290 319 362	064 073 146 153 235 263 309+CC 315+C 523dd	15991-16569 / 001-628
1.2	SMA 011	A2	15972 111 189 223 290 319 362	064 073 146 153 235 263 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
1.2	SMA 061	A2	15972 111 189 223 290 319 362	064 073 146 153 235 263 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
1.2	L 007	A2	15972 111 189 223 290 319 362	064 073 146 153 235 263 309+C 315+C 523dd	15972-16569 / 001-576
1.2	L 034	A2	15972 111 189 223 290 319 362	064 073 146 153 215R 235 263 309+CC 315+C 523dd	15972-16569 / 001-576
1.3	MZ 008	A2	15972 111 189 223 290 319 362	064 073 146 152 153 235 263 309+C 315+C 523dd	15972-16569 / 001-576
1.4	MZ 007	A2	15972 111 189 193+C 193.2C 223 290 319 362	064 073 146 153 235 263 309+C 315+C 523dd	15972-16569 / 001-576
1.4	SJ 104	A2	15972 111 189 193+CC 223 290 319 362	064 073 146 153 235 263 309+CC 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
1.5	CAL 12	A2	111 223 243Y 290 319 362	064 073 146 153 235 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
1.5	LR BS 11	A2	111 223 290 319 362	064 073 146 153 235 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
1.5	SJ 088	A2	111 223 290 319 362	064 073 146 153 235 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
1.5	SJ JA 07	A2	111 223 290 319 362	064 073 146 153 235 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
1.6	Be 016	A2	111 189 209 223 290 319 362 519	064 073 146 235 263 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
1.6	SJ 011	A2	111 189 209 223 290 319 362 519	064 073 146 235 263 309+C 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
1.7	LQ 035	A2	111 209 223 290 319	064 073 146 153 235 238 263 309+C 315+C 523dd	15991-16569 / 001-628
1.8	TG 126	A2	111 209 223 290 301 319	064 073 146 153 235 238 263 309+C 315+C 523dd	16024-16569 / 001-576

ID en la red	ID	Hg	Región Control 5' (+16000)	Región Control 3'	Rango de lectura
1.8	TG BS 24	A2	111 209 223 290 301 319	064 073 146 153 235 238 263 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
1.9	SMA 068	A2	209 223 290 319 362	064 073 146 153 235 263 309+C 315+C 456 523dd	15878-16569 / 001-628
1.10	MZ 091	A2	111 192 209 223 290 319 362	064 073 146 153 235 263 315+C 523dd	16024-16569 / 001-576
1.11	J15	A2	111 223 290 291 319 362 465	010 064 073 153 235 263 309+C 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
1.11	J49	A2	111 223 290 291 319 362 465	010 064 073 153 235 263 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
1.12	L 087	A2	111 117 223 290 319 362 465 519	064 073 146 153 215 235 263 315+C 523dd	15898-16569 / 001-628
1.13	TG AG 41	A2	111 223 266 290 319 362	064 073 146 153 235 263 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
1.14	TG BS 13	A2	111 223 239A 266 290 319 362	064 073 146 153 207 235 263 309+C 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
1.15	LQ 152	A2	111 223 266 290 319 362 437	073 146 153 235 263 309+CC 315+C 356+C 499 523dd	15991-16569 / 001-628
1.16	MM 027	A2	111 266 290 319 362 437	073 146 153 235 263 309+CC 315+C 356+C 499 523dd	15991-16569 / 001-628
1.17	J11	A2	111 223 290 319 362	064 073 146 153 235 239 263 309+C 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
1.18	TG EA 23	A2	111 290 319 350 362	073 103 146 153 235 239 263 309+C 315+C 418 523dd	15878-16569 / 001-628
1.19	LQ 164	A2	111 223 290 362	064 073 146 153 235 239 263 309+C 315+C 523dd	15991-16569 / 001-628
1.20	LQ 020	A2	111 223 290 319 362	064 073 146 153 200 235 251 263 309+C 315+C	16009-16569 / 001-600
1.20	LQ 087	A2	111 223 290 319 362	064 073 146 153 200 235 251 263 309+C 315+C	15991-16569 / 001-628
1.20	LQ 149	A2	111 223 290 319 362	064 073 146 153 200 235 251 263 309+C 315+C	15991-16569 / 001-628
1.20	LQ Pr 10	A2	111 223 290 319 362	064 073 146 153 200 235 251 263 309+C 315+C	15991-16569 / 001-628
1.20	MM 093	A2	111 223 290 319 362	064 073 146 153 200 235 251 263 309+C 315+C	15991-16569 / 001-628
1.21	MM 008	A2	097 098 111 223 260 286 290 319 362	064 073 146 153 235 263 309+CC 315+C 523dd	15991-16569 / 001-628
1.22	TG BS 36	A2	111 223 286 290 319 362	061A 062 064 073 146 153 235R 263 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
2.1	Be 060	A2	111 223 290 319 362 519	064 073 146 153 235 263 309+C 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
2.1	SJ 010	A2	111 223 290 319 362 519	064 073 146 153 235 263 309+C 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
2.1	SJ 018	A2	111 223 290 319 362 519	064 073 146 153 235 263 309+C 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
2.1	SJ 022	A2	111 223 290 319 362 519	064 073 146 153 235 263 309+C 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
2.1	SJ 023	A2	111 223 290 319 362 519	064 073 146 153 235 263 309+C 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
2.1	TG AG 67	A2	111 223 290 319 362 519	064 073 146 153 235 263 309+CC 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
2.1	LQ 061	A2	111 223 290 319 362 519	064 073 146 153 235 263 315+C 523dd	15991-16569 / 001-628
2.1	MM 132	A2	111 223 290 319 362 519	064 073 146 153 235 263 315+C 523dd	15991-16569 / 001-628
2.2	LQ 021	A2	111 223 290 319 362 519	064 073 143 146 153 235 263 310 315d 523dd	15991-16569 / 001-628

ID en la red	ID	Hg	Región Control 5' (+16000)	Región Control 3'	Rango de lectura
2.3	LQ Pr 30	A2	111 223 290 319 356 362 519	064 073 143 146 153 235 263 310 523dd	15991-16569 / 001-628
2.4	LQ 132	A2	111 223 290 311 319 362 463 519	064 073 143 146 153 235 263 309+C 315+C 523dd	15991-16569 / 001-628
2.5	TG EA 10	A2	111 189 193+CC 223 290 319 320 362 519	064 073 143 146 153 235 263 309d 315+C 345 523dd	15878-16569 / 001-628
2.6	J58	A2	111 189 193+CC 223 263 290 319 362 519	064 073 146 153 235 263 309+CC 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
2.7	MZ 035	A2	111 156 223 263 290 319 362 438 519	064 073 146 153 235 263 315+C 523dd 573A	16024-16569 / 001-576
2.8	LQ 081	A2	092 223 234A 256 290 319 325 362 519	073 146 153 235 263 315+C 523dd	15991-16569 / 001-628
2.9	LQ SCA 03	A2	092 223 234G 256 290 319 325 362 519	073 146 153 200 235 263 315+C 523dd	15991-16569 / 001-628
2.10	LQ 121	A2	223 234G 256 290 319 362 519	073 146 153 235 263 309+C 315+C 523dd	15991-16569 / 001-628
2.10	LQ 135	A2	223 234G 256 290 319 362 519	073 146 153 235 263 309+CC 315+C 523dd	15991-16569 / 001-628
2.10	MM 112	A2	223 234R 256 290 319 362 519	073 146 153 235 263 315+C 523dd	15991-16569 / 001-628
2.10	MM Pur 14	A2	223 234G 256 290 319 362 519	073 146 153 235 263 309+C 315+C 523dd	15991-16569 / 001-628
2.10	MM Pur 18	A2	223 234G 256 290 319 362 519	073 146 153 235 263 309+C 315+C 523dd	15991-16569 / 001-628
2.11	SMA 096	A2	15946 111 223 290 319 362 519	064Y 073 146 152 153 194 235 263 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
2.11	LQ 062	A2	111 223 290 319 362 519	064 073 146 152 153 194 235 263 315+C 523dd	15991-16569 / 001-628
2.11	LQ 126	A2	111 223 290 319 362 519	064 073 146 152 153 194 235 263 315+C 523dd	15991-16569 / 001-628
2.11	MM 046	A2	111 223 290 319 362 519	064 073 146 152 153 194 235 263 315+C 523dd	15991-16569 / 001-628
2.11	MM 075	A2	111 223 290 319 362 519	064 073 146 152 153 194 235 263 315+C 523dd	15991-16569 / 001-628
2.11	MM Pur 02	A2	111 223 290 319 362 519	064 073 146 152 153 194 235 263 315+C 523dd	15991-16569 / 001-628
2.12	MM 076	A2	223 290 319 362 519	064 073 146 153 182 194 195 263 309+C 315+C 523dd	15991-16569 / 001-628
2.12	MM 096	A2	223 290 319 362 519	064 073 146 153 182 194 195 263 309+C 315+C 523dd	15991-16569 / 001-628
2.12	MM 103	A2	223 290 319 362 519	064 073 146 153 182 194 195 263 309+C 315+C 523dd	15991-16569 / 001-628
2.13	TG 110	A2	223 290 319 362	064 073 146 153 235 263 309+C 315+C 523dd	16024-16569 / 001-576
2.14	MM 061	A2	189 223 260 288 290 319 362	064 073 146 153 234 235 263 309+C 315+C 523dd	16014-16569 / 001-628
2.14	MM Pur 31	A2	189 223 260 288 290 319 362	064 073 146 153 234 235 263 309+C 315+C 523dd	16014-16569 / 001-628
2.15	LQ 012	A2	095 111 223 290 319 362 519	064 073 146 153 235 263 315+C 523dd	15991-16569 / 001-628
2.15	LQ 117	A2	095 111 223 290 319 362 519	064 073 146 153 235 263 315+C 523dd	15991-16569 / 001-628
2.16	CAL 55	A2	111 223 290 319 362 519	064 073 146 153 235 263 309+CC 315+C 521d	15878-16569 / 001-628
2.17	LQ 065	A2	111 217 223 290 319 343T 362	064 073 146 153 235 260 263 315+C 523dd	15991-16569 / 001-628
2.18	MM 037	A2	111 217 223 290 319 362 519	064 073 146 153 212 215 235 249 263 315+C 523dd	15991-16569 / 001-628

ID en la red	ID	Hg	Región Control 5' (+16000)	Región Control 3'	Rango de lectura
2.19	LQ 084	A2	111 217 223 287 290 319 362 519	064 073 146 153 212 215 235 263 315+C 523dd	15991-16569 / 001-628
2.20	CHE 39	A2	15927R 111 223 290 319 362 519	064 073 146 153 210 235 263 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
2.20	SJ 085	A2	111 223 290 319 362 519	064 073 146 153 210 235 263 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
2.20	L 001	A2	111 223 290 319 362 519	064 073 146 153 210 235 263 315+C 523dd	16024-16569 / 001-576
2.21	SMA 027	A2	111 188 223 290 319 357 362 519	064 073 146 153 235 263 309+C 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
2.22	SMA 141	A2	111 182M 183C 189 193+C 223 290 319 356 362 519	064 073 146Y 153 235 263 309+C 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
2.23	CAL 07	A2	111 223 290 294 319 362 519	064 073 146 153 235 263 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
2.23	CAL 57	A2	111 223 290 294 319 362 519	064 073 146 153 235 263 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
2.24	TG 115	A2	111 186 223 290 294 319 354Y 362 519	064 073 146 152 153 235 263 309+C 315+C 523dd	16024-16569 / 001-576
2.25	Be 008	A2	111 223 290 319 362 519	064 073 146 153 155 235 263 309+C 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
2.25	Be 087	A2	111 223 290 319 362 519	064 073 146 153 155 235 263 309+C 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
2.25	BeP 20	A2	111 223 290 319 362 519	064 073 146 153 155 235 263 309+C 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
2.25	SMA 082	A2	111 223 290 319 362 519	064 073 146 153 155 235 263 309+C 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
2.25	SMA 124	A2	111 223 290 319 362 519	064 073 146 153 155 235 263 309+C 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
2.25	SJS 20	A2	111 223 290 319 362 519	064 073 146 153 155 235 263 309+C 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
2.26	LQ 001	A2	111 129 223 290 319 362	064 073 146 153 235 263 309+C 315+C 523dd	16009-16569 / 001-628
2.27	CHE 12	A2	111 129 223 290 319 362 519	064 073 146 153 195 235 263 309+C 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
2.27	CHE 23	A2	111 129 223 290 319 362 519	064 073 146 153 195 235 263 309+C 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
2.27	CHE 35	A2	111 129 216R 223 290 319 362 519	064 073 146 153R 195 235 263 309+C 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
2.27	LR172	A2	111 129 223 290 319 362 519	064 073 146 153 195 235 263 309+C 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
2.27	SJ 081	A2	111 129 223 290 319 362 519	064 073 146 153 195 235 263 309+C 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
2.27	L 105	A2	111 129 223 290 319 362 519	064 073 146 153 195 235 263 309+C 315+C 523dd	15898-16569 / 001-628
3.1	CHE 09	A2	111 223 290 319 362	073 146 153 235 263 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
3.1	CHE 19	A2	111 223 290 319 362	073 146 153 235 263 309+C 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
3.1	CHE 40	A2	111 223 290 319 362	073 146 153 235 263 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
3.1	CHE 72	A2	111 223 290 319 362	073 146 153 235 263 309+C 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
3.1	LR052	A2	111 223 290 319 362	073 146 153 235 263 309+CC 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
3.1	LR080	A2	111 223 290 319 362	073 146 153 235 263 309+C 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
3.1	LR193	A2	111 223 290 319 362	073 146 153 235 263 309+C 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628

ID en la red	ID	Hg	Región Control 5' (+16000)	Región Control 3'	Rango de lectura
3.1	MZ 027	A2	111 223 290 319 362	073 146 153 235 263 309+C 315+C 523dd	16024-16569 / 001-576
3.1	MZ 051	A2	111 223 290 319 362	073 146 153 235 263 309+C 315+C 523dd	16024-16569 / 001-576
3.1	MZ 088	A2	111 223 290 319 362	073 146 153 235 263 309+C 315+C 523dd	16024-16569 / 001-576
3.1	L 060	A2	111 223 290 319 362	073 146 153 235 263 309+C 315+C 523dd	16024-16569 / 001-576
3.2	SJ 021	A2	111 222Y 223 290 319 362	073 146 153 235 263 309+C 315+C 523dd 573+C	15878-16569 / 001-628
3.3	MM Pur 15	A2	111 223 290 319 362 512 547 551+G	073 146 153 263 309+C 315+C 523dd	16009-16569 / 001-628
3.4	TG AG 14	A2	111 184 223 290 319 362 512 547 551+G	073 146 153 263 309+C 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
3.4	LQ Pr 23	A2	111 184 223 290 319 362 512 547 551+G	073 146 153 263 309+C 315+C 523dd	16008-16569 / 001-628
3.4	MM 143	A2	111 184 223 290 319 362 512 547 551+G	073 146 153 263 309+C 315+C 523dd	15991-16569 / 001-628
3.5	SJ 008	A2	111 290 319 325 362 512 547 551+G	073 146 153 263 309+CC 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
3.6	MZ 126	A2	111 223 290 319 362 512 547 551 551+G	073 146 153 263 309+C 315+C	16024-16569 / 001-576
3.7	TG 097	A2	111 223 290 319 362 512 547 551 551+G	073 146 153 263 309+CC 315+C 523dd	16024-16569 / 001-576
3.8	Be 033	A2	094 111 223 290 319 362	073 146 153 235 263 309+C 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
3.8	BeP 08	A2	094 111 223 290 319 362	073 146 153 235 263 309+C 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
3.9	TG 060	A2	104 111 290 319 362	073 146 153 235 263 309+C 315+C 523dd	16024-16569 / 001-576
3.10	TG 137	A2	051 111 223 290 319 362	073 146 153 235 263 315+C 523dd	16024-16569 / 001-576
3.11	TG AG 40	A2	051 111 223 290 319 362	057G 073 146 153 235 263 309+C 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
3.12	TG 004	A2	051 111 223 290 319 362	057G 073 146 153 195 215 235 263 309+C 315+C 523dd	16024-16569 / 001-576
3.13	J18	A2	051 111 290 311 319 362	057G 064 073 146 153 185 235 263 309+C 315+C 455 523dd	15878-16569 / 001-628
3.13	LQ 139	A2	051 111 290 311 319 362	057G 064 073 146 153 185 235 263 309+C 315+C 455 523dd	15991-16569 / 001-628
3.14	TG 091	A2	051 111 223 290 319 362 519	073 146 153 235 263 309+C 315+C 523dd	16024-16569 / 001-576
3.15	J05	A2	037 051 111 223 290 319 362 519	073 146 153 235 263 315+C 372+T 523dd	15878-16569 / 001-628
3.16	TG 090	A2	111 223 290 319 362	073 090C 098 146 152 235 263 315+C 523dd	16024-16569 / 001-576
4.1	CHE 43	A2	111 223 290 319 362	064 073 146 150 153 235 263 309+C 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
4.1	MZ 033	A2	111 223 290 319 362	064 073 146 150 153 235 263 309+C 315+C 523dd	16024-16569 / 001-576
4.1	SJ 030	A2	111 223 290 319 362	064 073 146 150 153 235 263 309+C 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
4.1	SJ 100	A2	111 223 290 319 362	064 073 146 150 153 235 263 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
4.1	L 017	A2	111 223 290 319 362	064 073 146 150 153 235 263 309+C 315+C 523dd	16024-16569 / 001-576
4.2	LR113	A2	111 188 223 290 319 362 526	064 073 146 150 153 235 263 309+C 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628

ID en la red	ID	Hg	Región Control 5' (+16000)	Región Control 3'	Rango de lectura
4.3	Be 094	A2	111 172 223 290 319 362	064 073 146 150 153 235 263 309+C 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
4.3	CAL 49	A2	111 172 223 290 319 362	064 073 146 150 153 235 263 309+CC 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
4.3	SJ 017	A2	111 172 223 290 319 362	064 073 146 150 153 235 263 309+C 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
4.3	SJ 039	A2	111 172 223 290 319 362	064 073 146 150 153 235 263 309+CC 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
4.3	L 083	A2	111 172 223 290 319 362	064 073 146 150 153 235 263 309+C 315+C 523dd	16024-16569 / 001-576
4.4	CAL 23	A2	092Y 111 172 218 223 290 319 362 519	064 073 146 150 153 235 263 309+C 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
4.5	CAL 36	A2	111 172 223 290 293 319 362	064 073 146 150 152 153 235 263 309+C 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
4.6	MZ Sal 03	A2	111 223 290 319 362	064 073 146 150 153 263 309+CC 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
4.6	L 056	A2	111 223 290 319 362	064 073 146 150 153 263 309+CC 315+C 523dd	16024-16569 / 001-576
4.6	L 072	A2	111 223 290 319 362	064 073 146 150 153 263 309+CC 315+C 523dd	16024-16569 / 001-576
4.7	CHE 68	A2	111 129 223 290 319 362	064 073 146 150 153 235 263 309+C 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
4.8	CHE 61	A2	223 290 319 362	064 073 146 150 153 195 235 263 309+C 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
4.9	SJ 028	A2	111 223 290 319 362 445	064 073 146 150 153 195 235 263 309+CC 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
4.9	L 050	A2	111 223 290 319 362 445	064 073 146 150 153 195 235 263 309+CC 315+C 523dd	16024-16569 / 001-576
4.9	L 065	A2	111 223 290 319 362 445	064 073 146 150 153 195 235 263 309+C 315+C 523dd	16024-16569 / 001-576
4.10	MZ 119	A2	111 223 290 297 319	064 073 143 146 150 153 235 263 309+CC 315+C 523dd 574	16024-16569 / 001-576
4.11	L 064	A2	111 223 290 297 311 319 362 519	064 073 125 127 143 146 150 153 235 263 309+CC 315+C 523dd	16024-16569 / 001-576
4.12	LR195	A2	111 223 290 319 362 493	064 073 109 143 146 150 153 235 263 309+CC 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
4.12	L 089	A2	111 223 290 319 362 493	064 073 109 143 146 150 153 235 263 309+CC 315+C 523dd	16024-16569 / 001-576
4.13	L 037	A2	111 162 223 290 319 362 493	064 073 109 143 146 150 153 235 263 309+C 315+C 523dd	16024-16569 / 001-576
4.13	L 063	A2	111 162 223 290 319 362 493	064 073 109 143 146 150 153 235 263 309+C 315+C 523dd	16024-16569 / 001-576
4.13	L 092	A2	111 162 223 290 319 362 493	064 073 109 143 146 150 153 235 263 309+C 315+C 523dd	16024-16569 / 001-576
4.14	LQ 013	A2	111 223 290 311 319 362	064 073 146 150 153 235 263 309+C 315+C 523dd	15991-16569 / 001-628
5.1	LQ 015	A2	092 111 136 223 290 319 362	064 073 146 153 189R 235 263 315+C 523dd	15991-16569 / 001-628
5.2	TG BS 27	A2	092 111 223 290 319 362	045 064 073 146 153 235 263 309+CC 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
5.3	TG BS sal 5	A2	092 111 189 223 290 319 362	064 073 146 153 235 263 309+CC 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
5.4	TG EA 11	A2	092 111 223 290 319 362 468 519	064 073 146 153 185 235 263 309+C 315+C 338 523dd 573+C	15878-16569 / 001-628
5.5	MZ 141	A2	111 223 290 311 319 362	064 073 146 153 185 189 235 263 309+CC 315+C 523dd	16024-16569 / 001-576
5.6	MM Tum 11	A2	111 223 319 362	064 073 146Y 153 235 263 315+C 523dd	15991-16569/ 001-628

ID en la red	ID	Hg	Región Control 5' (+16000)	Región Control 3'	Rango de lectura
5.7	MM Tum 13	A2	111 223 287 290 319 362	064 073 146 153 235 263 315+C 523dd	15991-16569 / 001-628
5.8	LQ Pr 17	A2	111 223 287 290 319	064Y 073 146 153 235 263 309+C 315+C 523dd	15991-16569 / 001-628
5.9	LQ 148	A2	111 223 319	064 073 146 235 263 315+C 484 523dd	15991-16569 / 001-628
5.10	TG EA 22	A2	111 176 223 290 319 362	036 064 073 146 152 153 183 235 263 280 309+C 315+C 318 523dd	15878-16569 / 001-628
5.11	MZ 101	A2	111 223 290 319 362	064 073 146 152 153 235 263 315+C	16024-16569 / 001-576
6.1	SJ 076	B2	183C 189 193+C 217 519	073 263 315+C 499	15878-16569 / 001-628
6.1	SJ JA 03	B2	183C 189 193+C 217 519	073 263 315+C 499	15878-16569 / 001-628
6.1	TG 092	B2	182C 183C 189 193+C 217 519	073 263 309+C 315+C 499	16024-16569 / 001-576
6.1	TG AG 09	B2	183C 189 193+C 217 519	073 263 309+CC 315+C 499	15878-16569 / 001-628
6.1	TG EA 08	B2	183C 189 193+C 217 519	073 263 309+C 315+C 499	15878-16569 / 001-628
6.1	TG EA 19	B2	183C 189 193+C 217 519	073 263 309+CC 315+C 499	15878-16569 / 001-628
6.1	L 013	B2	182C 183C 189 193+C 217 519	073 263 309+C 315+C 499	16024-16569 / 001-576
6.1	LQ 083	B2	183C 189 193+C 217 519	073 263 315+C 499	16008-16569 / 001-628
6.1	MM 016	B2	182C 183C 189 217 519	073 263 309+CC 315+C 499	16014-16569 / 001-628
6.1	MM 035	B2	183C 189 193+C 217 519	073 263 309+CCC 315+C 499	16014-16569 / 001-628
6.1	MM 044	B2	183C 189 193+C 217 519	073 263 315+C 499	16014-16569 / 001-628
6.1	MM 049	B2	183C 189 193+C 217 519	073 263 315+C 499	16014-16569 / 001-628
6.1	MM 060	B2	183C 189 193+C 217 519	073 263 315+C 499	16014-16569 / 001-628
6.1	MM 115	B2	183C 189 193+C 217 519	073 263 315+C 499	16014-16569 / 001-628
6.1	MM 134	B2	182C 183C 189 217 519	073 263 309+CC 315+C 499	16014-16569 / 001-628
6.1	MM 139	B2	183C 189 193+C 217 519	073 263 315+C 499	16014-16569 / 001-628
6.1	L 085	B2	182C 183C 189 193+C 217 519	073 215R 263 309+CC 315+C 499	16024-16569 / 001-576
6.2	LQ 160	B2	182C 183C 189 193+C 217 519	054 073 263 309+CC 315+C 499	16008-16569 / 001-628
6.2	MM 094	B2	182C 183C 189 193+C 217 519	054 073 263 309+CC 315+C 499	16014-16569 / 001-628
6.3	SMA 023	B2	15940 086 183C 189 193+C 217 220 294 519	056d 058 059G 061+T 064 065G 073 103 200 263 309+CC 315+C 499	15878-16569 / 001-628
6.4	SMA 087	B2	15940 086 183C 189 193+C 217 220 294 519	056d 058 059G 061+T 064 065G 073 103 194 200 263 309+CC 315+C 499	15878-16569 / 001-628
6.5	TG EA 09	B2	183C 189 193+C 217 258 357 519	073 103 263 310 314d 315d 499	15878-16569 / 001-628
6.6	TG BS 16	B2	182C 183C 189 217 258 357 519	073 103 143 263 310 315d 499	15878-16569 / 001-628

ID en la red	ID	Hg	Región Control 5' (+16000)	Región Control 3'	Rango de lectura
6.6	MM Pur 03	B2	183C 189 193+C 217 258 357 519	073 103 143 263 310 315d 499	16014-16569 / 001-628
6.7	LQ Pr 12	B2	182C 183C 189 217 258 357 519	073 103 143 228 263 310 315d 499	16008-16569 / 001-628
6.8	J20	B2	182C 183C 189 193+C 217 258 357 519	073 103 143 228 263 310 314- 315- 499	15878-16569 / 001-628
6.8	TG 127	B2	182C 183C 189 193+C 217 258 357 519	073 103 143 228 263 310 314d 315d 499	16024-16569 / 001-576
6.9	L 094	B2	183C 189 193+C 217 258 357 519	042 073 103 143 146 263 310 315d 499	16024-16569 / 001-576
6.9	MM Pur 10	B2	183C 189 193+C 217 258 357 519	042 073 103 143 146 263 310 315d 499	16009-16569 / 001-628
6.10	LQ 050	B2	183C 189 193+C 217 258 357 519	042 073 103 143 263 310 314d 315d 499	16009-16569 / 001-628
6.11	LQ 031	B2	017 183C 189 193+C 217 359 519	073 103 146 151 263 309+CC 315+C 499	16009-16569 / 001-628
6.11	MM 126	B2	017 183C 189 193+C 217 359 519	073 103 146 151 263 309+C 315+C 499	16014-16569 / 001-628
6.11	MM Pur 17	B2	017 183C 189 193+C 217 359 519	073 103 146 151 263 309+CC 315+C 499	16009-16569 / 001-628
6.12	TG 074	B2	183C 189 193+C 217 519	073 093 143 195 263 309+C 315+C 499	16024-16569 / 001-576
6.13	TG 029	B2	093 183C 189 193+C 217 519	073 093 195 263 309+C 315+C 499	16024-16569 / 001-576
6.13	TG 098	B2	093 183C 189 193+C 217 519	073 093 195 263 309+C 315+C 499	16024-16569 / 001-576
6.13	TG BS 01	B2	093 183C 189 193+C 217 519	073 093 195 263 309+C 315+C 499	15878-16569 / 001-628
6.13	TG BS 35	B2	093 183C 189 193+C 217 519	073 093 195 263 309+C 315+C 499	15878-16569 / 001-628
6.14	LQ 109	B2	182C 183C 189 193+C 217 218 278 519	073 127 263 309+CC 315+C 499	16008-16569 / 001-628
6.15	LQ Cie 07	B2	146 183C 189 193+C 217 218 519	073 127 263 309+CC 315+C 499	16009-16569 / 001-628
6.15	LQ Pr 40	B2	146 183C 189 193+C 217 218 519	073 127 263 309+CC 315+C 499	16009-16569 / 001-628
6.16	MM Pur 27	B2	182C 183C 189 217 519	060+T 073 263 309+CC 315+C 499 513 523dd	16014-16569 / 001-628
6.16	MM Pur 29	B2	182C 183C 189 217 519	060+T 073 263 309+CC 315+C 499 513 523dd	16009-16569 / 001-628
6.17	MM 081	B2	182C 183C 189 217 256 519	060+T 073 263 309+CC 315+C 499 513 523dd	16014-16569 / 001-628
6.18	L 022	B2	182C 183C 189 217 391 519	057 059 060+T073 195 263 309- 315+C 499	16024-16569 / 001-576
6.19	L 018	B2	15968 086 182C 183C 189 193+C 217 356 362 519	057 059 060+T 073 153 263 309d 315+C 499 523dd	15968-16569 / 001-576
6.20	LQ 146	B2	182C 183C 189 217 303 519	073 094 204 263 315+C 499	16008-16569 / 001-628
6.21	TG BS 22	B2	183C 189 193+C 217 233 356 519	010 073 191 192 195 198 204 263 309+C 315+C 499	15878-16569 / 001-628
6.22	TG BS 05	B2	183C 189 193+C 217 519	073 204 207 263 309+CC 315+C 499	16024-16569 / 001-628
6.22	MM 019	B2	183C 189 193+C 217 519	073 204 207 263 309+CC 315+C 499	16014-16569 / 001-628
6.23	LQ 130	B2	183C 189 193+C 217 290 519	073 204 207 263 309+C 315+C 499	16008-16569 / 001-628
6.24	TG AG 47	B2	183C 189 193+C 217 290 519	073 204 207 263 294 309+C 315+C 499	15878-16569 / 001-628

<b>ID en la red</b>	<b>ID</b>	<b>Hg</b>	<b>Región Control 5' (+16000)</b>	<b>Región Control 3'</b>	<b>Rango de lectura</b>
6.25	TG AG 06	B2	182C 183C 189 217 519	073 203 204 263 309+C 315+C 499	16024-16569 / 001-576
6.26	SMA 025	B2	137 182C 183C 189 193+C 217 519	073 195 203 204 228 263 309+CC 315+C 499	15878-16569 / 001-628
6.26	TG 103	B2	137 182C 183C 189 193+C 217 519	073 195 203 204 228 263 309+C 315+C 499	16024-16569 / 001-576
6.26	LQ 159	B2	137 182C 183C 189 217 519	073 195 203 204 228 263 309+C 315+C 499	16008-16569 / 001-628
6.27	TG 128	B2	182C 183C 189 193+C 217 519	073 163 203 204 263 309+C 315+C 499	16024-16569 / 001-576
6.27	TG 147	B2	182C 183C 189 217 519	073 163 203 204 263 309+C 315+C 499	16024-16569 / 001-576
6.28	TG 020	B2	182C 183C 189 193+C 217 519	073 197 207 263 292 315+C 499	16024-16569 / 001-576
6.28	TG 023	B2	182C 183C 189 193+C 217 519	073 197 207 263 292 315+C 499	16024-16569 / 001-576
6.28	TG 033	B2	182C 183C 189 193+C 217 519	073 197 207 263 292 315+C 499	16024-16569 / 001-576
6.29	TG 019	B2	093Y 182C 183C 189 193+C 217 519	073 197 204 207 263 292 315+C 499	16024-16569 / 001-576
7.1	MM 010	B2	182C 183C 189 217 221 519	073 146 207 263 315+C 499	16014-16569 / 001-628
7.1	MM 083	B2	182C 183C 189 217 221 519	073 146 207 263 315+C 499	16014-16569 / 001-628
7.2	LR056	B2	182C 183C 189 217 519	073 143 146 263 315+C 499	15878-16569 / 001-628
7.2	MZ 109	B2	182C 183C 189 217 519	073 143 146 263 315+C 499	16024-16569 / 001-576
7.3	CAL 18	B2	182C 183C 189 217 519	073 143 146 165 263 315+C 499	15878-16569 / 001-628
7.3	CAL 45	B2	183C 189 193+C 217 519	073 143 146 165 263 315+C 499	15878-16569 / 001-628
7.3	CAL 47	B2	183C 189 193+C 217 519	073 143 146 165 263 309+CC 315+C 499	16011-16569 / 001-628
7.3	CAL 58	B2	182C 183C 189 217 519	073 143 146 165 263 315+C 499	15878-16569 / 001-628
7.3	CHE 26	B2	182C 183C 189 217 519	073 143 146 165 263 315+C 499	15878-16569 / 001-628
7.3	SJ 108	B2	182C 183C 189 217 519	073 143 146 165 263 315+C 499	15878-16569 / 001-628
7.3	TG 146	B2	182C 183C 189 193+C 217 519	073 143 146 165 263 315+C 499	16024-16569 / 001-576
7.3	L 076	B2	182C 183C 189 217 519	073 143 146 165 263 315+C 499	16024-16569 / 001-576
7.3	L 106	B2	182C 183C 189 217 519	073 143 146 165 263 315+C 499	15898-16569 / 001-628
7.3	L sal 07	B2	182C 183C 189 217 519	073 143 146 165 263 315+C 499	15898-16569 / 001-628
7.3	L sal 09	B2	182C 183C 189 217 519	073 143 146 165 263 315+C 499	15898-16569 / 001-628
7.4	SJ 003	B2	182C 183C 189 217 519	073 143 146 152 165 263 315+C 499	15878-16569 / 001-628
7.4	SMA 081	B2	182C 183C 189 217 519	073 143 146 152 165 263 315+C 499	15878-16569 / 001-628
7.5	J56	B2	183C 189 193+C 217 519	073 195 215 263 309+C 315+C 499	15878-16569 / 001-576
7.6	J34	B2	086 182C 183C 189 193+C 217 454 455 519	073 215 263 309+CC 315+C 499	15878-16569 / 001-628

<b>ID en la red</b>	<b>ID</b>	<b>Hg</b>	<b>Región Control 5' (+16000)</b>	<b>Región Control 3'</b>	<b>Rango de lectura</b>
7.6	J50	B2	086 182C 183C 189 193+C 217 454 455 519	073 215 263 309+CC 315+C 499	15878-16569 / 001-628
7.6	LQ Pr 26	B2	086 182C 183C 189 193+C 217 454 455 519	073 215 263 309+CC 315+C 499	16009-16569 / 001-628
7.6	LQ Pr 28	B2	086 182C 183C 189 193+C 217 454 455 519	073 215 263 309+CC 315+C 499	16009-16569 / 001-628
7.6	MM 123	B2	086 182C 183C 189 193+C 217 454 455 519	073 215 263 309+C 315+C 499	16014-16569 / 001-628
7.6	MM Pur 35	B2	086 182C 183C 189 193+C 217 454 455 519	073 215 263 309+CC 315+C 499	16014-16569 / 001-628
7.7	TG 012	B2	182C 183C 189 193+C 217 519	073 247 263 309+CC 315+C 499	16024-16569 / 001-576
7.7	TG 047	B2	182C 183C 189 193+C 217 519	073 247 263 309+CC 315+C 499	16024-16569 / 001-576
7.8	SMA 052	B2	093 183C 189 193+C 217 316 519	073 152 247 263 309+C 315+C 499	15878-16569 / 001-628
7.8	SMA 109	B2	093 183C 189 193+C 217 316 519	073 152 247 263 309+C 315+C 499	15878-16569 / 001-628
7.9	TG 095	B2	182C 183C 189 193+C 217 519	073 143 247 263 309+CCC 315+C 499	16024-16569 / 001-576
7.9	TG 113	B2	182C 183C 189 193+C 217 519	073 143 247 263 309+CC 315+C 499	16024-16569 / 001-576
7.9	TG 135	B2	182C 183C 189 193+C 217 519	073 143 247 263 309+CC 315+C 499	16024-16569 / 001-576
7.9	TG AG 18	B2	182C 183C 189 217 519	073 143 247 263 309+CC 315+C 499	15878-16569 / 001-628
7.9	TG BS sal 3	B2	182C 183C 189 217 519	073 143 247 263 309+CC 315+C 499	15878-16569 / 001-628
7.10	TG 117	B2	148 182C 183C 188 189 217 519	073 143 247 263 309+C 315+C 499	16024-16569 / 001-576
8.1	LQ Pr 04	B2	183C 189 193+C 217 519	073 143 226 263 309+CC 315+C 499	16008-16569 / 001-628
8.2	SJ 038	B2	093 183C 189 193+C 217 304 519	073 199 225 226 263 315+C 438+C 499 523dd 573+CCCC	15878-16569 / 001-628
8.3	TG BS sal 4	B2	183C 189 193+C 217 519	065 071d 073 143 226 263 309+CC 315+C 499	15878-16569 / 001-628
8.4	MM Tum 07	B2	167 183C 189 193+C 217 309 519	073 263 292 309+CC 315+C 499	16009-16569 / 001-628
8.5	SMA 026	B2	129 183C 189 193+C 217 309 519	073 143 263 309+C 315+C 499	15878-16569 / 001-628
8.5	LQ 156	B2	129 183C 189 193+C 217 309 519	073 143 263 309+C 315+C 499	16008-16569 / 001-628
8.5	MM 072	B2	129 183C 189 193+C 217 309 519	073 143 263 315+C 499	16014-16569 / 001-628
8.5	MM 135	B2	129 183C 189 193+C 217 309 519	073 143 263 315+C 499	16014-16569 / 001-628
8.5	MM 137	B2	129 183C 189 193+C 217 309 519	073 143 263 309+C 315+C 499	16014-16569 / 001-628
8.5	MM Pur 25	B2	129 183C 189 193+C 217 309 519	073 143 263 315+C 499	16014-16569 / 001-628
8.5	MM Pur 26	B2	129 183C 189 193+C 217 309 519	073 143 263 315+C 499	16014-16569 / 001-628
8.6	MM 090	B2	129 183C 189 193+C 217 309 519	073 143 227 263 309+C 315+C 499	16014-16569 / 001-628
8.7	Be 031	B2	183C 189 193+C 217 309 519	073 143 195 263 309+C 315+C 499	15878-16569 / 001-628
8.7	SMA 134	B2	183C 189 193+C 217 309 519	073 143 195 263 309+C 315+C 499	15878-16569 / 001-628

<b>ID en la red</b>	<b>ID</b>	<b>Hg</b>	<b>Región Control 5' (+16000)</b>	<b>Región Control 3'</b>	<b>Rango de lectura</b>
8.7	SMA 142	B2	183C 189 193+C 217 309 519	073 143 195 263 309+C 315+C 499	15878-16569 / 001-628
8.8	LQ 118	B2	129R 183C 189 193+C 217 289 519	073 143 263 309+C 315+C 499	16008-16569 / 001-628
8.8	MM Pur 04	B2	183C 189 193+C 217 289 519	073 143 263 309+CC 315+C 499	16014-16569 / 001-628
8.9	MM 007	B2	183C 189 193+C 217 289 519	073 143 204 263 309+CC 315+C 499	16014-16569 / 001-628
8.10	MM 029	B2	183C 189 193+C 217 286 289 519	073 143 146 199 263 309+C 315+C 499	16014-16569 / 001-628
8.10	MM 055	B2	183C 189 193+C 217 286 289 519	073 143 146 199 263 309+C 315+C 499	16014-16569 / 001-628
8.10	MM 062	B2	183C 189 193+C 217 286 289 519	073 143 146 199 263 309+C 315+C 499	16014-16569 / 001-628
8.10	MM 141	B2	183C 189 193+C 217 286 289 519	073 143 146 199 263 309+C 315+C 499	16014-16569 / 001-628
8.10	MM Tum 06	B2	183C 189 193+C 217 286 289 519	073 143 146 199 263 309+C 315+C 499	16009-16569 / 001-628
8.11	MM 069	B2	086 183C 189 193+C 217 286 289 519	073 143 199 263 309+C 315+C 499	16014-16569 / 001-628
8.12	LR150	B2	066 183C 185 189 193d 217 519	042 073 143 210 263 309+C 315+C 499	15878-16569 / 001-628
8.12	LR BS 06	B2	066 183C 185 189 193d 217 519	042 073 143 210 263 309+C 315+C 499	15878-16569 / 001-628
8.13	J55	B2	066 183C 185 189 217 519	042 073 143 210 263 315+C 499	15878-16569 / 001-628
8.14	MM 110	B2	066 183C 185 189 193d 217 519	073 143 210 263 309+C 315+C 499	15991-16569/ 001-628
8.15	LQ 086	B2	183C 185 189 193d 217 320 519	042 073 143 150 210 263 315+C 499	15991-16569/ 001-628
8.16	LR037	B2	043T 066 183C 185 189 193d 217 519	042 073 143 210 263 309+C 315+C 499	15878-16569 / 001-628
8.17	MZ 055	B2	183C 185 189 193d 217 519	073 263 309+C 315+C 499 573+CCC	16024-16569 / 001-576
9.1	TG AG 05	B2	183C 189 193+C 217 519	073 146 215 263 309+CC 315+C 455+T 499	16024-16569 / 001-576
9.1	LQ 034	B2	183C 189 193+C 217 519	073 146 215 263 315+C 455+T 499	16009-16569 / 001-628
9.1	LQ 096	B2	183C 189 193+C 217 519	073 146 215 263 315+C 455+T 499	16008-16569 / 001-628
9.1	LQ 119	B2	183C 189 193+C 217 519	073 146 215 263 309+CC 315+C 455+T 499	16008-16569 / 001-628
9.1	MM 052	B2	183C 189 193+C 217 519	073 146 215 263 315+C 455+T 499	16014-16569 / 001-628
9.1	MM 056	B2	183C 189 217 519	073 146 215 263 315+C 455+T 499	16014-16569 / 001-628
9.2	LQ 093	B2	182C 183C 189 217 240 519	073 146 215 263 315+C 455+T 499	16008-16569 / 001-628
9.3	LQ Pr 25	B2	183C 189 193+C 217 519	073 146 215 263 309+CC 315+C 455+T 499 573+CC	16009-16569 / 001-603
9.4	LQ 026	B2	183C 189 193+C 217 519	073 143 146 215 263 309+CC 315+C 455+T 499	16009-16569 / 001-628
9.4	LQ 043	B2	183C 189 193+C 217 519	073 143 146 215 263 309+CC 315+C 455+T 499	16009-16569 / 001-628
9.4	MM Pur 01	B2	183C 189 193+C 217 519	073 143 146 215 263 309+C 315+C 455+T 499	16009-16569 / 001-628
9.5	Be 041	B2	183C 189 217 519	073 143 146 215 263 309+C 315+C 414G 455+T 499	15878-16569 / 001-628

ID en la red	ID	Hg	Región Control 5' (+16000)	Región Control 3'	Rango de lectura
9.6	Be 009	B2	183C 189 193+C 217 519	064 073 146 215 263 309+CC 315+C 455+T 499	15878-16569 / 001-628
9.6	Be 050	B2	183C 189 193+C 217 519	064 073 146 215 263 309+CC 315+C 455+T 499	15878-16569 / 001-628
9.6	Be 054	B2	183C 189 193+C 217 519	064 073 146 215 263 309+C 315+C 455+T 499	15878-16569 / 001-628
9.6	Be 074	B2	183C 189 193+C 217 519	064 073 146 215 263 309+C 315+C 455+T 499	16014-16569 / 001-628
9.6	SMA 113	B2	183C 189 193+C 217 519	064 073 146 215 263 309+C 315+C 455+T 499	15878-16569 / 001-628
9.6	SJS 05	B2	183C 189 193+C 217 519	064 073 146 215 263 309+CC 315+C 455+T 499	15878-16569 / 001-628
9.7	Be 020	B2	129 183C 189 193+C 217 519	064 073 146 215 263 309+C 315+C 455+T 499	16006-16569 / 001-628
9.7	Be 030	B2	129 183C 189 193+C 217 519	064 073 146 215 263 309+C 315+C 455+T 499	15878-16569 / 001-628
9.7	Be 039	B2	129 183C 189 193+C 217 519	064 073 146 215 263 309+C 315+C 455+T 499	15878-16569 / 001-628
9.7	Be 083	B2	129 183C 189 193+C 217 519	064 073 146 215 263 309+C 315+C 455+T 499	15878-16569 / 001-628
9.8	SMA 107	B2	183C 189 193+C 217 519	064 073 146 215 263 310 312-318d 321 455+T 499	16009-16569 / 001-628
9.9	MM Tum 15	B2	093Y 183C 189 193+C 217 519	064 073 146 215 263 310-315d 455+T 499	16014-16569 / 001-628
9.10	MM 042	B2	093 183C 189 193+C 217 519	064 073 146 215 263 309+C 315+C 455+T 499	16014-16569 / 001-628
9.10	MM Pur 06	B2	093 183C 189 193+C 217 519	064 073 146 215 263 309+CC 315+C 455+T 499	16009-16569 / 001-628
9.11	Be 001	B2	183C 189 193+C 217 519	063 064 073 146 215 263 309+CC 315+C 455+T 499	15878-16569 / 001-628
9.11	Be 005	B2	183C 189 193+C 217 519	063 064 073 146 215 263 309+CC 315+C 455+T 499	15878-16569 / 001-628
9.11	Be 012	B2	183C 189 193+C 217 519	063 064 073 146 215 263 309+CC 315+C 455+T 499	15878-16569 / 001-628
9.11	Be 017	B2	183C 189 193+C 217 519	063 064 073 146 215 263 309+CC 315+C 455+T 499	15878-16569 / 001-628
9.11	Be 040	B2	183C 189 193+C 217 519	063 064 073 146 215 263 309+CC 315+C 455+T 499	15878-16569 / 001-628
9.11	Be 066	B2	183C 189 193+C 217 519	063 064 073 146 215 263 309+CC 315+C 455+T 499	15878-16569 / 001-628
9.11	Be 100	B2	183C 189 193+C 217 519	063 064 073 146 215 263 309+CC 315+C 455+T 499	16008-16569 / 001-628
9.11	J42	B2	136Y 183C 189 193+C 217 519	063 064 073 146 215 263 309+C 315+C 455+T 499	15878-16569 / 001-628
9.11	MZ 010	B2	183C 189 193+C 217 519	063 064 073 146 215 263 309+CC 315+C 455+T 499	16024-16569 / 001-576
9.11	SMA 006	B2	183C 189 193+C 217 519	063 064 073 146 215 263 309+CC 315+C 455+T 499	15878-16569 / 001-628
9.11	SMA 016	B2	183C 189 193+C 217 519	063 064 073 146 215 263 309+C 315+C 455+T 499	15878-16569 / 001-628
9.11	SMA 059	B2	183C 189 193+C 217 519	063 064 073 146 215 263 309+C 315+C 455+T 499	15878-16569 / 001-628
9.11	SMA 063	B2	183C 189 193+C 217 519	063 064 073 146 215 263 309+C 315+C 455+T 499	15878-16569 / 001-628
9.11	SMA 122	B2	183C 189 193+C 217 519	063 064 073 146 215 263 309+CC 315+C 455+T 499	15878-16569 / 001-628
9.11	SMA 143	B2	183C 189 193+C 217 519	063 064 073 146 215 263 309+C 315+C 455+T 499	15878-16569 / 001-628

ID en la red	ID	Hg	Región Control 5' (+16000)	Región Control 3'	Rango de lectura
9.11	SMA 144	B2	183C 189 193+C 217 519	063 064 073 146 215 263 309+C 315+C 455+T 499	15878-16569 / 001-628
9.11	SJS 03	B2	183C 189 193+C 217 519	063 064 073 146 189R 215 263 309+C 315+C 455+T 499	15878-16569 / 001-628
9.11	SJS 21	B2	183C 189 193+C 217 519	063 064 073 146 215 263 309+CC 315+C 455+T 499	15878-16569 / 001-628
9.11	TG 065	B2	183C 189 193+C 217 519	063 064 073 146 215 263 309+C 315+C 455+T 499	16024-16569 / 001-576
9.11	LQ 046	B2	183C 189 193+C 217 519	063 064 073 146 215 263 309+CC 315+C 455+T 499	16009-16569 / 001-628
9.11	LQ 074	B2	183C 189 193+C 217 519	063 064 073 146 215 263 309+CC 315+C 455+T 499	16008-16569 / 001-628
9.11	MM 014	B2	182C 183C 189 217 519	063 064 073 146 215 263 309+C 315+C 455+T 499	16014-16569 / 001-628
9.11	MM 043	B2	183C 189 193+C 217 519	063 064 073 146 215 263 309+CC 315+C 455+T 499	16014-16569 / 001-628
9.11	MM Pur 09	B2	183C 189 193+C 217 311Y 519	063 064 073 146 215 263 309+C 315+C 455+T 499	16009-16569 / 001-628
9.11	MM Pur 12	B2	183C 189 193+C 217 519	063 064 073 146 215 263 309+C 315+C 455+T 499	16009-16569 / 001-628
9.12	LQ 014	B2	183C 189 193+C 217 519	063 064 073 146 203 215 263 309+CC 315+C 455+T 499	16009-16569 / 001-628
9.12	LQ Pr 38	B2	183C 189 193+C 217 519	063 064 073 146 203 215 263 309+CC 315+C 455+T 499	16009-16569 / 001-628
9.12	MM 048	B2	183C 189 193+C 217 519	063 064 073 146 203 215 263 309+CC 315+C 455+T 499	16014-16569 / 001-628
9.12	MM Pur 38	B2	093Y 183C 189 193+C 217 519	063 064 073 146 203 215 263 309+CC 315+C 455+T 499	16014-16569 / 001-628
9.13	SMA 080	B2	183C 189 193+C 217 519	063 064 073 093 146 215 263 309+CC 315+C 455+T 499	15878-16569 / 001-628
9.14	MM Tum 21	B2	183C 189 193+C 217 519	063 064 073 146 183 215 263 309+CC 315+C 455+T 499	16009-16569 / 001-628
9.15	Be 070	B2	183C 189 193+C 217 311 519	063 064 073 146 215 263 309+C 315+C 455+T 499	15878-16569 / 001-628
9.16	MM 082	B2	183C 189 193+C 217 519	063 064 066 073 146 152 215 263 309+C 315+C 455+T 499	16014-16569 / 001-628
9.17	MM 002	B2	183C 184A 189 217 519	063 064 066 073 146 152 215 263 315+C 455+T 499 523dd	16014-16569 / 001-628
9.18	LQ 027	B2	183C 184A 189 217 519	063 064 073 146 152 215 263 315+C 455+T 499 523dd	16009-16569 / 001-628
9.19	Be 063	B2	183C 189 193+C 217 294 519	063 064 066 073 146 215 263 309+CC 315+C 455+T 499	15878-16569 / 001-628
9.19	SMA 069	B2	183C 189 193+C 217 294 519	063 064 066 073 146 215 263 309+CC 315+C 455+T 499	15878-16569 / 001-628
9.19	SMA 090	B2	183C 189 193+C 217 294 519	063 064 066 073 146 215 263 309+CC 315+C 455+T 499	15878-16569 / 001-628
9.20	Be 003	B2	183C 189 193+C 217 294 519	005 063 064 066 073 146 215 263 309+CC 315+C 455+T 499	15878-16569 / 001-628
9.20	Be 043	B2	183C 189 193+C 217 294 519	005 063 64 66 073 146 215 263 309+CC 315+C 455+T 499	15878-16569 / 001-628
9.20	SMA 001	B2	183C 189 193+C 217 294 519	005 063 064 066 073 146 215 263 309+CC 315+C 455+T 499	15878-16569 / 001-628
9.21	LQ 104	B2	183C 189 193+C 217 294 519	063 064 066T 073 146 215 263 309+C 315+C 455+T 499	16008-16569 / 001-628
9.21	MM 127	B2	183C 189 193+C 217 294 519	063 064 066T 073 146 215 263 309+C 315+C 455+T 499	16014-16569 / 001-628
9.22	LQ 169	B2	183C 189 193+C 217 519	063 064 066 073 146 203 215 263 309+CC 315+C 455+T 499	16008-16569 / 001-628

<b>ID en la red</b>	<b>ID</b>	<b>Hg</b>	<b>Región Control 5' (+16000)</b>	<b>Región Control 3'</b>	<b>Rango de lectura</b>
10.1	MM 022	B2	037 182C 183C 189 217 311 357 519	073 182 235 263 315+C 499 524+AC	16014-16569 / 001-628
10.2	LQ 029	B2	126 183C 189 193+C 217 519	066T 073 235 263 309+CC 315+C 499	16009-16569 / 001-628
10.3	MM 057	B2	126 183C 189 193+C 217 311 519	063 064 066T 073 235 263 309+CCC 315+C 499	16014-16569 / 001-628
10.4	MM 091	B2	051 183C 189 193+C 217 519	073 153 263 315+C 499	16014-16569 / 001-628
10.5	LQ Pr 19	B2	051 183C 189 193+C 217 519	073 263 309+CC 315+C 499 524+AC	16008-16569 / 001-628
10.6	J38	B2	051 183C 189 193+C 217 360 519	073 152 263 309+CC 315+C 499 523dd	15878-16569 / 001-628
10.6	J48	B2	051 183C 189 193+C 217 360 519	041Y 073 152 263 309+C 315+C 499 523dd	15878-16569 / 001-628
10.6	TG 063	B2	051 183C 189 193+C 217 360 519	073 152 263 309+CC 315+C 499 523dd	16024-16569 / 001-576
10.6	TG BS 53	B2	051 183C 189 193+C 217 360 519	073 152 263 309+CC 315+C 499 523dd	15878-16569 / 001-628
10.6	LQ 134	B2	051 183C 189 193+C 217 360 519	073 152 263 309+CC 315+C 499 523dd	16008-16569 / 001-628
10.7	LQ Pr 09	B2	111 183C 189 193+C 217 519	073 143 263 309+C 315+C 499	16008-16569 / 001-628
10.8	LQ Pr 33	B2	111 183C 189 193+C 217 224 449 451 455 493 497 519	073 263 309+CC 315+C 499	16009-16569 / 001-628
10.9	MM 015	B2	111 183C 189 193+C 217 512 519	073 185 263 309+C 315+C 499	16014-16569 / 001-628
10.9	MM 105	B2	111 183C 189 193+C 217 512 519	073 185 263 309+C 315+C 499	16014-16569 / 001-628
10.9	MM 130	B2	111 183C 189 193+C 217 512 519	073 185 263 309+CC 315+C 499	16014-16569 / 001-628
10.9	MM Tum 01	B2	111 183C 189 193+C 217 512 519	073 185 263 309+C 315+C 499	16009-16569 / 001-628
10.10	MM Tum 22	B2	111 183C 189 193+C 217 512 519	073 185 189 263 309+C 315+C 499	16009-16569 / 001-628
10.11	TG 061	B2	183C 189 193+C 217 519	073 228T 263 309+CC 315+C 499	16024-16569 / 001-576
10.11	LQ 154	B2	183C 189 193+C 217 519	073 228T 263 309+C 315+C 499	16008-16569 / 001-628
10.12	CAL 51	B2	183C 189 193+C 217 519	073 207 263 309+CC 315+C 470 499	15878-16569 / 001-628
10.12	SJ 032	B2	183C 189 193+C 217 519	073 207 263 309+CC 315+C 470 499	15878-16569 / 001-628
10.13	CAL 53	B2	183C 189 193+C 217 294 519	073 207 263 309+C 315+C 470 499	15878-16569 / 001-628
10.13	SJ 054	B2	182C 183C 189 193+C 217 294 519	073 207 263 309+CC 315+C 470 499	15878-16569 / 001-628
10.14	CAL Sal 05	B2	182M 183C 189 193+C 217 234 519	073 207 263 309+C 315+C 470 499	15878-16569 / 001-628
10.14	CAL Sal 06	B2	183C 189 193+C 217 234 519	073 207 263 309+C 315+C 470 499	15878-16569 / 001-576
10.15	CAL 11	B2	182C 183C 189 207 217 519	073 263 309+C 315+C 470 499	15878-16569 / 001-628
10.15	TG AG 23	B2	182C 183C 189 207 217 519	073 263 309+CC 315+C 470 499	15878-16569 / 001-628
10.16	CAL 16	B2	182C 183C 189 207 217 290 519	073 263 309+C 315+C 470 499	15878-16569 / 001-628

ID en la red	ID	Hg	Región Control 5' (+16000)	Región Control 3'	Rango de lectura
10.17	CAL 42	B2	183C 189 193+C 207 217 291 519	073 263 309+CC 315+C 470 499	15878-16569 / 001-628
10.17	MZ 050	B2	183C 189 193+C 207 217 291 519	073 263 309+C 315+C 470 499	16024-16569 / 001-576
10.17	SJ 027	B2	183C 189 193+C 207 217 291 519	073 263 309+CC 315+C 470 499	15878-16569 / 001-628
10.17	SJ 040	B2	183C 189 193+C 207 217 291 519	073 263 309+CC 315+C 470 499	15878-16569 / 001-628
10.18	L 015	B2	183C 189 193+C 207 217 291 519	073 151 263 309+CC 315+C 470 499	16024-16569 / 001-576
10.19	LQ 053	B2	096T 183C 189 193+C 217 519	073 263 315+C 499	16009-16569 / 001-628
10.19	LQ 103	B2	096T 183C 189 193+C 217 519	073 263 315+C 499	16008-16569 / 001-628
10.20	LQ SCA 01	B2	183C 189 193+C 217 519	073 263 309+C 315+C 479 480 499	16009-16569 / 001-628
10.21	SMA 100	B2	182C 183C 189 217 519	073 263 309+C 315+C 479 480 499 524+AC	15878-16569 / 001-628
10.21	MM 129	B2	183C 189 193+C 217 519	073 263 309+C 315+C 479 480 499 524+AC	16014-16569 / 001-628
10.22	LQ Cie 03	B2	183C 189 193+C 217 519	073 263 309+C 315+C 479 480 499 524+ACAC	16009-16569 / 001-603
10.23	Be 045	B2	092 126 182C 183C 189 193+C 214 217 355A 519	073 152 309+CC 315+C 499	15878-16569 / 001-628
10.23	CAL Sal 09	B2	092 126 182C 183C 189 214 217 355A 519	073 152 309+CC 315+C 499	15878-16569 / 001-576
10.23	J52	B2	092 126 182C 183C 189 214 217 355A 519	073 152 309+C 315+C 499	15878-16569 / 001-628
10.23	SJ 015	B2	092Y 126 182C 183C 189 193+C 214 217 355A 519	073 152 309+CC 315+C 499	15878-16569 / 001-628
10.23	SJ 033	B2	092 126 182C 183C 189 193+C 214 217 355A 519	073 152 309+C 315+C 499	15878-16569 / 001-628
10.23	SJ 063	B2	092 126 182C 183C 189 193+C 214 217 355A 519	073 152 309+CC 315+C 499	15878-16569 / 001-628
10.23	TG 129	B2	092 126 182C 183C 189 193+C 214 217 355A 519	073 152 309+C 315+C 499	16024-16569 / 001-576
10.23	L 095	B2	092 126 182C 183C 189 193+C 214 217 355A 519	073 152 309+CC 315+C 499	16024-16569 / 001-576
10.24	SMA 095	B2	092 126 182C 183C 189 193+C 214 217 355A 519	073 152 310+CCT 315+C 499	15878-16569 / 001-628
11.1	SJ 107	B2	178 183C 189 193+C 217 519	073 263 315+C 499	15878-16569 / 001-628
11.2	LQ 058	B2	178 182C 183C 189 193+CC 217 519	073 152 263 309d 315+C 499	16009-16569 / 001-628
11.3	TG 010	B2	178 183C 189 193+C 217 352 357 519	073 146Y 152 252 263 315+C 499	16024-16569 / 001-576
11.4	MM Tum 04	B2	038R 129 178 182C 183C 189 193+C 217 519 527	055 057 073 112 173 217 263 307-309d 315+C 499	16009-16569 / 001-628
11.5	J10	B2	145 183C 189 193+C 217 362 519	073 263 315+C 499 523dd	15878-16569 / 001-628
11.5	TG 064	B2	145 183C 189 193+C 217 362 519	073 263 315+C 499 523dd	16024-16569 / 001-576
11.5	TG 144	B2	145 183C 189 193+C 217 362 519	073 263 315+C 499 523dd	16024-16569 / 001-576
11.6	Be 059	B2	145 156 157 183C 189 193+C 217 519	073 263 309+C 315+C 499	15878-16569 / 001-628
11.6	J45	B2	145 156 157 183C 189 193+C 217 519	073 263 309+CC 315+C 499	16008-16569 / 001-628

ID en la red	ID	Hg	Región Control 5' (+16000)	Región Control 3'	Rango de lectura
11.6	LQ 032	B2	145 156 157 183C 189 193+C 217 519	073 263 309+CC 315+C 499	16009-16569 / 001-628
11.6	LQ Pr 37	B2	145 156 157 182M 183C 189 193+C 217 519	073 263 309+C 315+C 499	16009-16569 / 001-628
11.6	MM 039	B2	145 156 157 183C 189 193+C 217 519	073 263 309+C 315+C 499	16014-16569 / 001-628
11.6	MM 089	B2	145 156 157 183C 189 193+C 217 519	073 263 309+CC 315+C 499	16014-16569 / 001-628
11.6	MM Pur 28	B2	145 156 157 183C 189 193+C 217 519	073 263 309+C 315+C 499	16014-16569 / 001-628
11.7	LR152	B2	145 156 157 183C 189 193+C 217	073 263 315+C 499 513	16008 -16569 / 001-628
11.7	LR BS 37	B2	145 156 157 183C 189 193+C 217	073 263 315+C 499 513	16008 -16569 / 001-628
11.8	Be 052	B2	156 183C 189 193+C 217 519	073 263 309+C 315+C 499	15878-16569 / 001-628
11.8	LR BS 02	B2	156 183C 189 193+C 217 519	073 263 309+C 315+C 499	15878-16569 / 001-628
11.9	SJS 19	B2	15924 140 183C 189 193+C 217 519	073 263 309+CC 315+C 499	15878-16569 / 001-628
11.10	MM 125	B2	140 183C 189 193+C 217 301Y 519	073 131 263 309+C 315+C 499	16014-16569 / 001-628
11.11	LQ Cie 02	B2	140 183C 189 193+C 217 437 519	073 263 315+C 499	16009-16569 / 001-628
11.12	TG BS 40	B2	093Y 140 183C 189 193+C 217 437 519	073 263 315+C 499	15878-16569 / 001-628
11.12	TG EA 04	B2	093 140 183C 189 193+C 217 437 519	073 263 315+C 499	15878-16569 / 001-628
11.13	TG 069	B2	182T 183C 189 193+C 217 519	073 263 309+C 315+C 499	16024-16569 / 001-576
11.13	TG BS 10	B2	182T 183C 189 193+C 217 519	073 263 309+C 315+C 390R 499	15878-16569 / 001-628
11.14	TG 031	B2	182T 183C 189 193+C 217 259 291Y 519	073 263 315+C 499	16024-16569 / 001-576
11.15	L 021	B2	168 183C 189 193+C 217 519	073 263 309+CC 315+C 499	16024-16569 / 001-576
11.15	MM 034	B2	168 183C 189 193+C 217 519	073 263 309+C 315+C 499	16014-16569 / 001-628
11.15	MM 092	B2	168 183C 189 193+C 217 519	073 263 309+CC 315+C 499	16014-16569 / 001-628
11.16	MM Pur 21	B2	093 168 183C 189 193+C 217 519	073 263 309+CC 315+C 499	16014-16569 / 001-628
11.17	LQ 059	B2	168 182C 183C 189 193+C 217 519	073 263 309d 315+C 499 523dd	16009-16569 / 001-628
11.18	LQ 147	B2	093Y 168 183C 189 193+C 217 519	073 185 263 315+C 499	16008-16569 / 001-628
11.19	L 002	B2	168 183C 189 193+C 217 519	073 185 195 263 309+C 315+C 499	16024-16569 / 001-576
11.20	MM 102	B2	168 182C 183C 189 217 249 312 519	073 152 263 271 309+CC 315+C 499	16014-16569 / 001-628
11.21	SMA 036	B2	182C 183C 189 193+C 217 249 519	073 146 195 263 309+CC 315+C 499	15878-16569 / 001-628
11.21	TG AG 22	B2	182C 183C 189 217 249 519	073 146 195 263 309+CC 315+C 499	15878-16569 / 001-628
11.21	LQ BS 01	B2	182C 183C 189 193+C 217 249 519	073 146 195 263 309+CC 315+C 499	16008-16569 / 001-628
11.21	MM 138	B2	182C 183C 189 193+C 217 249 519	073 146 195 263 309+CC 315+C 499	16014-16569 / 001-628

ID en la red	ID	Hg	Región Control 5' (+16000)	Región Control 3'	Rango de lectura
11.22	MM 080	B2	182C 183C 189 217 235 242 291 519	073 263 315+C 499	16014-16569 / 001-600
11.23	LQ 033	B2	182C 183C 189 193+C 217 235 242 291 519	073 263 309+C 315+C 499 524+ACAC	16009-16569 / 001-579
11.23	LQ 163	B2	182C 183C 189 217 235 242 291 519	073 263 315+C 499 524+ACAC	16008-16569 / 001-600
11.24	LQ 077	B2	182C 183C 189 217 242 324 519	073 146 215 263 309+CC 315+C 499	15991-16569/ 001-628
11.25	MM 038	B2	125 182C 183C 189 193+C 217 242 284 324 389 519	073 146 215 263 309+CC 315+C 499	16014-16569 / 001-628
11.26	LQ 054	B2	182C 183C 189 193+C 217 242 519	073 146 153 263 309+CC 315+C 499	16009-16569 / 001-628
12.1	J39	B2	183C 188 189 217 519	263 309+CC 315+C 499	15878-16569 / 001-628
12.1	MZ 018	B2	183C 188 189 217 519	263 309+C 315+C 499	16024-16569 / 001-576
12.1	L 019	B2	183C 188 189 217 519	263 309+CC 315+C 499	16024-16569 / 001-576
12.1	LQ 040	B2	183C 188 189 217 519	263 309+CC 315+C 499	16009-16569 / 001-628
12.1	LQ 057	B2	183C 188 189 217 519	263 309+CC 315+C 499	15991-16569/ 001-628
12.1	LQ 060	B2	183C 188 189 217 519	263 309+CC 315+C 499	15991-16569/ 001-628
12.1	LQ 080	B2	183C 188 189 217 519	263 315+C 499	15991-16569/ 001-628
12.1	LQ 165	B2	183C 188 189 217 519	263 309+CC 315+C 499	15991-16569/ 001-628
12.1	LQ SCA 02	B2	183C 188 189 217 519	263 309+CC 315+C 499	15991-16569/ 001-628
12.1	MM 012	B2	183C 188 189 217 519	263 309+CC 315+C 408W 499	15991-16569/ 001-628
12.1	MM 024	B2	183C 188 189 217 362Y 519	263 309+CC 315+C 499	15991-16569/ 001-628
12.1	MM 054	B2	183C 188 189 217 519	263 309+CC 315+C 499	15991-16569/ 001-628
12.1	MM 086	B2	183C 188 189 217 519	263 309+CC 315+C 499	15991-16569/ 001-628
12.1	MM 122	B2	183C 188 189 217 519	263 309+C 315+C 499	15991-16569/ 001-628
12.1	MM Pur 20	B2	183C 188 189 217 519	263 309+C 315+C 499	15991-16569/ 001-628
12.2	LQ 019	B2	183C 188 189 217 519	093 215 263 309+C 315+C 499	16009-16569 / 001-628
12.2	LQ Cie 08	B2	183C 188 189 217 519	093 215 263 309+C 315+C 499	15991-16569/ 001-628
12.3	LQ 052	B2	183C 188 189 217 519	152 263 309+CC 315+C 499	15991-16569/ 001-628
12.4	LQ 131	B2	129 183C 188 189 217 519	063 263 309+CC 315+C 499	15991-16569 / 001-628
12.5	LQ 110	B2	183C 188 189 193d 217 519	063 263 309+CC 315+C 499	15991-16569/ 001-628
12.5	MM Tum 03	B2	183C 188 189 193d 217 519	063 263 309+CC 315+C 499	15991-16569/ 001-628
12.6	LQ Pr 39	B2	183C 188 189 217 519	063 064 146 263 315+C 499	15991-16569/ 001-628
12.7	MM Pur 11	B2	183C 188 189 217 519	063 064 066T 263 309+C 315+C 499	15991-16569/ 001-628

<b>ID en la red</b>	<b>ID</b>	<b>Hg</b>	<b>Región Control 5' (+16000)</b>	<b>Región Control 3'</b>	<b>Rango de lectura</b>
12.8	LQ 042	B2	183C 188 189 217 519	064 073 263 315+C 499	15991-16569/ 001-628
12.9	LQ 039	B2	183C 188 189 217 519	063 064 073 263 315+C 499	16009-16569 / 001-628
12.9	MM 031	B2	183C 188 189 217 519	063 064 073 263 309+C 315+C 499	15991-16569/ 001-628
12.9	MM 050	B2	183C 188 189 217 519	063 064 073 263 309+C 315+C 499	15991-16569/ 001-628
12.10	LQ 025	B2	183C 188 189 217 519	063 064 073 146Y 185 234R 263 309+C 315+C 499	15991-16569/ 001-628
12.11	LQ Pr 14	B2	183C 188 189 217 218 519	063 064 073 185 263 309+C 315+C 499	16008-16569 / 001-628
12.12	SMA 053	B2	183C 188 189 217 519	063 064 066 073 185 263 309+C 315+C 499	15878-16569 / 001-628
12.12	MM 058	B2	183C 188 189 217 519	063 064 066 073 185 204Y 263 309+C 315+C 499	15991-16569/ 001-628
12.12	MM Pur 08	B2	183C 188 189 217 519	063 064 066 073 185 263 309+C 315+C 499	15991-16569/ 001-628
12.12	MM Pur 13	B2	183C 188 189 217 519	063 064 066 073 185 263 309+C 315+C 499	15991-16569/ 001-628
12.13	MM 059	B2	183C 188 189 217 223 519	063 064 066 073 185 263 309+CC 315+C 499	15991-16569/ 001-628
12.14	MM 124	B2	183C 188 189 217 519	063 064 066 073 235R 263 309+C 315+C 499	15991-16569/ 001-628
12.15	MM 098	B2	183C 188 189 217 464 519	063 064 073 263 309+C 315+C 499	15991-16569/ 001-628
12.15	MM Pur 34	B2	183C 188 189 217 464 519	063 064 073 263 309+CC 315+C 499	15991-16569/ 001-628
12.16	J24	B2	183C 188 189 217 519	063 064 073 146 263 309+C 315+C 499	15878-16569 / 001-628
12.17	SJ 052	B2	183C 188 189 217 319 519	064 073 263 309+C 315+C 499	15878-16569 / 001-628
12.18	MM 119	B2	051R 172 183C 188 189 217 519	073 263 315+C 499	15991-16569/ 001-628
12.19	TG 035	B2	183C 188 189 217 519	073 186 263 309+C 315+C 499	16024-16569 / 001-576
12.19	TG AG 24	B2	183C 188 189 217 519	073 186 263 309+C 315+C 499	15878-16569 / 001-628
12.20	LQ Cie 05	B2	172 183C 188 189 217 295 519	073 186 263 309+C 315+C 499	15991-16569 / 001-628
12.21	LQ 128	B2	183C 188 189 217 354 519	073 186 263 309+C 315+C 499	15991-16569/ 001-628
12.21	LQ Pr 15	B2	183C 188 189 217 354 519	073 186 263 309+C 315+C 499	16008-16569 / 001-628
12.22	TG 068	B2	183C 188 189 217 354 519	073 186 263 309+CC 315+C 373 499	16024-16569 / 001-576
12.22	TG 101	B2	183C 188 189 217 354 519	073 186 263 309+CC 315+C 373 499	16024-16569 / 001-576
12.23	J03	B2	183C 188 189 217 354 519	073 146 186 263 315+C 499	15878-16569 / 001-628
12.24	LQ 063	B2	183C 188 189 217 266 519	073 186 204Y 263 309+C 315+C 499	15991-16569/ 001-628
12.24	LQ 168	B2	183C 188 189 217 266 519	073 186 263 309+C 315+C 499	16008-16569 / 001-628
12.25	LQ 099	B2	183C 188 189 217	073 186 263 309+CC 315+C 499	15991-16569/ 001-628
12.25	LQ 106	B2	183C 188 189 217	073 186 263 309+CC 315+C 499	15991-16569/ 001-628

<b>ID en la red</b>	<b>ID</b>	<b>Hg</b>	<b>Región Control 5' (+16000)</b>	<b>Región Control 3'</b>	<b>Rango de lectura</b>
12.26	LQ 095	B2	183C 188 189 217 519	073 186 263 309+C 315+C 316 499	15991-16569/ 001-587
12.27	LQ 075	B2	183C 188 189 217 223 519	073 186 263 309+C 315+C 316 499	15991-16569/ 001-628
12.27	LQ 111	B2	183C 188 189 217 223 519	073 186 263 309+C 315+C 316 499	15991-16569/ 001-628
12.28	LQ 155	B2	183C 188 189 217 519	073 143 186 263 315+C 449 499	15991-16569/ 001-628
12.28	MM 032	B2	183C 188 189 217 519	073 143 186 263 309+C 315+C 449 499	15991-16569/ 001-628
12.29	Be 064	B2	183C 188 189 217 519	073 143 263 309+C 315+C 449 499	15878-16569 / 001-628
12.30	TG BS 07	B2	183C 188 189 217 362 519	073 152 186 204Y 263 309+C 315+C 499	15878-16569 / 001-628
12.31	LR179	B2	183C 188 189 217 362 519	073 152 186 195 263 315+C 499	15878-16569 / 001-628
12.32	LQ 107	B2	148 183C 188 189 217 362 519 524	073 186 263 309+C 315+C 499	15991-16569 / 001-628
12.33	SMA 004	B2	183C 188 189 217 519	073 241 263 309+C 315+C 499	15878-16569 / 001-628
12.33	SMA 055	B2	183C 188 189 217 519	073 241 263 309+C 315+C 499	15878-16569 / 001-628
12.33	SMA 092	B2	183C 188 189 217 519	073 241 263 309+C 315+C 499	15878-16569 / 001-628
12.34	MM Tum 20	B2	183C 188 189 193d 217 428 465 519	073 263 309+C 315+C 499	15991-16569/ 001-628
12.35	LQ 161	B2	093Y 183C 188 189 217 299 465 519	073 146 234R 263 309+C 315+C 499	15991-16569 / 001-628
13.1	MZ 034	B2	183C 189 193+C 217 381 519	073 263 309+CCC 315+C 499	16024-16569 / 001-576
13.1	TG AG 36	B2	183C 189 193+C 217 381 519	073 263 315+C 499	15878-16569 / 001-628
13.1	LQ 068	B2	183C 189 193+C 217 381 519	073 263 309+CC 315+C 499	16009-16569 / 001-628
13.1	MM 033	B2	183C 189 193+C 217 381 519	073 263 309+CC 315+C 499	16014-16569 / 001-628
13.1	MM 077	B2	183C 189 193+C 217 381 519	073 263 309+CC 315+C 499	16014-16569 / 001-628
13.1	MM Pur 30	B2	183C 189 193+C 217 381 519	073 263 309+C 315+C 499	16009-16569 / 001-628
13.1	MM Pur 41	B2	183C 189 193+C 217 381 519	073 263 309+CC 315+C 499	16009-16569 / 001-628
13.2	TG AG 34	B2	183C 189 193+C 217 381 474 519	073 263 309+C 315+C 499	15878-16569 / 001-628
13.3	LQ 082	B2	183C 189 193+C 217 456 519	073 199 227R 263 309+CC 315+C 499	16008-16569 / 001-628
13.3	LQ Cie 04	B2	183C 189 193+C 217 456 519	073 199 227 263 309+C 315+C 499	16009-16569 / 001-580
13.3	MM 036	B2	183C 189 193+C 217 456 519	073 199 227 263 309+C 315+C 499	16014-16569 / 001-628
13.4	TG BS 39	B2	183C 189 193+C 217 270 278 456 519	073 228 263 309+C 315+C 499	15878-16569 / 001-628
13.5	TG BS 44	B2	183C 189 193+C 217 311 390 519	073 263 309+CC 315+C 499	15878-16569 / 001-628
13.6	LQ Pr 31	B2	182C 183C 189 217 390 519	073 207 257 263 309+C 315+C 499 606	16009-16569 / 001-628
13.6	MM 078	B2	182M 183C 189 193+C 217 390 519	073 207 257 263 309+C 315+C 499 606	16014-16569 / 001-628

ID en la red	ID	Hg	Región Control 5' (+16000)	Región Control 3'	Rango de lectura
13.6	MM 128	B2	183C 189 193+C 217 390 519	073 207 257 263 309+C 315+C 499 606	16014-16569 / 001-628
13.7	SJ 078	B2	182C 183C 189 193+C 217 390 519	073 227 263 309+CC 315+C 499	15878-16569 / 001-628
13.8	SMA 029	B2	183C 189 193+C 217 292 519	063 064 066T 073 263 309+C 315+C 499	15878-16569 / 001-628
13.8	SMA 073	B2	183C 189 193+C 217 292 519	063 064 066T 073 263 309+C 315+C 499	15878-16569 / 001-628
13.9	MM 011	B2	176 182C 183C 189 193+C 217 256 356 362 519	073 215 263 309d 315+C 499 523dd	16014-16569 / 001-628
13.10	J35	B2	183C 189 193+C 217 256 288 519	073 185 263 309+CC 315+C 499	15878-16569 / 001-628
13.10	TG EA 07	B2	183C 189 193+C 217 256 288 519	073 185 263 309+C 315+C 499	15878-16569 / 001-628
13.10	LQ 036	B2	183C 189 193+C 217 256 288 519	073 185 263 309+CC 315+C 499	16009-16569 / 001-628
13.10	LQ 056	B2	183C 189 193+C 217 256 288 519	073 185 263 309+CC 315+C 499	16009-16569 / 001-628
13.10	LQ Cie 06	B2	183C 189 193+C 217 256 288 519	073 185 263 309+CC 315+C 499	16009-16569 / 001-628
13.10	MM 045	B2	183C 189 193+C 217 256 288 519	073 185 263 309+CC 315+C 499	16014-16569 / 001-628
13.10	MM 088	B2	183C 189 193+C 217 256 288 519	073 185 263 309+CC 315+C 499	16014-16569 / 001-628
13.11	TG BS 45	B2	000 179 183T 189 217 256 290 519 527	073 146 150 189 194 263 310 315d 499	15878-16569 / 001-628
14.1	TG 030	B2	183C 189 193+C 217 316 519	041 092 097 106-111d 263 309+CC 315+C 499 523dd	16024-16569 / 001-576
14.1	LQ 066	B2	183C 189 193+C 217 316 519	041 092 097 106-111d 263 309+CC 315+C 499 523dd	16009-16569 / 001-628
14.2	TG AG 17	B2	182C 183C 189 217 316 519	057G 073 260 263 309+CC 315+C 499 523dd 549 619	16024-16569 / 001-628
14.2	TG AG 26	B2	182C 183C 189 193+C 217 316 519	057G 073 260 263 309+CC 315+C 499 523dd 549 619	15878-16569 / 001-628
14.3	TG 142	B2	182C 183C 189 193+C 217 316 519	073 151 260 263 309+C 315+C 499 523dd	16024-16569 / 001-576
14.4	TG 134	B2	182C 183C 189 217 316 519	073 151 228 260 263 309+C 315+C 499 523dd	16024-16569 / 001-576
14.5	LQ 037	B2	182C 183C 189 193+C 217 316 512 519 542G	057G 073 151 152 260 263 310 315-318d 499 523dd	16009-16569 / 001-628
14.5	LQ 071	B2	182C 183C 189 193+C 217 316 512 519 542G	057G 073 151 152 260 263 310 315-318d 499 523dd	16009-16569 / 001-628
14.6	LQ 041	B2	183C 189 193+C 217 316 519	042+G 57G 073 151 263 293 309+CC 315+C 499 523dd	16009-16569 / 001-628
14.6	LQ 124	B2	183C 189 193+C 217 316 519	042+G 57G 073 151 263 293 309+CC 315+C 499 523dd	16008-16569 / 001-628
14.7	SJ 059	B2	093 183C 189 193+C 217 3 360 519	057G 073 151 152 207 211 263 309+CC 315+C 499 523dd	15878-16569 / 001-628
15.1	LQ 089	B2	181 182C 183C 189 217 261 311 519	073 114 258 263 309+CC 315+C 499 523dd	16008-16569 / 001-628
15.2	CAL 01	B2	183C 189 193+C 217 261 319 519	071+G 073 075 263 309+C 315+C 340 499	15878-16569 / 001-628
15.2	CAL 56	B2	183C 189 193+C 217 261 319 519	071+G 073 075 263 309+C 315+C 340 499	15878-16569 / 001-628
15.2	LQ 167	B2	183C 189 193+C 217 261 319 519	071+G 073 075 263 309+C 315+C 340 499	16008-16569 / 001-628
15.2	LQ Pr 29	B2	183C 189 193+C 217 261 319 519	071+G 073 075 263 315+C 340 499	16009-16569 / 001-628

ID en la red	ID	Hg	Región Control 5' (+16000)	Región Control 3'	Rango de lectura
15.3	LQ 008	B2	183C 189 193+C 217 261 319 362 519	071+G 073 263 309+CC 315+C 499	16009-16569 / 001-628
15.3	LQ 098	B2	183C 189 193+C 217 261 319 362 519	071+G 073 263 309+CC 315+C 499	16008-16569 / 001-628
15.3	LQ BS 02	B2	183C 189 193+C 217 261 319 362 519	071+G 073 263 309+CC 315+C 499	16008-16569 / 001-628
15.4	LQ Pr 01	B2	183C 189 193+C 217 261 319 362 519	071+G 073 189 263 309+CC 315+C 499	16008-16569 / 001-628
15.5	CHE 15	B2	183C 189 193+C 212 217 261 270 319 519	071+G 073 094 146Y 263 309+CC 315+C 499	15878-16569 / 001-628
15.6	LQ 045	B2	183C 189 193+C 212 217 261 319 519	065G 073 263 309+CC 315+C 499	16009-16569 / 001-628
15.7	J22	B2	182C 183C 189 212 217 261 319 335 519	065G 073 263 309+C 315+C 499	15878-16569 / 001-628
15.8	LQ 157	B2	182C 183C 189 212 217 261 319 335 519	065G 073 195Y 263 309+C 315+C 499	16008-16569 / 001-628
15.8	LQ Pr 08	B2	182C 183C 189 212 217 261 319 335 519	065G 073 195 263 309+C 315+C 499	16008-16569 / 001-628
15.9	LQ 016	B2	182C 183C 189 212 217 261 319 335 519 520	065G 073 195 263 309+C 315+C 499	16009-16569 / 001-628
15.10	MM 142	B2	183C 189 193+C 217 259 261 519 59	073 263 315+C 499	16014-16569 / 001-628
15.11	MZ 037	B2	142 183C 189 193+C 217 261 519	073 263 309+C 315+C 499	16024-16569 / 001-576
15.11	SJ 004	B2	142 182C 183C 189 217 261 519	073 263 309+C 315+C 499	15878-16569 / 001-628
15.11	L 069	B2	142 183C 189 193+C 217 261 519	073 263 309+C 315+C 499	16024-16569 / 001-576
15.12	MZ 142	B2	142 183C 189 193+C 217 519	073 263 309+C 315+C 499	16024-16569 / 001-576
15.13	SJ 068	B2	142 183C 189 193+C 217 519	073 152 263 309+C 315+C 499	15878-16569 / 001-628
15.14	TG EA 18	B2	142 183C 189 193+C 217 304 519	073 263 309+C 315+C 499	15878-16569 / 001-628
15.15	SMA 151	B2	142 182C 183C 189 193+C 217 325 519	073 195 263 309+CC 315+C 499	15878-16569 / 001-628
15.15	SMA 152	B2	142 182C 183C 189 217 325 519	073 195 263 309+CC 315+C 499	15878-16569 / 001-628
15.16	SJ 080	B2	142 182C 183C 189 193+C 217 325 519	073 195 263 309+CC 315+C 499 523	15878-16569 / 001-628
15.17	Be 038	B2	142 182C 183C 189 193+C 217 222 293 519	073 195 247 263 310 314- 315- 499	15878-16569 / 001-628
15.17	SJ 034	B2	142 182C 183C 189 193+C 217 222 293 519	073 195 247 263 310 314- 315- 499	15878-16569 / 001-628
15.17	L sal 08	B2	142 182C 183C 189 193+C 217 222 293 519	073 195 247 263 310 314d 315d 499	15898-16569 / 001-628
15.18	LR020	B2	142 183C 189 193+C 217 222 293 319 519	073 195 247 263 310 314d 315d 499	15878-16569 / 001-628
15.18	LR043	B2	142 183C 189 193+C 217 222 293 319 519	073 195 247 263 310 314d 315d 499	15878-16569 / 001-628
15.18	SJ 065	B2	142 183C 189 193+C 217 222 293 319 519	073 195 247 263 310 314- 315- 499	15878-16569 / 001-628
15.18	SMA 039	B2	142 183C 189 193+C 217 222 293 319 519	073 195 247 263 310 314d 315d 499	15878-16569 / 001-628
15.18	SJS 11	B2	142 183C 189 193+C 217 222 293 319 519	073 195 247 263 310 314d 315d 499	15878-16569 / 001-628
15.18	SJS 17	B2	142 183C 189 193+C 217 222 293 319 519	073 195 247 263 310 314d 315d 499	15878-16569 / 001-628

ID en la red	ID	Hg	Región Control 5' (+16000)	Región Control 3'	Rango de lectura
15.18	TG 133	B2	142 182C 183C 189 193+C 217 222 293 319 519	073 195 247 263 310 314d 315d 499	16024-16569 / 001-576
15.18	LQ Cie 09	B2	142 182C 183C 189 193+C 217 222 293 319 519	073 195 247 263 310 314-315d 499	16009-16569 / 001-628
15.19	LR145	B2	142 183C 189 193+C 217 222 293 319 519	073 195 247 263 310 315d 499	15878-16569 / 001-628
15.19	SJ JA 09	B2	142 183C 189 193+C 217 222 293 319 519	073 195 247 263 310 315- 499	15878-16569 / 001-628
15.19	SMA 149	B2	142 183C 189 193+C 217 222 293 319 519	073 195 247 263 310 315d 499	15878-16569 / 001-628
15.19	LQ Pr 34	B2	142 183C 189 193+C 217 222 293 319 519	073 195 247 263 310 315d 499	16009-16569 / 001-628
15.20	SJ JA 08	B2	142 183C 189 193+C 217 519	073 195 263 309+CC 315+C 499 573+C	15878-16569 / 001-628
15.21	LR146	B2	142 183C 189 193+C 217 519	073 195 263 309+CC 315+C 499 573+CCC	15878-16569 / 001-576
15.22	LR BS 43	B2	142 183C 189 193+C 217 519	073 195 263 309+CC 315+C 499 573+CCCCC	15878-16569 / 001-576
15.23	Be 055	B2	092 142 183C 189 193+C 217 519	073 146 198 263 309+C 315+C 499	15878-16569 / 001-628
16.1	LQ Pr 03	B2	129 183C 189 193+C 217 519	073 146 263 309+CCC 315+C 499 545	16008-16569 / 001-628
16.2	MM 063	B2	129 183C 189 193+C 217 519	073 143 263 315+C 499 523dd	16014-16569 / 001-628
16.3	Be 084	B2	183C 189 193+C 217 519	073 152 263 315+C 499	15878-16569 / 001-628
16.4	TG 011	B2	153 183C 189 193+C 217 519	073 152 263 309+C 315+C 499	16024-16569 / 001-576
16.5	LQ Pr 21	B2	183C 189 193+C 217 519	073 195 263 309+CC 315+C 499	16008-16569 / 001-628
16.5	MM 085	B2	183C 189 193+C 217 519	073 195 263 309+CC 315+C 499	16014-16569 / 001-628
16.5	MM Tum 02	B2	182M 183C 189 193+C 217 519	073 195 263 309+C 315+C 499	16009-16569 / 001-628
16.6	MM 097	B2	183C 189 193+C 217 519	073 150 195 263 309+CCC 315+C 499	16014-16569 / 001-628
16.7	TG BS 54	B2	182C 183C 189 217 519	046 073 146 263 309+CC 309.3C 315+C 499	15878-16569 / 001-628
16.8	MM 051	B2	183C 189 193+C 217 519	046G 073 146 152 189 195 263 315+C 499 595A	16014-16569 / 001-628
16.9	TG AG 01	B2	183C 189 193+C 217 319 360 519	073 146 263 309+C 315+C 499	15930-15569 / 001-576
16.10	SJS 02	B2	172 182C 183C 189 217 380 519	061A 062 064 073 146 263 315+C 499	15878-16569 / 001-628
16.11	TG 125	B2	182C 183C 189 217 294 519	073 263 309+C 315+C 499 573+C	16024-16569 / 001-576
16.12	MM 004	B2	093 183C 189 193+C 217 519	073 263 315+C 499	16014-16569 / 001-628
16.13	TG AG 21	B2	092 183C 189 193+C 217 519	073 263 309+C 315+C 499	15878-16569 / 001-628
16.14	TG 002	B2	183C 189 193+C 217 519	073 263 315+C 499 524+AC	16024-16569 / 001-576
16.15	LQ Pr 13	B2	183C 189 193+C 217 519	073 214 263 309+C 315+C 499 573+CCC 573.4C	16008-16569 / 001-604
16.16	LQ 006	B2	172 183C 189 193+C 217 310 519	073 139 263 309+CC 315+C 499	16009-16569 / 001-628
16.17	BeP 13	B2	15952 183C 189 193+C 217 311 519	073 263 315+C 499	15878-16569 / 001-628

ID en la red	ID	Hg	Región Control 5' (+16000)	Región Control 3'	Rango de lectura
16.17	TG 003	B2	15952 183C 189 193+C 217 311 519	064Y 073 263 315+C 499	15878-16569 / 001-576
16.17	TG BS 03	B2	15952 183C 189 193+C 217 311 519	073 263 315+C 499	15878-16569 / 001-628
16.17	LQ 094	B2	183C 189 193+C 217 311 519	073 263 315+C 499	16008-16569 / 001-608
16.17	LQ 115	B2	183C 189 193+C 217 311 519	073 263 315+C 499	16008-16569 / 001-628
16.17	LQ 127	B2	183C 189 193+C 217 311 519	073 263 315+C 499	16008-16569 / 001-628
16.17	LQ 151	B2	183C 189 193+C 217 311 519	073 263 315+C 499	16008-16569 / 001-628
16.17	MM 009	B2	183C 189 193+C 217 311 519	073 263 315+C 499	16014-16569 / 001-628
16.17	MM 065	B2	183C 189 193+C 217 311 519	073 263 315+C 499	16014-16569 / 001-628
16.18	TG BS 21	B2	179A 183C 189 193+C 217 311 519	073 263 309+C 315+C 430 485 499 524+AC	15878-16569 / 001-628
16.19	MZ 015	B2	183C 189 193+C 217 266 519	073 186 263 309+CC 315+C 499	16024-16569 / 001-576
16.20	LQ 123	B2	182C 183C 189 193+C 217 519	073 263 310 314d 315d 499 573+CCC	16008-16569 / 001-604
17.1	Be 067	C1b	223 298 325 327	073 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
17.1	J47	C1b	223 298 325 327	073 249d 263 290dd 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
17.1	LR170	C1b	223 298 325 327	073 249d 263 290dd 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
17.1	MZ 146	C1b	223 298 325 327	073 249d 263 290dd 315+C 489 493 523dd	16024-16569 / 001-576
17.1	SMA 146	C1b	223 298 325 327	073 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
17.1	TG 096	C1b	223 298 325 327	073 249d 263 290dd 315+C 489 493 523dd	16024-16569 / 001-576
17.1	L 046	C1b	223 298 325 327	073 249d 263 290dd 315+C 489 493 523dd	16024-16569 / 001-576
17.1	L 048	C1b	223 298 325 327	073 249d 263 290dd 315+C 489 493 523dd	16024-16569 / 001-576
17.1	L 073	C1b	223 298 325 327	073 249d 263 290dd 315+C 489 493 523dd	16024-16569 / 001-576
17.1	LQ 097	C1b	223 298 325 327	073 249d 263 290dd 315+C 489 493 523dd	15991-16569 / 001-628
17.2	SMA 030	C1b	223 298 325 327	073 204 207 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
17.3	CHE 01	C1b	223 298 325 327 519	073 150 207 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
17.3	CHE 10	C1b	223 298 325 327 519	073 150 207 249d 263 290dd 309+CC 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
17.4	TG BS 18	C1b	223 260 261 298 311 325 327 519	073 207 249d 263 290dd 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
17.5	MM 020	C1b	000 209 223 243 298 325 327 362 519	073 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15991-16569 / 001-628
17.6	SMA 032	C1b	000 209 223 243 298 325 362 519	073 249d 263 290dd 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
17.7	MM 067	C1b	157 209 223 298 325 327	073 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15991-16569 / 001-628
17.7	MM Tum 14	C1b	157 209 223 298 325 327	073 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15991-16569 / 001-628

ID en la red	ID	Hg	Región Control 5' (+16000)	Región Control 3'	Rango de lectura
17.8	TG 032	C1b	223 270 298 325 327	073 214 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	16024-16569 / 001-576
17.9	LR BS 01	C1b	223 270 298 325 327 527	073 146 214 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
17.9	SJ 047	C1b	223 270 298 325 327 527	073 146 214 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
17.10	CAL 02	C1b	223 298 325 327	073 249d 258 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
17.10	CAL 26	C1b	223 298 325 327	073 249d 258 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
17.10	CAL 41	C1b	223 298 325 327	073 249d 258 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
17.10	CAL 60	C1b	223 298 325 327	073 249d 258 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
17.10	LR035	C1b	223 298 325 327	073 249d 258 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
17.10	MZ 039	C1b	223 298 325 327	073 249d 258 263 290dd 315+C 489 493 523dd	16024-16569 / 001-576
17.10	L sal 14	C1b	223 298 325 327	073 249d 258 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15898-16569 / 001-628
17.11	CAL 20	C1b	223 298 325 327	073 249d 258 263 290dd 309+CC 315+C 489 493	15878-16569 / 001-628
17.11	CAL 35	C1b	223 298 325 327	073 249d 258 263 290dd 309+CC 315+C 489 493	15878-16569 / 001-628
17.11	SJ 001	C1b	223 298 325 327	073 249d 258 263 290dd 309+C 315+C 489 493	15878-16569 / 001-628
17.12	CHE 02	C1b	223 294 298 325 327	073 249d 258 263 290dd 309+C 315+C 489 493	15878-16569 / 001-628
17.12	MM 136	C1b	223 294 298 325 327	073 249d 258 263 290dd 309+CC 315+C 489 493	15991-16569/ 001-628
17.13	MZ 064	C1b	051 223 298 325 327	073 249d 258 263 290dd 315+C 489 493 523dd	16024-16569 / 001-576
17.14	MZ 111	C1b	223 298 311 325 327	073 249d 258 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	16024-16569 / 001-576
17.14	L 023	C1b	223 298 311 325 327	073 249d 258 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	16024-16569 / 001-576
17.15	L 075	C1b	223 298 325 327 335	073 249d 258 263 290dd 315+C 489 493 523dd	16024-16569 / 001-576
17.16	BeP 03	C1b	183C 189 193+C 223 298 311 325 327 519	073 249d 263 290dd 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
17.16	SMA 050	C1b	183C 189 193+C 223 298 311 325 327 519	064Y 073 249d 263 290dd 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
17.16	SMA 070	C1b	183C 189 193+C 223 298 311 325 327 519	073 249d 263 290dd 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
17.16	SMA 074	C1b	183C 189 193+C 223 298 311 325 327 519	073 249d 263 290dd 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
17.16	LQ 158	C1b	183C 189 193+C 223 298 311 325 327 519	073 249d 263 290dd 309+CC 315+C 489 493 523dd	16008-16569 / 001-628
17.16	MM 017	C1b	183C 189 193+C 223 298 311 325 327 519	073 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	16014-16569 / 001-628
17.16	MM Tum 08	C1b	182M 183C 189 193+C 223 298 311 325 327 519	073 249d 263 290dd 309+CC 315+C 489 493 523dd	16014-16569 / 001-628
17.17	SMA 135	C1b	182 183C 189 193+C 223 298 311 325 327 519	073 249d 263 290dd 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
17.18	J14	C1b	092 223 298 325 327	073 249d 263 290dd 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
17.18	MZ 057	C1b	092 223 298 325 327	073 249d 263 290dd 315+C 489 493 523dd	16024-16569 / 001-576

ID en la red	ID	Hg	Región Control 5' (+16000)	Región Control 3'	Rango de lectura
17.18	SMA 091	C1b	092 223 298 325 327	073 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
17.19	SMA 116	C1b	086 092 223 298 325 327	073 249d 263 290dd 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
17.19	SJS 04	C1b	086 092 223 298 325 327	073 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
17.20	MM 099	C1b	092 223 298 325 327 400 463 519	046G 059A 061 062T 073 249d 263 290dd 315+C 489 493 523dd 593	15991-16569 / 001-628
17.21	SJ 089	C1b	092 223 298 325 327 526	073 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
17.22	L 102	C1b	092 223 298 325 327 526	073 146 249d 263 290dd 309+CC 315+C 489 493 523dd	16024-16569 / 001-576
17.23	CHE 45	C1b	223 298 325 327	073 194 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
17.23	CHE 53	C1b	223 298 325 327	073 194 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
17.23	LR046	C1b	223 298 325 327	073 194 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
17.23	LR BS 07	C1b	223 298 325 327	073 194 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
17.23	MZ 144	C1b	223 298 325 327	073 194 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	16024-16569 / 001-576
17.24	TG BS 34	C1b	223 298 325 327 390	073 150 194 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493	15878-16569 / 001-628
17.24	L 081	C1b	223 298 325 327 390	073 150 194 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493	16024-16569 / 001-576
18.1	Be 026	C1b	223 298 325 327	073 146 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
18.1	CHE 57	C1b	223 298 325 327	073 146 249d 263 290dd 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
18.1	LR022	C1b	223 298 325 327	073 146 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
18.1	SJ 048	C1b	223 298 325 327	073 146 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
18.1	SJ 058	C1b	223 298 325 327	073 146 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
18.2	CAL Sal 07	C1b	15924 156 223 298 325 327	073 146 207 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
18.3	Be 036	C1b	223 298 325 327 519	073 146 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
18.3	Be 097	C1b	223 298 325 327 519	073 146 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
18.3	CHE 75	C1b	223 298 325 327 519	073 146 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
18.3	J08	C1b	223 298 325 327 519	073 146 249d 263 290dd 309+CC 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-576
18.3	LR014	C1b	223 298 325 327 519	073 146 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
18.3	MZ 068	C1b	223 298 325 327 519	073 146 249d 263 290dd 315+C 489 493 523dd	16024-16569 / 001-576
18.3	MZ 087	C1b	223 298 325 327 519	073 146 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	16024-16569 / 001-576
18.3	SMA 019	C1b	223 298 325 327 519	073 146 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
18.3	SMA 145	C1b	223 298 325 327 519	073 146 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
18.3	TG 008	C1b	223 298 325 327 519	073 146 249d 263 290dd 309+CC 315+C 489 493 523dd	16024-16569 / 001-576

ID en la red	ID	Hg	Región Control 5' (+16000)	Región Control 3'	Rango de lectura
18.3	TG 075	C1b	223 298 325 327 519	073 146 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	16024-16569 / 001-576
18.3	TG 107	C1b	223 298 325 327 519	073 146 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	16024-16569 / 001-576
18.3	TG BS 31	C1b	223 298 325 327 519	073 146 249d 263 290dd 309+CC 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
18.3	TG EA 13	C1b	223 298 325 327 519	073 146 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
18.3	L sal 10	C1b	223 298 325 327 519	073 146 249d 263 290dd 315+C 489 493 523dd	15898-16569 / 001-628
18.3	MM 021	C1b	223 298 325 327 519	073 146 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15991-16569/ 001-628
18.3	MM 100	C1b	223 298 325 327 519	073 146 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15991-16569/ 001-628
18.4	LR027	C1b	223 235 298 325 327 519	073 146 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
18.5	SJ 094	C1b	223 298 325 327 519	073 146 152 249d 263 290dd 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
18.6	CHE 31	C1b	136 223 298 325 327 519	073 146 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
18.6	J01	C1b	136 223 298 325 327 519	073 146 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
18.6	MZ 017	C1b	136 223 298 325 327 519	073 146 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	16024-16569 / 001-576
18.6	SJ 029	C1b	136 223 298 325 327 519	073 146 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
18.7	LR041	C1b	136 223 298 325 327 519	073 146 152 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
18.8	TG 136	C1b	136 223 298 325 327 519	073 146 150 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	16024-16569 / 001-576
18.9	SJ 067	C1b	136 223 298 311 325 327 519	073 146 150 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
18.9	SJ 069	C1b	136 223 298 311 325 327 519	073 146 150 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
18.10	CHE 05	C1b	136 223 256 298 325 327 519	073 146 153 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd 549	15878-16569 / 001-628
18.10	CHE 50	C1b	136 223 256 298 325 327 519	073 146 153 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd 549	15878-16569 / 001-628
18.10	LR030	C1b	136 223 256 298 325 327 519	073 146 153 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd 549	15878-16569 / 001-628
18.10	LR075	C1b	136 223 256 298 325 327 519	073 146 153 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd 549	15878-16569 / 001-628
18.10	SJ 024	C1b	136 223 256 298 325 327 519	073 146 153 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd 549	15878-16569 / 001-628
18.10	SJ 031	C1b	136 223 256 298 325 327 519	073 146 153 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd 549	15878-16569 / 001-628
18.10	TG 105	C1b	136 223 256 298 325 327 519	073 146 153 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd 549	16024-16569 / 001-576
18.10	TG BS 17	C1b	136 223 256 298 325 327 519	073 146 153 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd 549	15878-16569 / 001-628
18.11	TG AG 44	C1b	223 298 325 327 519	073 146 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd 574	15878-16569 / 001-628
18.12	TG 078	C1b	223 298 325 327 344 519	062 068 073 146 194 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	16024-16569 / 001-576
18.13	SJ 102	C1b	223 298 325 327 519	073 146 214 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
18.14	L 047	C1b	183C 189 193+C 223 298 325 327	073 146 235 249d 263 290dd 315+C 489 493 523dd	16024-16569 / 001-576

ID en la red	ID	Hg	Región Control 5' (+16000)	Región Control 3'	Rango de lectura
18.15	LQ Pr 24	C1b	189 223 298 325 327	073 146 183 235 249d 263 290dd 315+C 489 493 523dd	16008-16569 / 001-628
18.16	L 027	C1b	129 183C 189 193+C 223 298 325 327	073 146 235 249d 263 290dd 315+C 489 493 523dd	16024-16569 / 001-576
19.1	CHE 18	C1b	145 192 223 298 325 327 519	073 214 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
19.1	CHE 33	C1b	145 192 223 298 325 327 519	073 214 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
19.1	LR005	C1b	145 192 223 264Y 298 325 327 519	073 214 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
19.2	LQ Pr 32	C1b	145 192 218 223 298 325 327 519	073 214 249d 263 290dd 309+CC 315+C 489 493 523dd	15991-16569 / 001-615
19.2	MM 053	C1b	145 192 218 223 298 325 327 519	073 214 249d 263 290dd 309+CC 315+C 489 493 523dd	15991-16569 / 001-628
19.3	LQ 116	C1b	145 223 298 311 325 327 519	073 214 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15991-16569 / 001-628
19.4	TG 099	C1b	173 192 223 298 325 327 346 519	073 204 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	16024-16569 / 001-576
19.5	SJ 084	C1b	144 192 223 291 298 325 327 362	073 249d 263 290dd 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
19.5	L 062	C1b	144 189Y 192 223 291 298 325 327 362	073 249d 263 290dd 315+C 489 493 523dd	16024-16569 / 001-576
19.6	SJ 087	C1b	192 223 298 311Y 325 327 356	073 207 249d 263 290dd 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
19.7	SJ 042	C1b	15977 192 209 223 274 298 311 325 327	073 201 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
19.8	Be 079	C1b	093 192 223 298 325 327	073 201 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
19.8	CAL 05	C1b	093 192 223 298 325 327	073 201 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
19.8	CAL 14	C1b	093 192 223 298 325 327	073 201 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
19.8	CAL 17	C1b	093 192 223 298 325 327	073 201 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
19.8	CAL 25	C1b	093Y 192 223 298 325 327	073 201 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
19.8	CAL 32	C1b	093 192 223 298 325 327	073 201 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
19.8	CAL 33	C1b	093 192 223 298 325 327	073 201 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
19.8	CAL 37	C1b	093 192Y 223 298 325 327	073 201 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
19.8	CAL 39	C1b	093 192 223 298 325 327	073 201 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
19.8	CAL 43	C1b	093 192 223 298 325 327	073 201 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-576
19.8	CAL 59	C1b	093 192 223 298 325 327	073 201 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
19.8	CAL Sal 03	C1b	093 192 223 298 325 327	073 201 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
19.8	CAL Sal 04	C1b	093 192 223 298 325 327	073 201 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-576
19.8	CAL Sal 08	C1b	093 192 223 298 325 327	073 201 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
19.8	CHE 13	C1b	093 192 223 298 325 327	073 201 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
19.8	CHE 22	C1b	093 192 223 298 325 327	073 201 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628

ID en la red	ID	Hg	Región Control 5' (+16000)	Región Control 3'	Rango de lectura
19.8	SJ 025	C1b	093 192 223 298 325 327	073 201 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
19.8	SJ 037	C1b	093 192 223 298 325 327	073 201 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
19.8	SJ 043	C1b	093 192 223 298 325 327	073 201 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
19.8	SJ 061	C1b	093 192 223 298 325 327	073 201 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
19.8	SJ 092	C1b	093 192 223 298 325 327	073 201 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
19.8	SJ 095	C1b	093 192 223 298 325 327	073 201 249d 263 290dd 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
19.8	SJ JA 01	C1b	093 192 223 298 325 327	073 201 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
19.8	SJ JA 02	C1b	093 192 223 298 325 327	073 201 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
19.8	SJ JA 06	C1b	093 192 223 298 325 327	073 201 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
19.8	SMA 003	C1b	093 192 223 298 325 327	073 201 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
19.8	SMA 024	C1b	093Y 192 223 298 325 327	073 201 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
19.8	SMA 040	C1b	093 192 223 298 325 327	073 201 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
19.8	SMA 078	C1b	093 192 223 298 325 327	073 201 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
19.8	SMA 086	C1b	093 192 223 298 325 327	073 201 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
19.8	SMA 127	C1b	093 192 223 298 325 327	073 201 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
19.8	SJS 08	C1b	093 192 223 298 325 327	073 201 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
19.8	L 029	C1b	093 192 223 298 325 327	073 201 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	16024-16569 / 001-576
19.8	MM Tum 09	C1b	093 192 223 298 325 327	073 201 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15991-16569/ 001-628
19.9	MM Pur 36	C1b	093 192 223 298 325 327	073 198 201 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15991-16569/ 001-628
19.10	SMA 132	C1b	093 189 192 223 298 325 327	073 201 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
20.1	LQ 002	C1b	223 298 325 327 354 356	073 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15991-16569/ 001-628
20.2	LQ 018	C1b	223 298 325 327	060 073 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	16009-16569 / 001-628
20.3	LQ 069	C1b	150 169 223 298 325 327	073 143 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15991-16569/ 001-628
20.4	MM 047	C1b	179 223 298 325 327 381	073 143 200 249d 263 290dd 315+C 316 489 493 523dd	15991-16569/ 001-628
20.5	CAL 06	C1b	15924 086 223 325 327 519	073 143 152 249d 263 290dd 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
20.6	CAL Sal 10	C1b	223 298 325 327	073 152 249d 263 290dd 309+CC 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
20.7	J21	C1b	111 223 298 325 327 368	018 073 152 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-576
20.8	TG AG 29	C1b	223 298 325 327 399	073 195 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
20.9	L 025	C1b	223 239 298 325 327	073 195 249d 263 290dd 315+C 489 493 523dd	16024-16569 / 001-576

ID en la red	ID	Hg	Región Control 5' (+16000)	Región Control 3'	Rango de lectura
20.10	TG 121	C1b	193 223 298 325 327	073 150 249d 263 290dd 315+C 489 493 523dd	16024-16569 / 001-576
20.11	L 003	C1b	171 223 298 325 327	073 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15898-16569 / 001-628
20.12	Be 085	C1b	129 223 298 325 327	073 249d 263 290dd 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
20.12	Be 103	C1b	129 223 298 325 327	073 249d 263 290dd 315+C 489 493 523dd	15878-16569 / 001-628
20.13	MZ 140	C1b	093 129 223 298 300 325 327 362	073 242 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	16024-16569 / 001-576
20.14	MZ 040	C1b	15904 223 297 298 325 327 362	073 228T 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	15904-16569 / 001-576
20.15	TG 040	C1b	223 298 325 327 384	073 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 493 523dd	16024-16569 / 001-576
21.1	TG 062	C1c	15930 223 298 325 327 526	073 146 195 249d 263 290dd 309+C 315+C 489	15930-15969 / 001- 576
21.2	LQ Pr 22	C1c	126 223 298 325 327 483	073 143 249d 263 290dd 309+CC 315+C 489	16008-16569 / 001-628
21.3	L 051	C1c	15930 223 298 311 325 327 368 390	073 151 152 249d 263 290dd 309+C 315+C 489	15930-16569 / 001-576
21.3	L 057	C1c	15930 223 298 311 325 327 368 390	073 151 152 249d 263 290dd 309+C 315+C 489	15930-16569 / 001-576
21.3	L 099	C1c	15930 223 298 311 325 327 368 390	073 151 152 249d 263 290dd 315+C 489	15930-16569 / 001-576
21.4	TG AG 03	C1c	15930 071 092 223 298 311 325 327 368 390	073 151 152 249d 263 290dd 309+C 315+C 489	15930-15969 / 001- 576
21.4	TG AG 12	C1c	15930 071 092 223 298 311 325 327 368 390	073 151 152 249d 263 290dd 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
21.5	Be 032	C1c	15930 223 298 311 325 327	073 215 228 249d 263 290dd 294 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
21.5	Be 078	C1c	15930 223 298 311 325 327	073 215 228 249d 263 290dd 294 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
21.5	Be 088	C1c	15930 223 298 311 325 327	073 215 228 249d 263 290dd 294 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
21.5	Be 091	C1c	15930 223 298 311 325 327	073 215 228 249d 263 290dd 294 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
21.6	SJ 016	C1c	15930 223 298 325 327	073 249d 263 290dd 315+C 489 523dd	15878-16569 / 001-628
21.6	TG AG 43	C1c	15930 223 298 325 327	073 249d 263 290dd 315+C 489 523dd	15878-16569 / 001-628
21.7	MZ Sal 02	C1c	15930 223 298 325 327	073 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 523dd	15878-16569 / 001-628
21.7	SJ 060	C1c	15930 223 298 325 327	073 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 523dd	15878-16569 / 001-628
21.7	L 098	C1c	15930 223 298 325 327	073 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 523dd	15930-16569 / 001-576
21.8	TG AG 46	C1c	15930 223 298 325 327 519	073 207 249d 263 290dd 309+C 315+C 462 489	15878-16569 / 001-628
21.9	LQ Pr 35	C1c	223 304 325 327 400 519	073 249d 263 290dd 309+CC 315+C 489	15991-16569 / 001-628
21.9	MM 073	C1c	223 304 325 327 400 519	073 249d 263 290dd 309+CC 315+C 489	15991-16569 / 001-628
21.9	MM 079	C1c	223 304 325 327 400 519	073 249d 263 290dd 309+CC 315+C 489	15991-16569 / 001-628
21.10	LQ 112	C1c	189 223 298 304 325 327 519	073 152 195 249d 263 290dd 315+C 489	16008-16569 / 001-628
21.10	LQ 140	C1c	189 223 298 304 325 327 519	073 152 195 249d 263 290dd 315+C 489	16008-16569 / 001-628

ID en la red	ID	Hg	Región Control 5' (+16000)	Región Control 3'	Rango de lectura
21.10	MM 133	C1c	189 223 298 304 325 327 519	073 152 195 249d 263 290dd 315+C 489	16014-16569 / 001-628
21.10	MM Pur 16	C1c	189 223 298 304 325 327 519	073 152 195 249d 263 290dd 315+C 489	16009-16569 / 001-628
21.11	SMA 108	C1c	15930 145 169 223 298 325 327 519	073 249d 263 290dd 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
21.12	BeLo 31	C1c	15930 145 169 223 298 325 327 519	042+A 073 249d 263 290dd 315+C 489	15878-16569 / 001-628
21.12	SMA 120	C1c	15930 145 169 223 298 325 327 519	042+A 073 249d 263 290dd 315+C 489	15878-16569 / 001-628
21.12	SMA 148	C1c	15930 145 169 223 298 325 327 519	042+A 073 249d 263 290dd 315+C 489	15878-16569 / 001-628
21.13	TG AG 56	C1c	15930 093Y 145 169 223 274 298 325 327 519	073 249d 263 290dd 309+CC 315+C 489	15878-16569 / 001-628
21.14	TG 017	C1c	15930 169 192A 209 223 298 325 327 519	073 249d 263 290dd 309+C 315+C 489	15930-15969 / 001- 576
21.14	TG 039	C1c	15930 169 192A 209 223 298 325 327 519	073 249d 263 290dd 309+C 315+C 489	15930-15969 / 001- 576
21.14	TG BS 06	C1c	15930 129R 169 192A 209 223 298 325 327 519	073 249d 263 290dd 309+C 315+C 489	15930-15969 / 001- 576
21.15	TG AG 45	C1c	15930 169 189 192A 209 223 298 325 327 519	073 249d 263 290dd 309+CC 315+C 489	15878-16569 / 001-628
21.16	TG 138	C1c	15930 15944d 169 192A 209 223 298 325 327 519	073 196 249d 263 290dd 309+CC 315+C 489	15930-15969 / 001- 576
21.16	MM Pur 39	C1c	169 192A 209 223 298 325 327 519	073 196 249d 263 290dd 309+C 315+C 489	15991-16569/ 001-628
21.17	MZ 114	C1c	15930 129 223 261 298 325 327 519	073 152 249d 263 290dd 309+C 315+C 489	15930-16569 / 001-576
21.18	TG 080	C1c	15930 189 223 298 325 327 519	073 195 249d 263 290dd 315+C 489	15930-15969 / 001- 576
22.1	CAL 44	C1d	051 223 298 325 327	073 194 195 249d 263 290dd 315+C 489 523dd	15878-16569 / 001-628
22.1	CAL 48	C1d	051 223 298 325 327	073 194 195 249d 263 290dd 315+C 489 523dd	15878-16569 / 001-628
22.1	CAL 52	C1d	051 223 298 325 327	073 194 195 249d 263 290dd 315+C 489 523dd	15878-16569 / 001-628
22.1	LR055	C1d	051 223 298 325 327	073 194 195 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 523dd	15878-16569 / 001-628
22.1	LR099	C1d	051 223 298 325 327	073 194 195 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 523dd	15878-16569 / 001-628
22.1	LR189	C1d	051 223 298 325 327	073 194 195 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 523dd	15878-16569 / 001-628
22.1	MZ 019	C1d	051 223 298 325 327	073 194 195 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 523dd	16024-16569 / 001-576
22.1	MZ 116	C1d	051 223 298 325 327	073 194 195 249d 263 290dd 315+C 489 523dd	16024-16569 / 001-576
22.1	SJ 014	C1d	051 223 298 325 327	073 194 195 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 523dd	15878-16569 / 001-628
22.1	SJ 050	C1d	051 223 298 325 327	073 194 195 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 523dd	15878-16569 / 001-628
22.1	SJ 053	C1d	051 223 298 325 327	073 194 195 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 523dd	15878-16569 / 001-628
22.1	SJ JA 12	C1d	051 223 298 325 327	073 194 195 249d 263 290dd 315+C 489 523dd	15878-16569 / 001-628
22.1	SMA 110	C1d	051 223 298 325 327	073 194Y 195 249d 263 290dd 315+C 489 523dd	15878-16569 / 001-628
22.1	SMA 138	C1d	051 223 298 325 327	073 194 195 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 523dd	15878-16569 / 001-628

<b>ID en la red</b>	<b>ID</b>	<b>Hg</b>	<b>Región Control 5' (+16000)</b>	<b>Región Control 3'</b>	<b>Rango de lectura</b>
22.2	J06	C1d	051 298 325 327	073 194 195 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 523dd	15878-16569 / 001-628
22.2	LR090	C1d	051 298 325 327	073 194 195 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 523dd	15878-16569 / 001-628
22.2	LR BS 05	C1d	051 298 325 327	073 194 195 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 523dd	15878-16569 / 001-628
22.2	SJ sal 1	C1d	051 093Y 298 325 327	073 194 195 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 523dd	15878-16569 / 001-628
22.2	SMA 044	C1d	051 298 325 327	073 189R 194 195 249d 263 290dd 315+C 489 523dd	15878-16569 / 001-628
22.2	TG 140	C1d	051 298 325 327	073 194 195 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 523dd	16024-16569 / 001-576
22.3	TG 104	C1d	051 223 259 271 298 311 325 327	073 194 195 249d 263 290dd 315+C 489 523dd	16024-16569 / 001-576
22.3	LQ Pr 02	C1d1b	051 223 259 271 298 311 325 327	073 194 195 249d 263 290dd 315+C 489 523dd	16008-16569 / 001-628
22.3	MM 064	C1d1b	051 223 259 271 298 311 325 327	073 194 195 249d 263 290dd 315+C 489 523dd	15991-16569 / 001-628
22.4	SJ 056	C1d	051 223 298 325 327	073 194 195 204 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 523dd	15878-16569 / 001-628
22.4	SMA 075	C1d	051 223 298 325 327	073 194 195 204 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 523dd	15878-16569 / 001-628
22.4	SMA 088	C1d	051 223 298 325 327	073 194 195 204 249d 263 290dd 315+C 489 523dd	15878-16569 / 001-628
22.4	SMA 118	C1d	051 223 298 325 327	073 194 195 204 249d 263 290dd 315+C 489 523dd	15878-16569 / 001-628
22.4	SMA 131	C1d	051 223 298 325 327	073 194 195 204 249d 263 290dd 315+C 489 523dd	15878-16569 / 001-628
22.4	SMA 150	C1d	051 223 298 325 327	073 194 195 204 249d 263 290dd 309+CC 315+C 489 523dd	15878-16569 / 001-628
22.4	TG 014	C1d	051 223 298 325 327	073 194 195 204 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 523dd	16024-16569 / 001-576
22.5	J07	C1d	051 223 298 325 327	073 150 194 195 204 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 523dd	15878-16569 / 001-628
22.5	TG EA 21	C1d	051 223 298 325 327	073 150 194 195 204 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 523dd	15878-16569 / 001-628
22.6	SJ 074	C1d	051 223 298 325 327	073 195 204 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 523dd	15878-16569 / 001-628
22.7	MZ 130	C1d	051 223 298 325 327	073 152 195 204 249d 263 290dd 309+C 315+C 478 489 523dd	16024-16569 / 001-576
22.8	LR067	C1d	051 223 298 325 327	073 194 195 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 523dd 573+CC	15878-16569 / 001-576
22.8	LR119	C1d	051 223 298 325 327	073 194 195 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 523dd 573+CC	15878-16569 / 001-576
22.9	SMA 067	C1d	051 223 298 325 327 519	073 194 195 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 523dd 573+CC	15878-16569 / 001-628
22.10	L 091	C1d	051 223 298 325 327	073 195 200 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 523dd	16024-16569 / 001-576
22.11	CAL 40	C1d	051 223 249 298 325 327	073 194 199 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 523dd	15878-16569 / 001-628
22.11	SJ 082	C1d	051 223 249 298 325 327	073 194 199 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 523dd	15878-16569 / 001-628
22.12	SJ JA 13	C1d	051 172 223 298 325 327	073 194 249d 263 290dd 309+CC 315+C 489 523dd	15878-16569 / 001-628
22.13	L 082	C1d	15924 051 223 298 320 325 327 344 519Y	073 152 234R 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 523dd	15898-16569 / 001-628
22.14	LQ 024	C1d	051 086 170 223 298 325 327	055+T 057 059 073 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 523dd	16009-16569 / 001-578

ID en la red	ID	Hg	Región Control 5' (+16000)	Región Control 3'	Rango de lectura
22.14	MM 023	C1d	051 086 170 223 298 325 327	055+T 057 059 073 249d 263 290dd 309+C 315+C 489 523dd	15991-16569/ 001-628
23.1	CHE 44	C4c	223 291 298 327 468 519	053 054C 073 249d 263 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
23.1	L 093	C4c	223 291 298 327 468 519	053 054C 073 249d 263 309+C 315+C 489	16024-16569 / 001-576
23.2	CAL 38	C4c	160 223 291 298 327 468 519	053 054C 073 249d 263 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
23.2	CHE 48	C4c	160 223 291 298 327 468 519	053 054C 073 249d 263 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
23.2	SJ 002	C4c	160 223 291 298 327 468 519	053 054C 073 249d 263 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
23.3	SJ 012	C4c	160 223 291 298 320 327 468 519	053 054C 073 249d 263 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
24.1	TG 124	D1	223 325 362	073 263 309+C 315+C 489	16024-16569 / 001-576
24.2	Be 021	D1	190 223 325 362	073 263 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
24.2	Be 092	D1	190 223 325 362	073 263 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
24.3	TG 006	D1	172 190 223 234 325 362	073 263 309+CC 315+C 489	16024-16569 / 001-576
24.4	CAL 15	D1	126 223 325 362	010 055 056 064 073 263 279 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
24.4	CAL 30	D1	126 223 325 362	010 055 056 064 073 263 279 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
24.4	CAL 54	D1	126 223 325 362	010 055 056 064 073 263 279 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
24.5	SJ 055	D1	126 165 223 325 362	010 055 056 064 073 263 279 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
24.6	MZ 106	D1	223 293 325 362 519	073 097 106-111d 195 263 315+C 489 523dd	16024-16569 / 001-576
24.6	MM 118	D1	223 293 325 362 519	073 097 106-111d 195 263 315+C 489 523dd	15991-16569/ 001-628
24.7	LQ 143	D1	213 223 293 325 362 519	073 092 093+T 097 106-111d 263 315+C 489 523dd	15991-16569/ 001-628
24.8	SMA 033	D1	223 325 362 519 527	073 263 315+C 489	15878-16569 / 001-628
24.8	SMA 043	D1	15924 223 325 362 519 527	073 263 315+C 489	15878-16569 / 001-628
24.8	TG 051	D1	223 325 362 519 527	073 263 309+C 315+C 489	16024-16569 / 001-576
24.8	LQ 003	D1	223 325 362 519 527	073 263 315+C 481Y 489	16009-16569 / 001-628
24.8	LQ 017	D1	223 325 362 519 527	073 263 315+C 489	16009-16569 / 001-628
24.8	LQ 100	D1	223 325 362 519 527	073 263 315+C 489	15991-16569/ 001-628
24.8	LQ 101	D1	223 325 362 519 527	073 263 315+C 489	15991-16569/ 001-628
24.8	LQ 114	D1	223 325 362 519 527	073 263 309+CC 315+C 489	15991-16569/ 001-628
24.8	MM 025	D1	223 325 362 519 527	073 263 309+C 315+C 489	15991-16569/ 001-628
24.9	SJ 041	D1	223 325 362 519 527	073 263 315+C 489 524+ACAC	15878-16569 / 001-628
24.10	SMA 133	D1	223 295 325 362 519 527	073 263 315+C 489	15878-16569 / 001-628

ID en la red	ID	Hg	Región Control 5' (+16000)	Región Control 3'	Rango de lectura
24.11	LQ 166	D1	223 292 325 362 519 527	073 263 309+C 315+C 489	15991-16569/ 001-628
24.12	TG 139	D1	15924 223 325 342 362 519 527	073 263 315+C 489	15878-15969 / 001- 576
24.12	MM 028	D1	223 325 342 362 519 527	073 263 315+C 489	15991-16569/ 001-628
24.12	MM 084	D1	223 325 342 362 519 527	073 263 315+C 489	15991-16569/ 001-628
24.13	TG BS 19	D1	223 311 325 362 519	073 263 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
24.14	SJ JA 10	D1	223 311 325 362	073 152 263 309+CC 315+C 489	15878-16569 / 001-628
24.14	SMA 062	D1	223 311 325 362	073 152 263 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
24.15	MM 066	D1	093 223 263 311 325 362	073 143 263 315+C 489	15991-16569/ 001-628
24.16	SJ sal 4	D1	223Y 325 362	073 207 263 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
24.17	TG 054	D1	174 223 263 325 361 362 390	073 146 207 263 309+C 315+C 489	16024-16569 / 001-576
24.17	TG 071	D1	174 223 263 325 361 362 390	073 146 207 263 309+CC 315+C 489	16024-16569 / 001-576
24.17	TG 119	D1	174 223 263 325 361 362 390	073 146 207 263 309+CC 315+C 489	16024-16569 / 001-576
24.17	TG BS 47	D1	174 223 263 325 361 362 390	073 146 207 263 309+CC 315+C 489	15878-16569 / 001-628
24.17	TG BS 52	D1	174 223 263 325 361 362 390	073 146 207 263 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
24.17	TG BS 55	D1	174 223 263 325 361 362 390	073 146 207 263 309+CC 315+C 489	15878-16569 / 001-628
24.18	TG 022	D1	174 223 263 325 361 362 390	073 146 204 207 263 315+C 489	16024-16569 / 001-576
24.19	LR053	D1	223 325 362	073 119 143 152 263 315+C 489	15878-16569 / 001-628
24.19	LQ 010	D1	223 325 362	073 119 143 152 263 309+C 315+C 489	15991-16569 / 001-600
24.20	TG BS sal 1	D1	223 291 362	073 309+CC 315+C 489	15878-16569 / 001-628
24.20	TG BS sal 6	D1	223 291 362	073 309+CC 315+C 489	15878-16569 / 001-628
24.20	TG BS 08	D1	223 291 362	073 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
24.20	TG BS 09	D1	223 291 362	073 309+CC 315+C 489	15878-16569 / 001-628
24.20	TG BS 11	D1	223 291 362	073 309+CC 315+C 489	15878-16569 / 001-628
24.21	TG 025	D1	223 291 362	073 185 263 315+C 489	16024-16569 / 001-576
24.21	TG 028	D1	223 291 362	073 185 263 315+C 489	16024-16569 / 001-576
24.22	TG BS 26	D1	223 291 362	073 143 263 315+C 489	15878-16569 / 001-628
24.23	TG 042	D1	092 142 166d 223 325 362 519	073 093 146 263 309+C 315+C 489 523dd 593	16024-16569 / 001-576
24.24	LQ 079	D1	142 148 223 278 325 356 362 519	073 146 228 263 309+C 315+C 489	15991-16569/ 001-628
25.1	SJ 072	D1	187 223 325 362	073 263 315+C 489	15878-16569 / 001-628

ID en la red	ID	Hg	Región Control 5' (+16000)	Región Control 3'	Rango de lectura
25.1	TG 072	D1	187 223 325 362	073 263 315+C 489	16024-16569 / 001-576
25.2	SJ 026	D1	187 223 245 325 362 390	073 146 152 263 315+C 489	15878-16569 / 001-628
25.3	CAL 28	D1	15924 187 223 290 325 362	073 204 245 263 315+C 489	15878-16569 / 001-628
25.3	CAL 50	D1	15924 187 223 290 325 362	073 204 245 263 315+C 489	15878-16569 / 001-628
25.4	MZ 076	D1	15965 178 187 223 325 362	073 150 199 263 315+C 374 489	15965-16569 / 001-576
25.5	CAL 21	D1	093Y 187 223 249 325 362 519	070 073 199 263 315+C 489	15878-16569 / 001-628
25.5	CAL 34	D1	093Y 187 223 249 325 362 519	070 073 199 263 315+C 489	15878-16569 / 001-628
25.6	MZ 107	D1	172 187 223 325 362	073 263 309+C 315+C 489	16024-16569 / 001-576
25.7	MZ 041	D1	187 223 325 362 371R 519	073 263 309+C 315+C 489 573+CCC	16024-16569 / 001-576
25.7	SJ 057	D1	187 223 325 362 519	073 263 309+C 315+C 489 573+CCC	15878-16569 / 001-628
25.8	CAL 22	D1	187 189 209 223 325 362	055 056 073 263 315+C 489	15878-16569 / 001-628
25.8	LR065	D1	187 189 209 223 325 362	055 056 073 263 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
25.8	MZ 150	D1	187 189 209 223 325 362	055 056 073 263 315+C 489	16024-16569 / 001-576
25.8	L sal 04	D1	187 189 209 223 325 362	055 056 073 263 315+C 489	15898-16569 / 001-628
25.9	LR066	D1	187 189 209 223 325 362	055 056 073 185 263 309+C 315+C 489 499	15878-16569 / 001-628
25.9	LR141	D1	086Y 187 189 209 223 325 362	055 056 073 185 263 315+C 489 499	15878-16569 / 001-628
25.9	MZ 021	D1	187 189 209 223 325 362	055 056 073 185 263 315+C 489 499	16024-16569 / 001-576
25.9	MZ 125	D1	187 189 209 223 325 362	055 056 073 185 263 315+C 489 499	15878-16569 / 001-628
25.10	MZ 073	D1	092 187 189 209 223 325 362	055 056 073 263 309+C 315+C 489 499	16024-16569 / 001-576
25.10	SJ 005	D1	092 187 189 209 223 325 362	055 056 073 263 309+C 315+C 489 499	15878-16569 / 001-628
25.10	SJ 101	D1	092 187 189 209 223 325 362	055 056 073 263 309+C 315+C 489 499	15878-16569 / 001-628
25.10	L 032	D1	092 187 189 209 223 325 362	055 056 073 263 309+C 315+C 489 499	16024-16569 / 001-576
25.10	L 041	D1	092 187 189 209 223 325 362	055 056 073 263 309+C 315+C 489 499	16024-16569 / 001-576
25.10	L 103	D1	092 187 189 209 223 325 362	055 056 073 263 309+C 315+C 489 499	15898-16569 / 001-628
25.11	CAL 03	D1	15930 092 187 189 223 362	073 143 263 315+C 489	15878-16569 / 001-628
25.11	CAL 19	D1	15930 092 187 189 223 362	073 143 263 315+C 489	15878-16569 / 001-628
25.11	MZ 012	D1	15930 187 189 223 362	073 143 263 309+C 315+C 489	15930-16569 / 001-576
25.11	MZ 143	D1	15930 092 187 189 223 362	073 143 263 315+C 489	15930-16569 / 001-576
25.12	SMA 121	D1	187 223 254 291 325 362 519	073 263 309+CC 315+C 489	15878-16569 / 001-628

<b>ID en la red</b>	<b>ID</b>	<b>Hg</b>	<b>Región Control 5' (+16000)</b>	<b>Región Control 3'</b>	<b>Rango de lectura</b>
26.1	CAL 08	D1	223 242 311 325 362	073 152 263 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
26.1	CAL 27	D1	223 242 311 325 362	073 152 263 315+C 489	15878-16569 / 001-628
26.1	CHE 03	D1	223 242 311 325 362	073 152 263 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
26.1	LR001	D1	223 242 311 325 362	073 152 263 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
26.1	LR028	D1	223 242 311 325 362	073 152 263 309+CC 315+C 489	15878-16569 / 001-576
26.1	LR032	D1	223 242 311 325 362	073 152 263 309+CC 315+C 489	15878-16569 / 001-628
26.1	LR048	D1	223 242 311 325 362	073 152 263 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
26.1	LR073	D1	223 242 311 325 362	073 152 263 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
26.1	LR077	D1	223 242 311 325 362	073 152 263 315+C 489	15878-16569 / 001-628
26.1	LR086	D1	223 242 311 325 362	073 152 263 309+C 315+C 489 1	15878-16569 / 001-628
26.1	LR100	D1	223 242 311 325 362	073 152 263 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
26.1	LR140	D1	223 242 311 325 362	073 152 263 309+CC 315+C 489	15878-16569 / 001-628
26.1	LR144	D1	223 242 311 325 362	073 152 263 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
26.1	LR169	D1	223 242 311 325 362	073 152 263 315+C 489	15878-16569 / 001-628
26.1	LR175	D1	223 242 311 325 362	073 152 263 309+CC 315+C 489	15878-16569 / 001-628
26.1	LR BS 31	D1	223 242 311 325 362	073 152 263 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
26.1	MZ 052	D1	223 242 311 325 362	073 152 263 309+C 315+C 489	16024-16569 / 001-576
26.1	SJ 013	D1	223 242 311 325 362	073 152 263 309+CC 315+C 489	15878-16569 / 001-628
26.1	SJ 049	D1	223 242 311 325 362	073 152 263 309+CC 315+C 489	15878-16569 / 001-628
26.1	SJ 066	D1	223 242 311 325 362	073 152 263 309+CC 315+C 489	15878-16569 / 001-628
26.1	SJ 091	D1	223 242 311 325 362	073 152 263 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
26.1	SJ 093	D1	223 242 311 325 362	073 152 263 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
26.1	SJ 106	D1	223 242 311 325 362	073 152 263 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
26.1	SMA 089	D1	223 242 311 325 362	073 152 263 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
26.1	SMA 115	D1	223 242 311 325 362	073 152 263 309+CC 315+C 489	15878-16569 / 001-628
26.1	SJS 09	D1	223 242 311 325 362	073 152 263 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
26.1	SJS 12	D1	223 242 311 325 362	073 152 263 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
26.1	SJS 13	D1	223 242 311 325 362	073 152 263 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
26.1	L 004	D1	223 242 311 325 362	073 152 263 309+C 315+C 489	16024-16569 / 001-576

ID en la red	ID	Hg	Región Control 5' (+16000)	Región Control 3'	Rango de lectura
26.2	TG 087	D1	223 242 311 325 362	073 152 263 309+CC 315+C 489 538C	16024-16569 / 001-576
26.2	TG 094	D1	223 242 311 325 362	073 152 263 309+CC 315+C 489 538C	16024-16569 / 001-576
26.2	TG BS 29	D1	223 242 311 325 362	073 152 263 309+CC 315+C 489 538C	15878-16569 / 001-628
26.3	J12	D1	223 242 311 325 362	073 204Y 263 309+C 315+C 489 538C	15878-16569 / 001-628
26.3	TG EA 24	D1	223 242 311 325 362	073 263 309+C 315+C 489 538C	15878-16569 / 001-576
26.4	LR058	D1	157 223 242 311 325 362	073 152 263 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
26.4	MZ 112	D1	157 223 242 311 325 362	073 152 263 309+C 315+C 489	16024-16569 / 001-576
26.4	SMA 064	D1	157 223 242 311 325 362	073 152 204Y 263 315+C 489	15878-16569 / 001-628
26.4	SMA 139	D1	145R 157 223 242 311 325 362	073 152 263 315+C 489	15878-16569 / 001-628
26.4	SMA 147	D1	157 223 242 311 325 362 527Y	073 152 263 315+C 489	15878-16569 / 001-628
26.5	Be 077	D1	223 242 311 325 362 519	073 152 263 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
26.5	CHE 52	D1	223 242 311 325 362 519	073 152 263 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
26.5	LR084	D1	223 242 311 325 362 519	073 152 263 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
26.5	LR111	D1	223 242 311 325 362 519	073 152 263 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
26.5	LR163	D1	223 242 311 325 362 519	073 152 263 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
26.5	LR BS 12	D1	223 242 311 325 362 519	073 152 263 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
26.5	LR BS 36	D1	223 242 311 325 362 519	073 152 263 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
26.5	MZ Sal 15	D1	223 242 311 325 362 519	073 152 263 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
26.5	SJ 071	D1	223Y 242 311 325 362 519	073 152 263 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
26.5	SMA 010	D1	223 242 311 325 362 519	073 152 263 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
26.5	SMA 104	D1	223 242 311 325 362 519	073 152 263 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
26.6	SMA 031	D1	223 242 311 325 362	055+T 058d 059d 060d 071+GG 073 152 263 309+C 315+C 489 523dd	15878-16569 / 001-628
26.6	MM Tum 10	D1	223 242 311 325 362	055+T 059d 060d 071+G 073 152 263 309+C 315+C 489 523dd	15991-16569 / 001-628
26.7	CHE 46	D1	223 242 311 325 362	073 152 235 263 315+C 489	15878-16569 / 001-628
26.7	J57	D1	223 242 311 325 362	073 152 235 263 315+C 489	15878-16569 / 001-628
26.7	LR121	D1	223 242 311 325 362	073 152 235 263 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
26.7	SJ 077	D1	223 242 311 325 362	073 152 235 263 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
26.7	SMA 028	D1	223 242 311 325 362	073 152 235 263 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
26.7	SMA 077	D1	223 242 311 325 362	073 152 235 263 315+C 489	15878-16569 / 001-628

<b>ID en la red</b>	<b>ID</b>	<b>Hg</b>	<b>Región Control 5' (+16000)</b>	<b>Región Control 3'</b>	<b>Rango de lectura</b>
26.8	Be 037	D1	223 242 311 325 362	073 152 263 309+C 315+C 489 524+AC	15878-16569 / 001-628
26.8	CAL 09	D1	223 242 311 325 362	073 152 263 309+C 315+C 489 524+AC	15878-16569 / 001-628
26.8	CAL 10	D1	223 242 311 325 362	073 152 263 309+C 315+C 489 524+AC	15878-16569 / 001-628
26.8	CAL 13	D1	223 242 311 325 362	073 152 263 309+CC 315+C 489 524+AC	15878-16569 / 001-628
26.8	CHE 08	D1	223 242 311 325 362	073 152 263 315+C 489 524+AC	15878-16569 / 001-628
26.8	CHE 28	D1	223 242 311 325 362	073 152 263 315+C 489 524+AC	15878-16569 / 001-628
26.8	CHE 60	D1	223 242 311 325 362	073 152 263 315+C 489 524+AC	15878-16569 / 001-628
26.8	LR016	D1	129R 223 242 311 325 362	073 152 263 315+C 489 524+AC	15878-16569 / 001-628
26.8	LR021	D1	223 242 311 325 362	073 152 263 315+C 489 524+AC	15878-16569 / 001-628
26.8	LR029	D1	223 242 311 325 362	073 152 263 309+C 315+C 489 524+AC	15878-16569 / 001-576
26.8	LR049	D1	223 242 311 325 362	073 152 263 309+C 315+C 489 524+AC	15878-16569 / 001-628
26.8	LR105	D1	223 242 311 325 362	073 152 263 309+C 315+C 489 524+AC	15878-16569 / 001-628
26.8	LR167	D1	223 242 311 325 362	073 152 263 315+C 489 524+AC	15878-16569 / 001-628
26.8	LR BS 21	D1	223 242 311 325 362	073 152 263 309+C 315+C 489 524+AC	15878-16569 / 001-628
26.8	LR BS 38	D1	223 242 311 325 362	073 152 263 309+C 315+C 489 524+AC	15878-16569 / 001-628
26.8	MZ 058	D1	223 242 311 325 362	073 152 263 309+CC 315+C 489 524+AC	16024-16569 / 001-576
26.8	MZ 115	D1	223 242 311 325 362	073 152 263 315+C 489 524+AC	16024-16569 / 001-576
26.8	SJ sal 3	D1	223 242 311 325 362	073 152 263 309+C 315+C 489 524+AC	15878-16569 / 001-628
26.8	SJ JA 05	D1	223 242 311 325 362	073 152 263 315+C 489 524+AC	15878-16569 / 001-628
26.8	SMA 037	D1	223 242 311 325 362	073 152 263 315+C 489 524+AC	15878-16569 / 001-628
26.8	SMA 066	D1	223 242 311 325 362	073 152 263 309+C 315+C 489 524+AC	15878-16569 / 001-628
26.8	TG 114	D1	223 242 311 325 362	073 152 263 309+CC 315+C 489 524+AC	16024-16569 / 001-576
26.9	Be 090	D1	223 242 311 325 362	055 073 152 263 309+C 315+C 489 524+AC	15878-16569 / 001-628
26.9	CHE 63	D1	223 242 311 325 362	055 073 152 263 309+C 315+C 489 524+AC	15878-16569 / 001-628
26.9	LR128	D1	223 242 311 325 362	055 073 152 263 309+C 315+C 489 524+AC	15878-16569 / 001-576
26.10	LR031	D1	223 242 311 325 362	055 056 073 152 263 309+C 315+C 489 524+AC	15878-16569 / 001-576
26.10	LR106	D1	223 242 311 325 362	055 056 073 152 263 309+CC 315+C 489 524+AC	15878-16569 / 001-628
26.11	LR137	D1	223 242 311 325 362	055 057 073 152 263 309+CC 315+C 489 524+AC	15878-16569 / 001-628
26.12	CHE 07	D1	242 260Y 263 311 325 362	073 152 263 315+C 489 524+AC	15878-16569 / 001-628

<b>ID en la red</b>	<b>ID</b>	<b>Hg</b>	<b>Región Control 5' (+16000)</b>	<b>Región Control 3'</b>	<b>Rango de lectura</b>
26.12	CHE 17	D1	242 263 311 325 362	073 152 263 309+C 315+C 489 524+AC	15878-16569 / 001-628
26.12	CHE 42	D1	242 263 311 325 362	073 152 263 309+C 315+C 489 524+AC	15878-16569 / 001-628
26.13	CHE 21	D1	223 242 311 325 362	053 073 152 263 309+C 315+C 489 524+AC	15878-16569 / 001-628
26.14	CHE 29	D1	223 242 311 325 362	073 146 152 263 315+C 489	15878-16569 / 001-628
26.14	LR033	D1	223 242 311 325 362	073 146 152 263 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
26.15	CHE 66	D1	223 242 311 325 362	073 150 152 263 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
26.15	LR BS 30	D1	223 242 311 325 362	073 150 152 263 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
26.15	MZ 022	D1	223 242 311 325 362	073 150 152 263 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
26.15	SJ 070	D1	223 242 311 325 362	073 150 152 263 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
26.15	L 079	D1	223 242 311 325 362	073 150 152 263 309+C 315+C 489	16024-16569 / 001-576
26.16	L 054	D1	102 223 242 301Y 311 325 362	073 150 152 263 309+C 315+C 489	16024-16569 / 001-576
26.17	TG 055	D1	223 242 311 325 362	073 106-111d 114 152 212 263 309+CC 315+C 489	16024-16569 / 001-576
26.18	Be 035	D1	093 214 223 242 311 325 362	073 152 263 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
26.19	Be 095	D1	172 223 242 311 325 362	073 152 263 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
26.19	LR123	D1	172 223 242 311 325 362	073 152 263 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
26.20	Be 004	D1	223 242 311 325 362	073 263 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
26.20	Be 011	D1	223 242 311 325 362	073 263 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
26.20	Be 044	D1	223 242 311 325 362	073 263 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
26.20	J41	D1	223 242 300R 311 325 362	073 263 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
27.1	LQ Pr 36	D1	223 304 325 362	073 195 263 309+C 315+C 489	15991-16569/ 001-628
27.2	CHE 58	D1	189 223 325 342 362 519	073 195 263 297 315+C 489	15878-16569 / 001-628
27.3	TG 049	D1	223 325 362 566	073 153 195 214 263 309+CC 315+C 489	16024-16569 / 001-576
27.4	TG BS 43	D1	223 325 362	073 204A 263 309+C 315+C 489 573+C	15878-16569 / 001-628
27.5	MM 041	D1	223 325 362 519	073 152 234 263 309+C 315+C 489 573+C	15991-16569/ 001-628
27.6	MZ 131	D1	15924 189 223 325 362	073 146 263 309+C 315+C 489	15924-16569 / 001-576
27.7	TG 007	D1	223 325 362 519	073 143 146 263 315+C 489	16024-16569 / 001-576
27.8	J31	D1	172 223 325 362	064A 065G 073 263 315+C 489	15878-16569 / 001-628
27.9	Be 048	D1	223 325 362	073 150 263 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
27.9	SJS 10	D1	223 325 362	073 150 263 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628

ID en la red	ID	Hg	Región Control 5' (+16000)	Región Control 3'	Rango de lectura
27.9	SJS 14	D1	223 325 362	073 150 263 309+C 315+C 489	15878-16569 / 001-628
28.1	CAL 29	D4h3a	223 241 301 342 362	073 152 263 315+C 489	15878-16569 / 001-628
28.2	TG 145	D4h3a	223 241 255 301 342 362 519	073 150 152 263 309+CC 315+C 489 520 545	16024-16569 / 001-576
28.3	SJ 009	D4h3a	223 241 298 301 342 362 519	073 146 152 208A 263 309+C 315+C 489 573+CCC	15878-16569 / 001-628
28.4	SMA 057	D4h3a	223 241 271 292 294 301 342 362	073 152 263 309+C 315+C 489 573+CCCC	15878-16569 / 001-628
28.4	SMA 084	D4h3a	223 241 271 292 294 301 342 362	073 152 263 309+C 315+C 489 573+CCCC	15878-16569 / 001-628
28.4	SMA 094	D4h3a	223 241 271 292 294 301 342 362	073 152 263 309+C 315+C 489 573+CCCC	15878-16569 / 001-628
28.4	SMA 114	D4h3a	223 241 271 292 294 301 342 362	073 152 263 309+C 315+C 489 573+CCCC	15878-16569 / 001-628
28.4	SMA 126	D4h3a	223 241 271 292 294 301 342 362	073 152 263 309+C 315+C 489 573+CCCC	15878-16569 / 001-628
28.4	SMA 136	D4h3a	223 241 271 292 294 301 342 362	073 152 263 309+C 315+C 489 573+CCCC	15878-16569 / 001-628
28.4	LQ 105	D4h3a	223 241 271 292 294 301 342 362	073 152 263 309+C 315+C 489 573+CCC	15991-16569 / 001-604
28.5	TG 018	D4h3a	075 223 241 260 294 301 342 362 462 533	073 094 125 127 152 195 263 309+C 315+C 489	16024-16569 / 001-576
28.6	TG 106	D4h3a	189 223 241 278 301 316 362	073 152 263 309+C 315+C 489	16024-16569 / 001-576
	L 042	?	129 173 183C 189 193+C 519	055+T 057 059 073 263 309+CCC 315+C	16024-16569 / 001-576
	CHE 11	H	189 519	152 263 315+C	15878-16569 / 001-628
	CHE 14	H	189 519	152 263 315+C	15878-16569 / 001-628
	CHE 34	H	189 519	152 263 315+C	15878-16569 / 001-628
	CHE 54	H	189 519	152 263 315+C	15878-16569 / 001-628
	CHE 65	H	189 519	152 263 315+C	15878-16569 / 001-628
	LR004	H	519	152 263 315+C	15878-16569 / 001-628
	LR130	H	000R 189 519	152 263 315+C	15878-16569 / 001-628
	SMA 123	H	519	263 309+C 315+C	15878-16569 / 001-628
	L 053	H	519	263 315+C	16024-16569 / 001-576
	L 096	H	519	263 309+CC 315+C 523dd	16024-16569 / 001-576
	MZ 059	H	129 311 519	151 152 263 315+C 437	16024-16569 / 001-576
	CAL 04	H	519	263 292 309+C 315+C	15878-16569 / 001-628
	LR060	H	189 519	152 263 315+C	15878-16569 / 001-628
	MZ 020	H	189 519	152 263 315+C	16024-16569 / 001-576
	MZ 077	H	189 519	152 263 315+C	16024-16569 / 001-576

ID en la red	ID	Hg	Región Control 5' (+16000)	Región Control 3'	Rango de lectura
	MZ 117	H	183C 189 193+C 519	152 263 309+C 315+C 489	16024-16569 / 001-576
	MZ 127	H	357 519	263 309+CC 315+C 453	16024-16569 / 001-576
	SJ 062	H	294 519	263 309+C 315+C	15878-16569 / 001-628
	SJ 075	H	311	263 309+C 315+C	15878-16569 / 001-628
	L 045	H	240 519	152 263 309+C 315+C	16024-16569 / 001-576
	L 055	H	171 266 519	263 293 315+C	16024-16569 / 001-576
	LR BS 04	H5	304	263 309+CC 315+C 456 573+C	15878-16569 / 001-628
	LR BS 45	H5	304	263 309+C 315+C 456 573+C	15878-16569 / 001-576
	MZ 061	H5	304	263 309+C 315+C 456 573+CCCC	16024-16569 / 001-576
	SJ 083	H5	294 304 320	146 263 315+C 456	15878-16569 / 001-628
	L 080	H5	304	263 309+C 315+C 456 573+C	16024-16569 / 001-576
	TG EA 03	H8	068 288 362	146 195 263 309+C 315+C	15878-16569 / 001-628
	LR BS 29	HV0b'c	298 311	072 195 263 309+CC 315+C	15878-16569 / 001-628
	LR094	J1a'b'e	069 126 145 222 256 261 278	073 199 263 295 315+C 462 489 574T	15878-16569 / 001-628
	LR BS 20	J1a'b'e	069 126 145 222 256 261 278	073 199 263 295 315+C 462 489 574T	15878-16569 / 001-628
	LR091	J1c1	069 126 278 366 519	073 185 188 228 263 295 315+C 462 489 523dd	15878-16569 / 001-628
	SJ sal 2	J1c1	069 126 3 360 519	073 185 188 228 263 295 315+C 462 489	15878-16569 / 001-628
	SJ 073	J1c7	069 092 126 261	073 185 228 263 295 315+C 462 489	15878-16569 / 001-628
	SMA 056	K1a	224 311 519	073 195 263 309+C 315+C 374 497 524+AC	15878-16569 / 001-628
	SMA 047	T2b	15928 126 294 296 304 519	073 263 309+C 315+C	15878-16569 / 001-628
	SMA 007	T2c	15928 126 278 292 294 296 422 438 519	073 089 146 263 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
	L 061	U4a	356 519	073 152 195 235 263 310 499 524+ACACAC	15898-16569 / 001-576
	SJ 044	U4c1	179 356 519	073 195 263 309+C 315+C 499	15878-16569 / 001-628
	L sal 12	U5	192 270	073 150 263 315+C 533	15898-16569 / 001-628
	SJ JA 14	U5a	114A 192 256 270 294 526	073 263 309+C 315+C	15878-16569 / 001-628
	SMA 034	U5a	256 270 304 327 526	073 263 309+C 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
	TG 085	U5b1	189 192 270	073 150 152 263 309+C 315+C	16024-16569 / 001-576
	CAL 24	U6a	093 172 183C 189 193+C 219 278 368	073 185 263 315+C	15878-16569 / 001-628
	SJ 019	U6a	172 219 235 261 278 519	073 263 315+C	15878-16569 / 001-628

ID en la red	ID	Hg	Región Control 5' (+16000)	Región Control 3'	Rango de lectura
	SJ JA 04	U6a	172 219 235 261 278 519	073 263 315+C	15878-16569 / 001-628
	SJ 079	W*	223 292 295 519	073 152 189 195 204 207 263 315+C	15878-16569 / 001-628
	CHE 24	W1c	223Y 292 320 519	073 119 143 189 195 204 207 263 309+C 315+C	15878-16569 / 001-628
	SJ 020	X2b	15927 179 188 189 203 223 278 519	073 153 195 225 226 263 309+C 315+C	15878-16569 / 001-628
	CAL Sal 01	L0a	148 172 187 188G 189 223 230 311 320 519	064 093 152 189 236 247 263 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
	L 012	L1b	126 187 189 223 264 270 278 311 519	073 151 152 182 185T 189 195 247 263 309+C 315+C 357 523dd	16024-16569 / 001-576
	L 100	L1b	126 187 189 223 264 278 293 311 519	073 151 152 182 185T 195 247 263 315+C 357 523dd	16024-16569 / 001-576
	L 107	L1b	126 187 189 223 264 278 311 519	073 151 152 185T 195 247 263 315+C 357 523dd	15898-16569 / 001-628
	LR192	L1c1a	129 183C 189 193+C 223 274 278 293 294 311 360 519	073 076 089 093 095C 152 182 186A 189C 236 247 263 297 309+C 315+C 316 523dd	15878-16569 / 001-628
	Be 007	L1c1d	038 187 189 223 278 293 294 311 360 519	073 151 152 182 186A 189C 195 198 247 263 297 315+C 316 523dd	15878-16569 / 001-628
	SJ 064	L2a1	223 224 234 263 278 291 309 390 519	073 146Y 152 182 263 315+C 511	15878-16569 / 001-628
	TG 122	L2a1	189 193+CC 223 278 294 296 309 390 519	073 146 152 195 263 309+CC 315+C	16024-16569 / 001-576
	MZ 060	L2a1c1	086 223 278 294 309 390	073 143 146 152 195 198 263 315+C	16024-16569 / 001-576
	MZ 079	L3b	15944d 124 223 278 311 362 519	073 263 315+C 521d 522d 523dd	15930-16569 / 001-576
	MZ 084	L3b	15944d 093 124 223 278 362 519	073 263 315+C 523dd	15930-16569 / 001-576
	CAL 46	L3d3	111 124 223 519	073 152 199 263 309+C 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
	Be 013	L3e1	15942 223 327	073 150 189 200 263 315+C	15878-16569 / 001-628
	J28	L3e1	15942 183C 189 193+C 223 260 327	073 150 189 200 263 309+C 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
	SJS 15	L3e1	15942 223 327	073 150 189R 200 263 309+C 315+C	15878-16569 / 001-628
	SJ 086	L3e1a	15942 185 223 327 519	073 150 189 200 263 309+CC 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
	CAL Sal 11	L3e1d	15942 176 223 256 327	073 150 152 200 263 315+C	15878-16569 / 001-628
	SJ 035	L3e2	223 320 399 519	073 150 152 195 198 263 315+C 499	15878-16569 / 001-628
	SJ 036	L3e2	223 320 399 519	073 150 152 195 198 263 315+C 499	15878-16569 / 001-628
	LR071	L3e2b	172 189 223 320 519	073 150 152 195 263 315+C	15878-16569 / 001-628
	MZ 128	L3e2b	172 183C 189 193+C 223 320 519	073 150 195 263 309+C 315+C	16024-16569 / 001-576
	SMA 083	L3e2b	172 183C 189 193+C 223 320 519	073 150 152Y 195 263 309+C 315+C 508	15878-16569 / 001-628
	LR BS 15	L3e3	223 265T 519	073 150 195 263 309+C 315+C 523dd	15878-16569 / 001-628
	MZ 147	L3f1b1	15944d 129 209 223 292 295 311 519	073 189 200 263 309+C 315+C	15930-16569 / 001-576

<b>ID en la red</b>	<b>ID</b>	<b>Hg</b>	<b>Región Control 5´ (+16000)</b>	<b>Región Control 3´</b>	<b>Rango de lectura</b>
	SJ 103	L3f1b1	15944d 129 209 223 292 295 311 519	073 189 200 263 309+CC 315+C	15878-16569 / 001-628
	L 101	L3f1b1	15944d 129 209 223 292 295 311 519	073 189 200 263 309+CC 315+C	15930-16569 / 001-576

---

### 7.3.3 HIPÓTESIS FILOGENÉTICAS: REDES DE HAPLOTIPOS

La mayoría de los ciclos fueron eliminados a fin de privilegiar una lectura simple, los caracteres que constituyen un paralelismo están subrayados, indicando su carácter homoplásico. El signo @ indica reversión. Todas las mutaciones representan transiciones a menos que se indique lo contrario. Las mutaciones señaladas en naranja son las que forman parte de la definición de un linaje o subhaplogrupo. Al pie de cada red, se exponen los argumentos por los cuales se optó por privilegiar una hipótesis filogenética cuando existen otras alternativas.

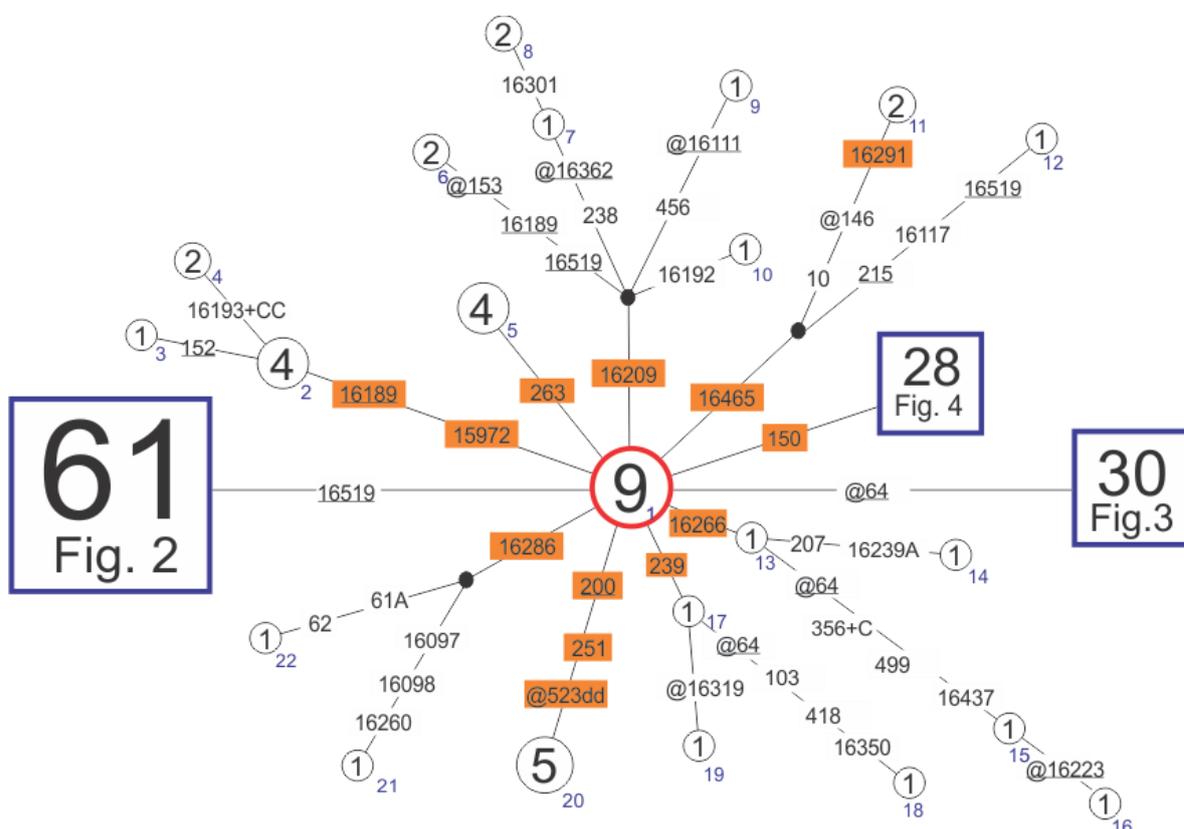
Los haplotipos indicados en gris no fueron asignados a ningún subhaplogrupo. Los números en azul representan el código de identificación del haplotipo para ubicarlo en la tabla del Anexo 7.3.2; cada haplotipo consta de una identificación binaria que incluye el número de figura al que corresponde la red y el número interno a cada red. El haplotipo nodal se señala en rojo.

### 7.2.3.1 Haplogrupo A2

Se privilegió a la mutación que consiste en una reversión en la posición 16111 por sobre la 16519 y 064 por la probada inestabilidad de estas dos últimas y por la coherencia geográfica local del cluster definido por dicha mutación. Salvo este caso y a pesar de la inestabilidad de 16519 y 064, pueden distinguirse dos clusters dentro de A2 que originalmente se caracterizarían por cambios en dichas posiciones. Sin embargo, la rápida velocidad de mutación genera frecuentes reversiones que impiden una clasificación en base a estas posiciones.

Mutaciones del nodal respecto de la SRCr en RC: 64 73 146 153 235 263 315+C 522-523d 16111 16223 16290 16319 16362.

Figura 1. Red de haplotipos correspondientes al cuerpo principal de A2\*.

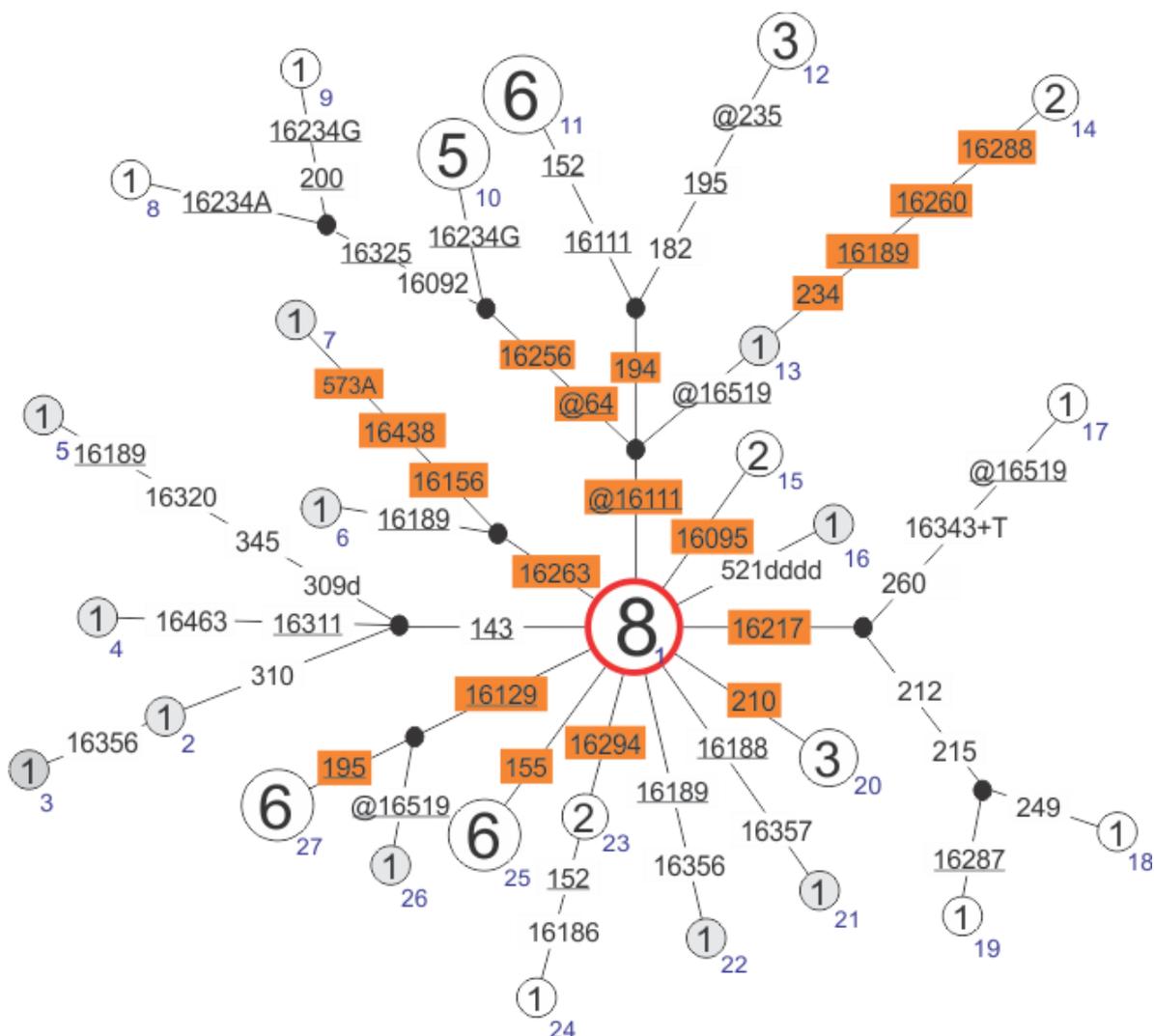


La posición 15972 no fue analizada para las muestras de Maimará y La Quiaca.

En esta red no están incluidos los haplotipos no asignados a un linaje, los cuales se muestran en la figura

5.

Figura 2. Red de haplotipos correspondientes a A2 + 16519



Los haplotipos 6 y 7 no fueron reunidos como parte de un mismo linaje, ya que las mutaciones 16156 16263 16438 y 573A describen un linaje con clara distribución en Patagonia.

Figura 3. Red de haplotipos correspondientes a A2 + @64.

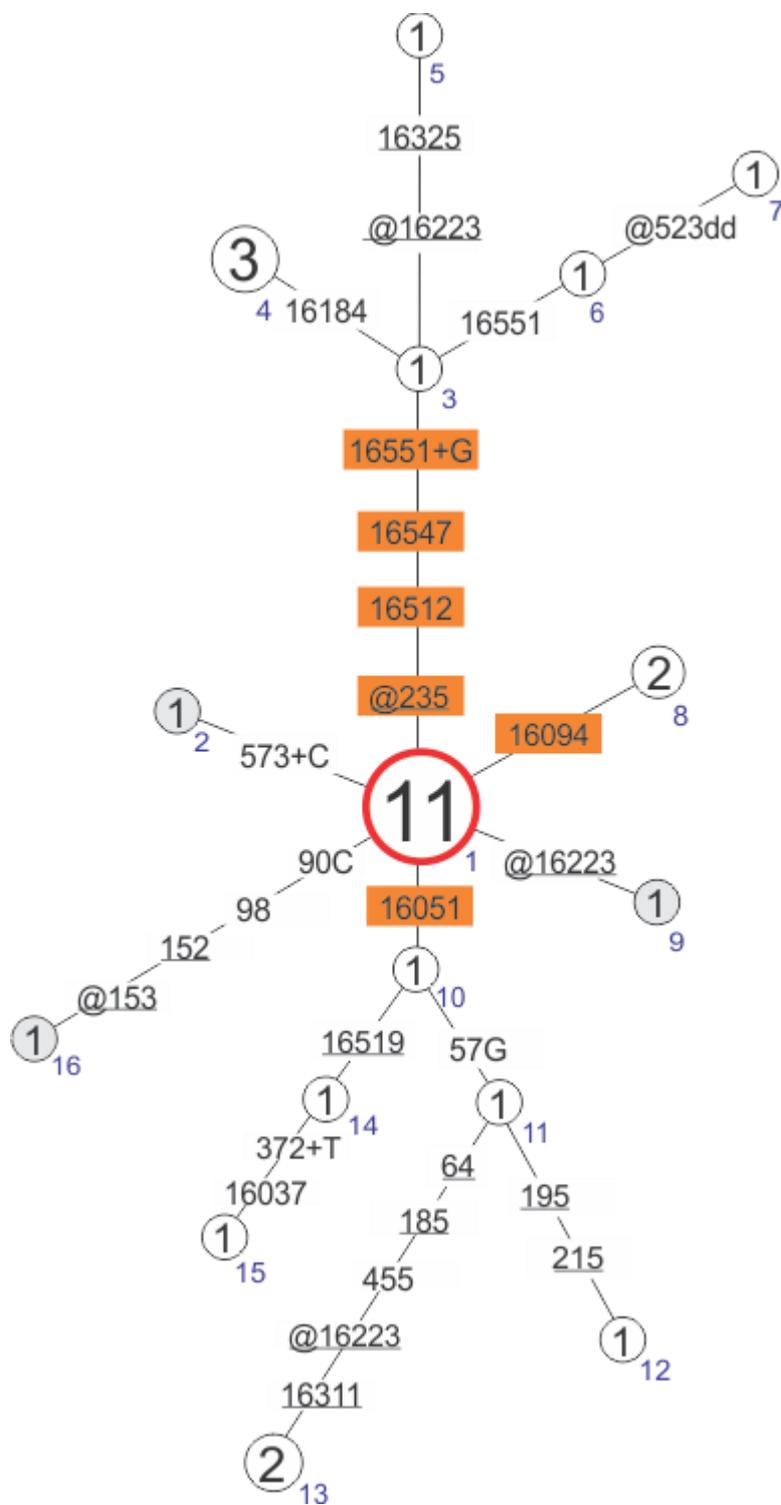
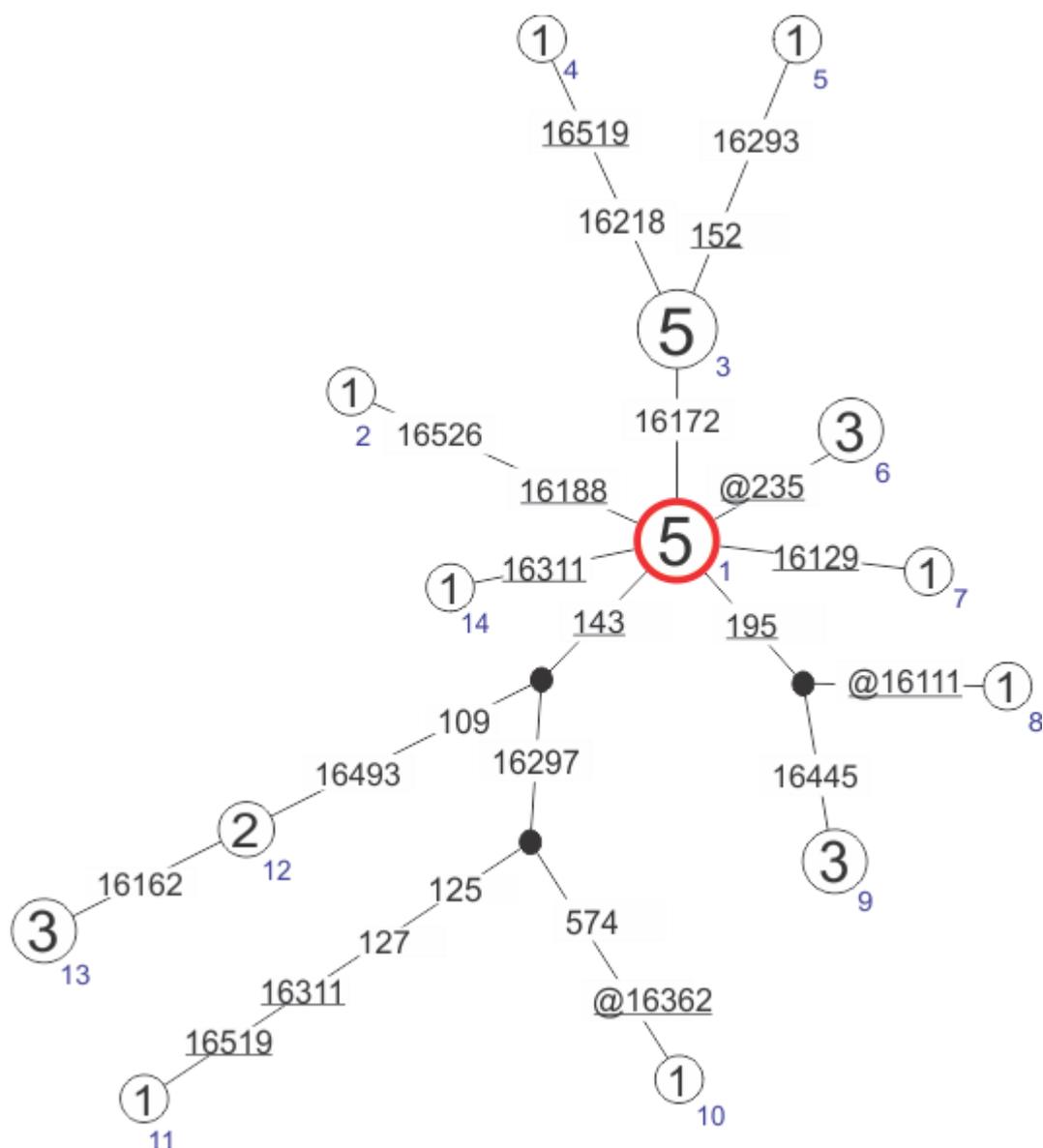


Figura 4. Red de haplotipos correspondientes a A2 + 150.





### 7.2.3.2 Haplogrupo B2

Debido a la gran cantidad de secuencias disponibles para este haplogrupo, no ha sido posible representar la variabilidad existente en una sola imagen. Las figuras han sido ordenadas siguiendo la numeración de las mutaciones que definen a los linajes, salvo en caso de que la necesidad de graficar el conflicto entre dos o más mutaciones por medio de ciclos o cubos impidiera respetar el orden numérico. La mutación 16182C no fue considerada en la construcción de las redes.

Mutaciones del nodal respecto de la SRCr en RC: 73 263 315+C 499 16183C 16189 16217 16519.



Figura 7. Red de haplotipos correspondientes a B2 cuerpo 2.

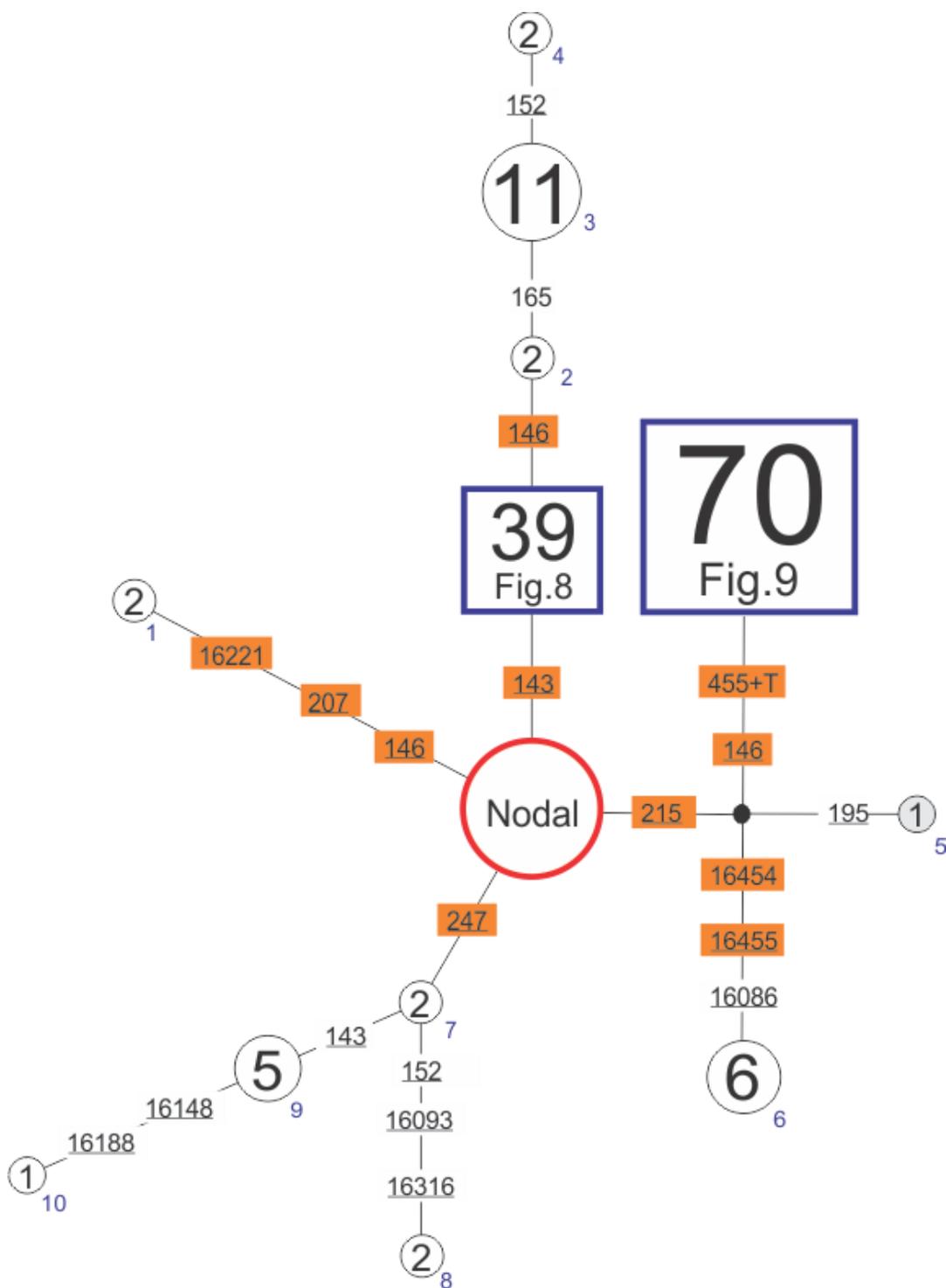


Figura 8. Red de haplotipos correspondientes a B2 + 143.

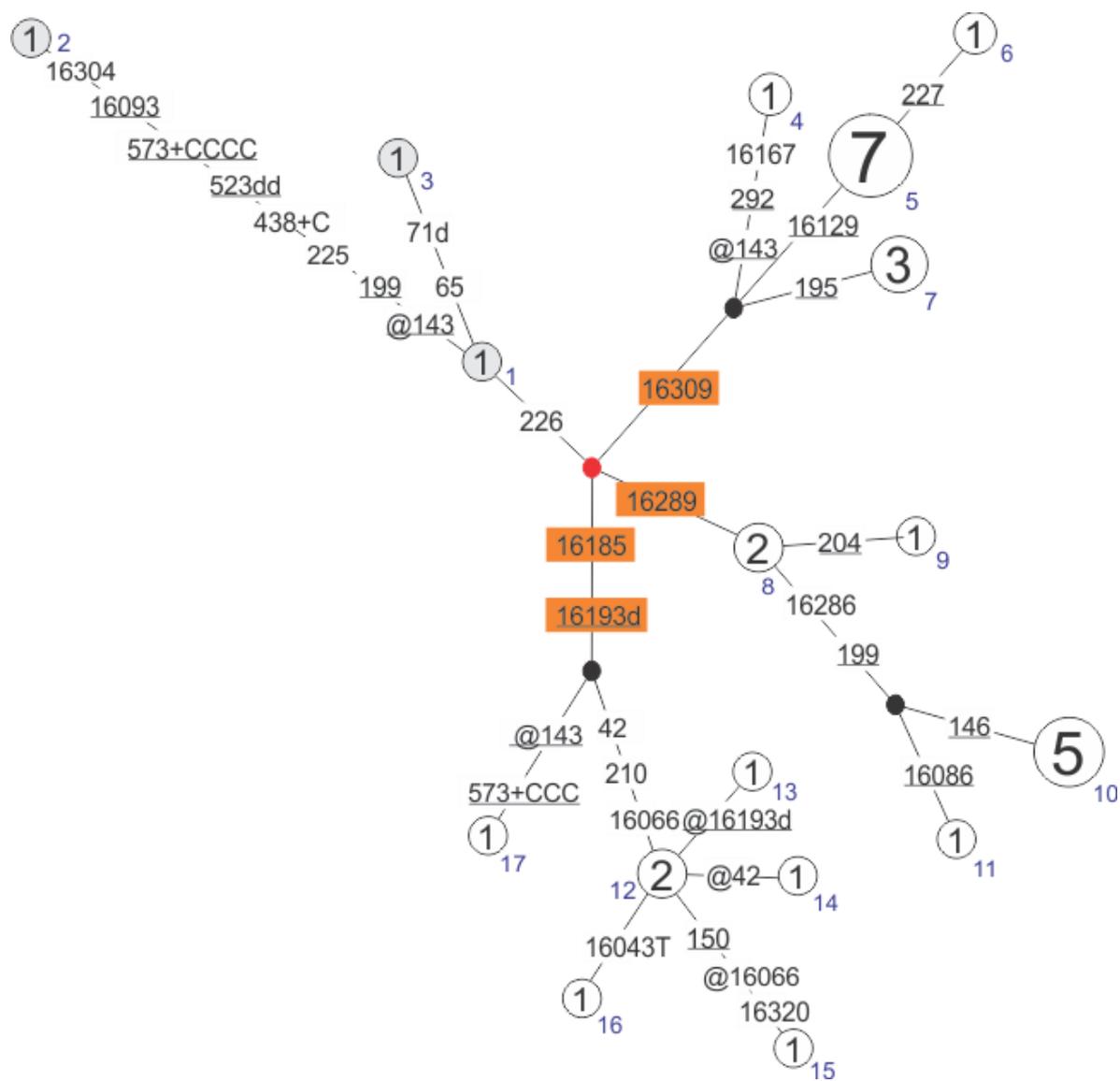


Figura 9. Red de haplotipos correspondientes a B2 + 146 215 455+T.

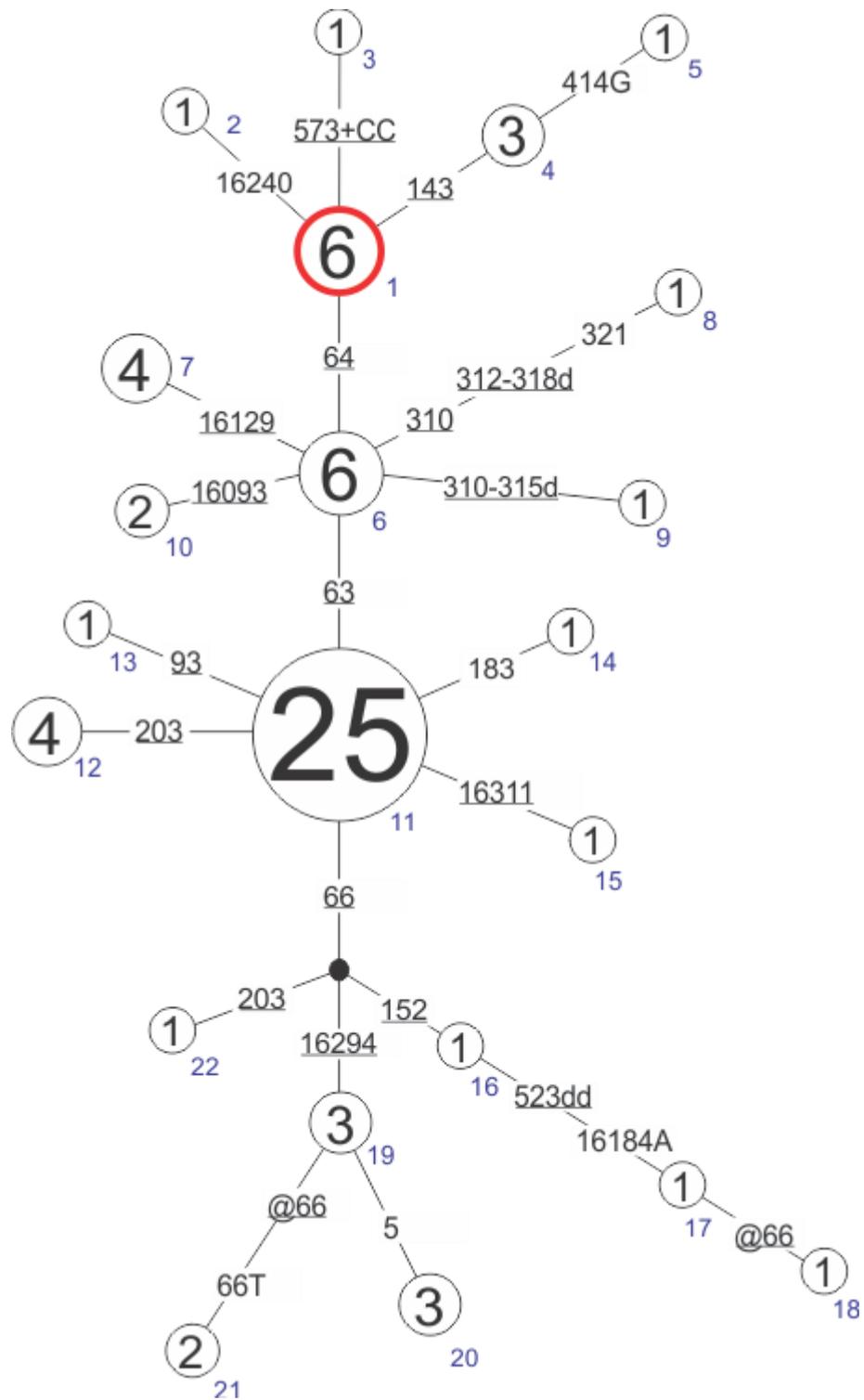
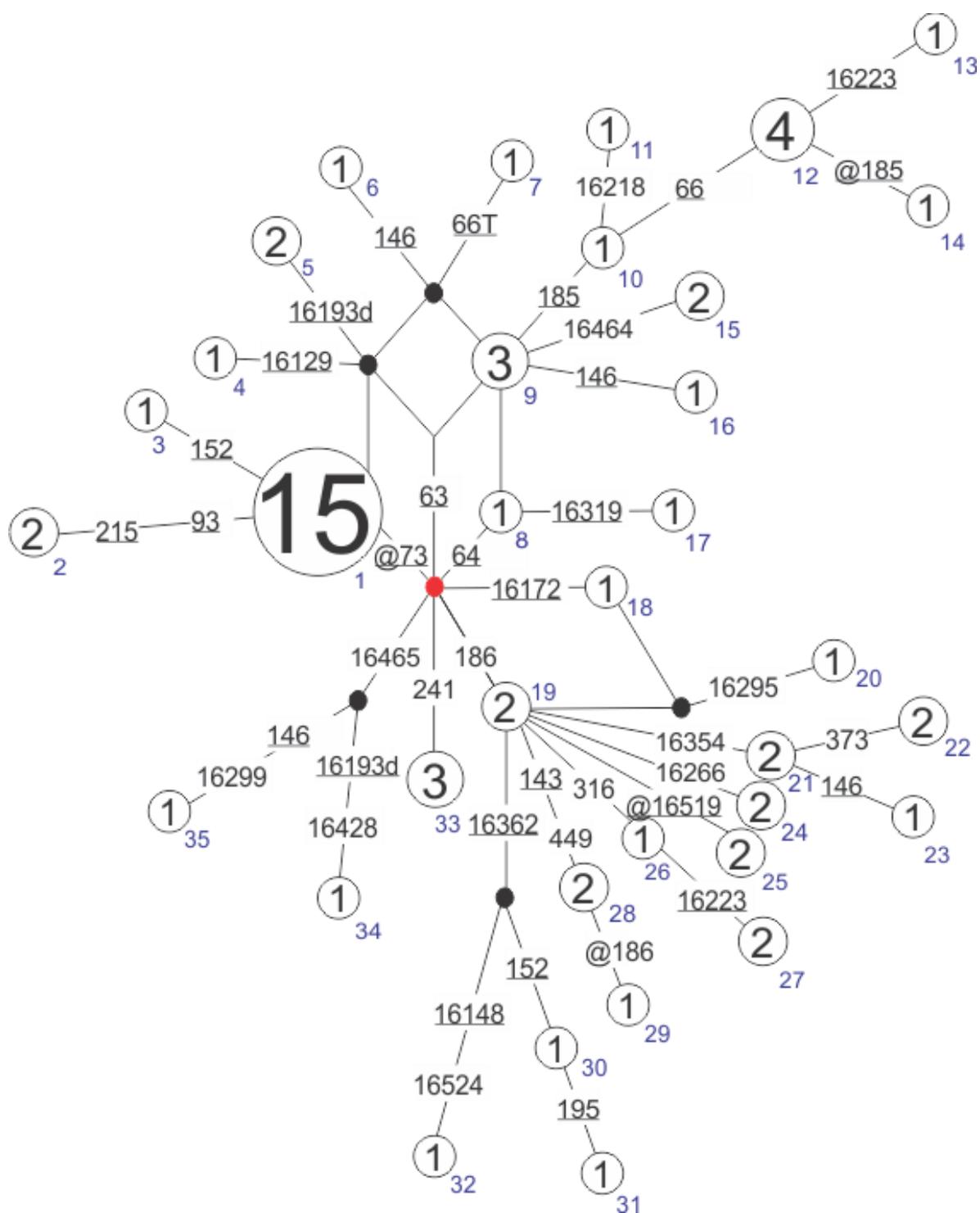




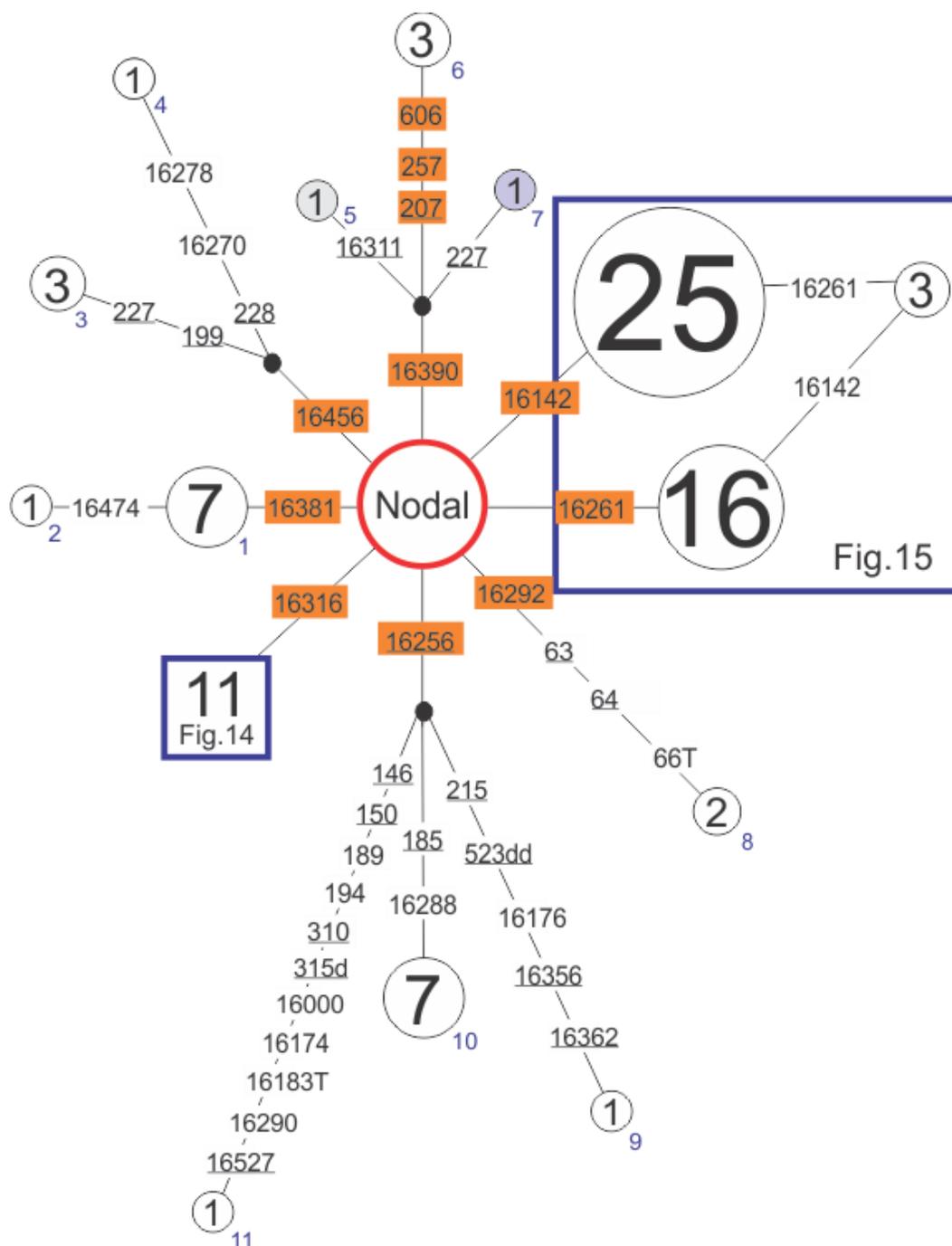


Figura 12. Red de haplotipos correspondientes a B2 + 16188.



El haplotipo 12.32 comparte las mutaciones 16188 y 16148 con el haplotipo 7.10, pero por un criterio geográfico se privilegió la presencia compartida de las mutaciones 143 + 247 en Tartagal.

Figura 13. Red de haplotipos correspondientes a B2 cuerpo 5.



La mutación 16390 en contexto sudamericano está asociada a 470, 16142, 16454, 16168 y también a la mutación 6755 que define a un linaje amazónico en Región Control.

La pertenencia de los haplotipos 9 y 11 a 16256 está sustentada por información de secuencias completas.

Figura 14. Red de haplotipos correspondientes a B2 + 16316.

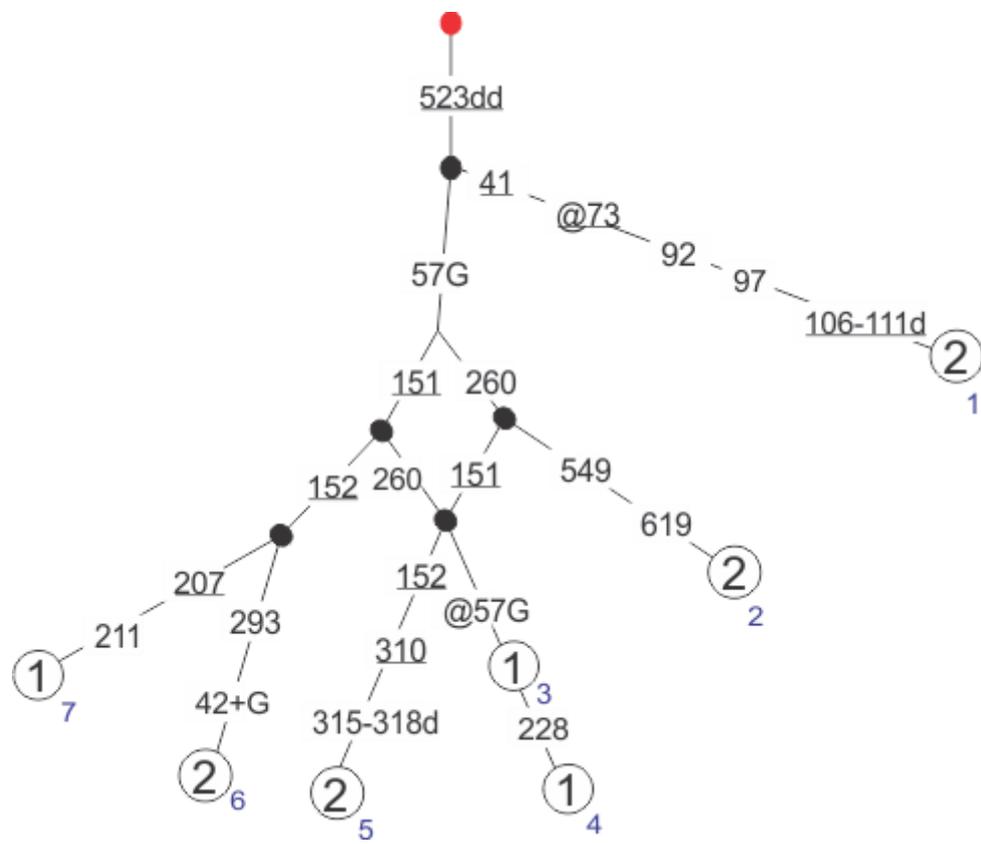
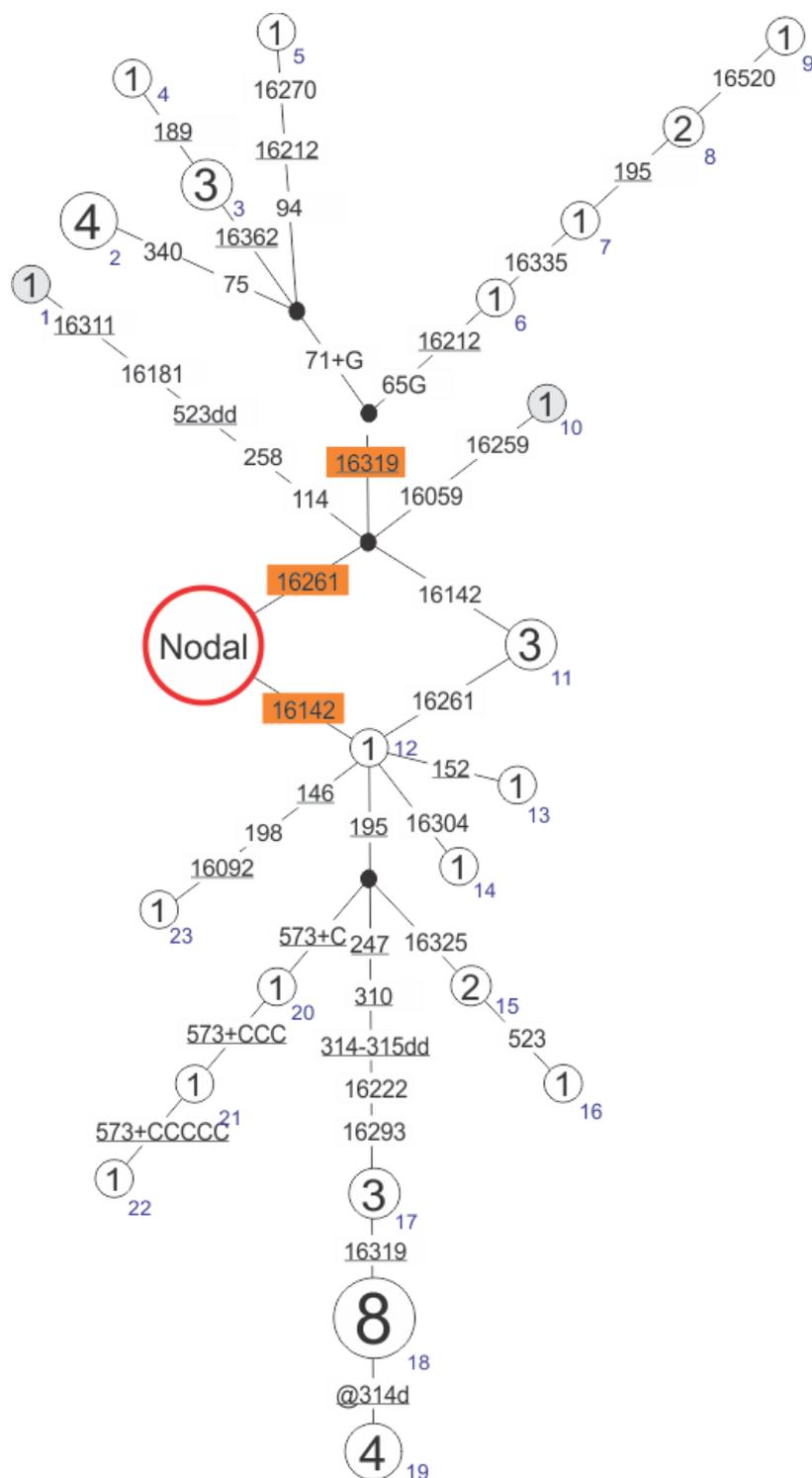
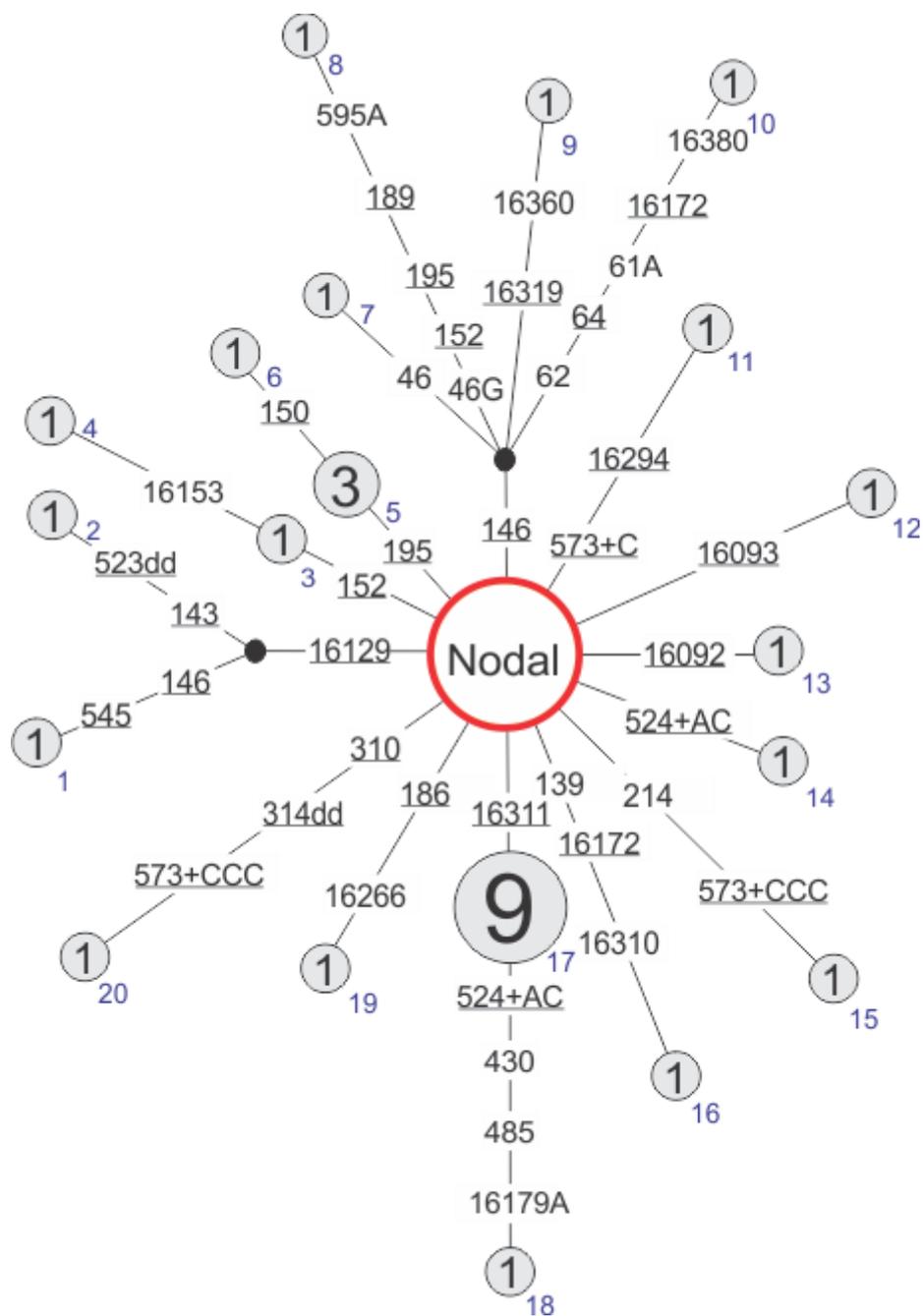


Figura 15. Red de haplotipos correspondientes a B2 + 16142 y 16261.



El haplotipo 11 es considerado perteneciente al linaje definido por la mutación 16142 por la coherencia geográfica del clado definido por dicha mutación.

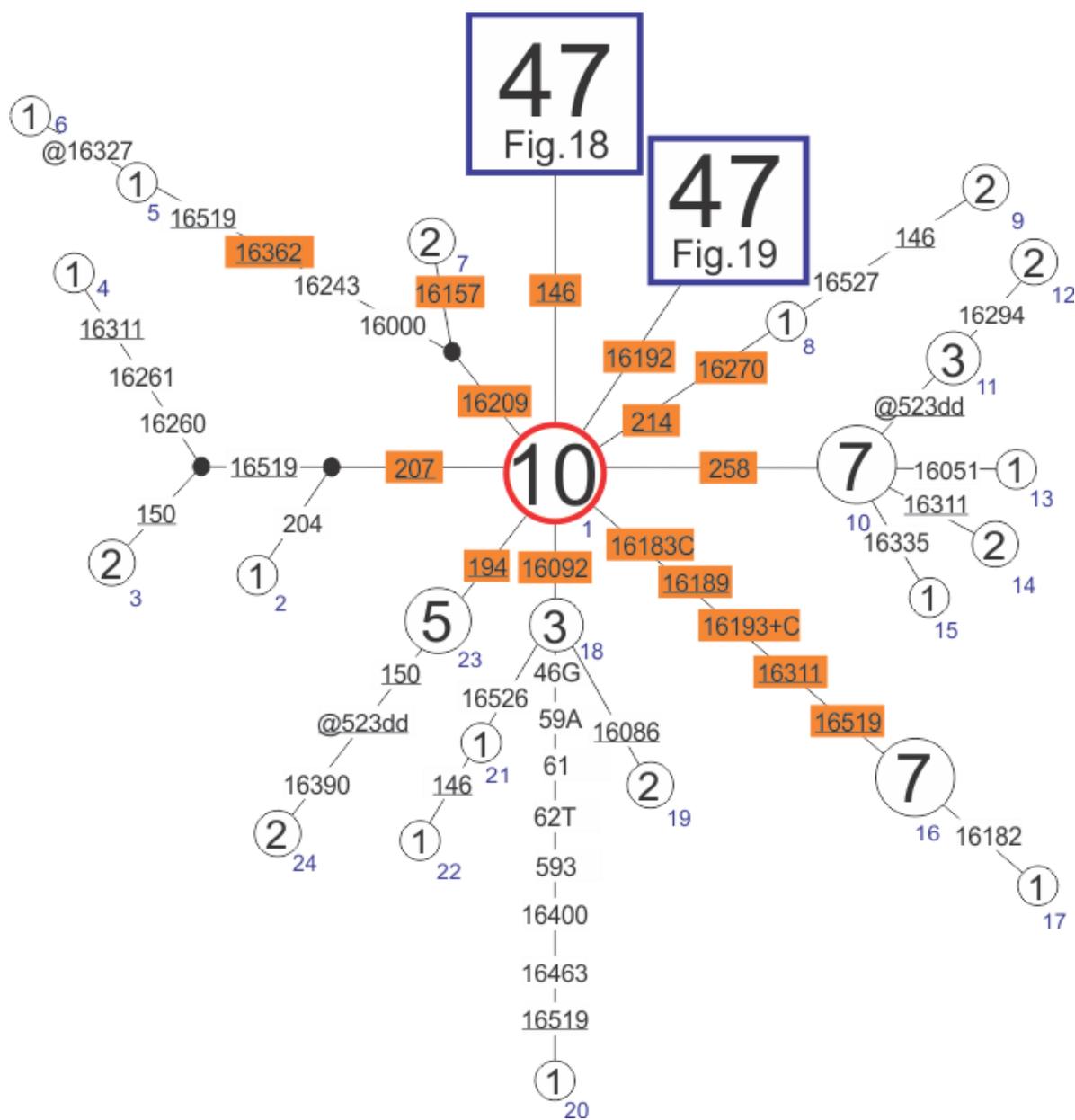
Figura 16. Red de haplotipos correspondientes a B2 no asignados.



### 7.2.3.3 Haplogrupo C1b

Mutaciones del nodal respecto de la SRCr en RC: 73 249d 263 290-291d 315+C 489 493 522-523d 16223 16298 16325 16327

Figura 17. Red de haplotipos correspondientes a C1b cuerpo.



En esta red no están incluidos los haplotipos no asignados a un linaje, los cuales se muestran en la figura 20.

Figura 18. Red de haplotipos correspondientes a Clb + 146.

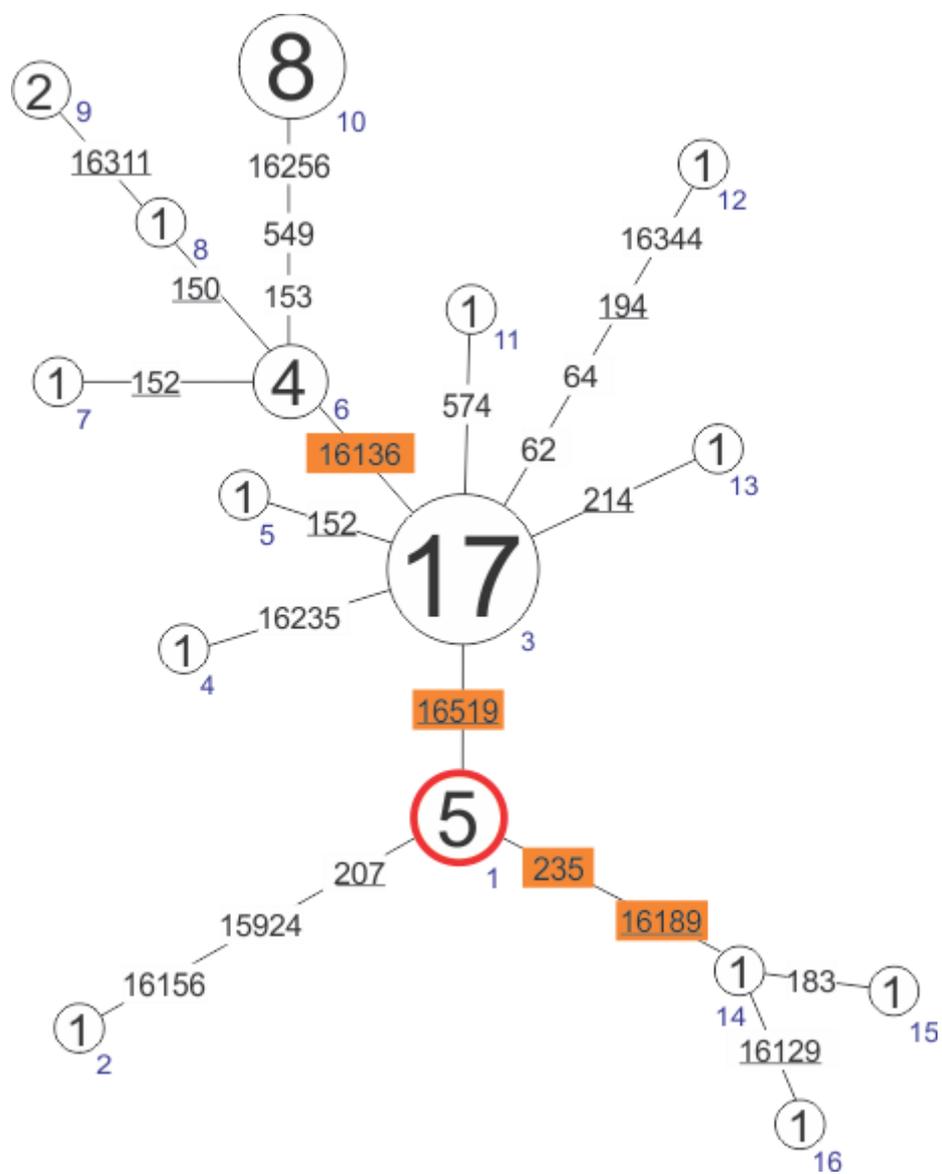


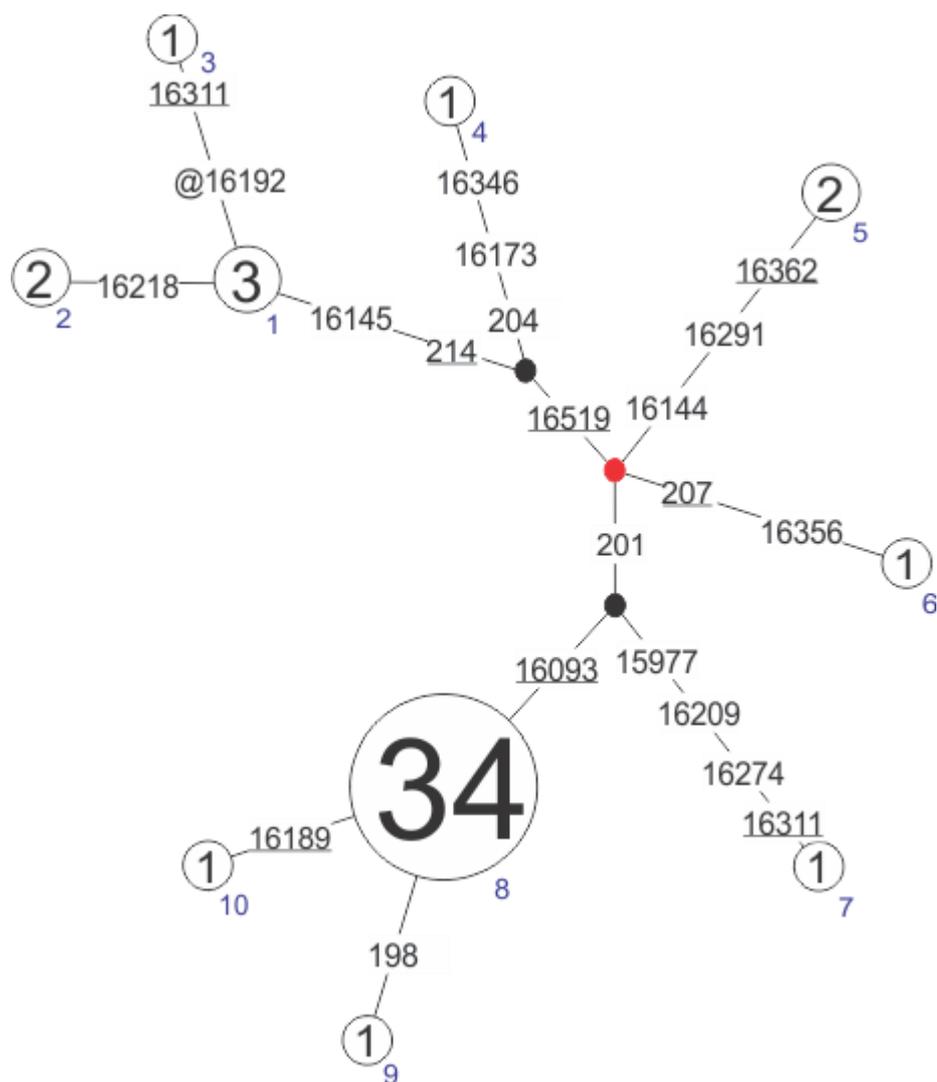
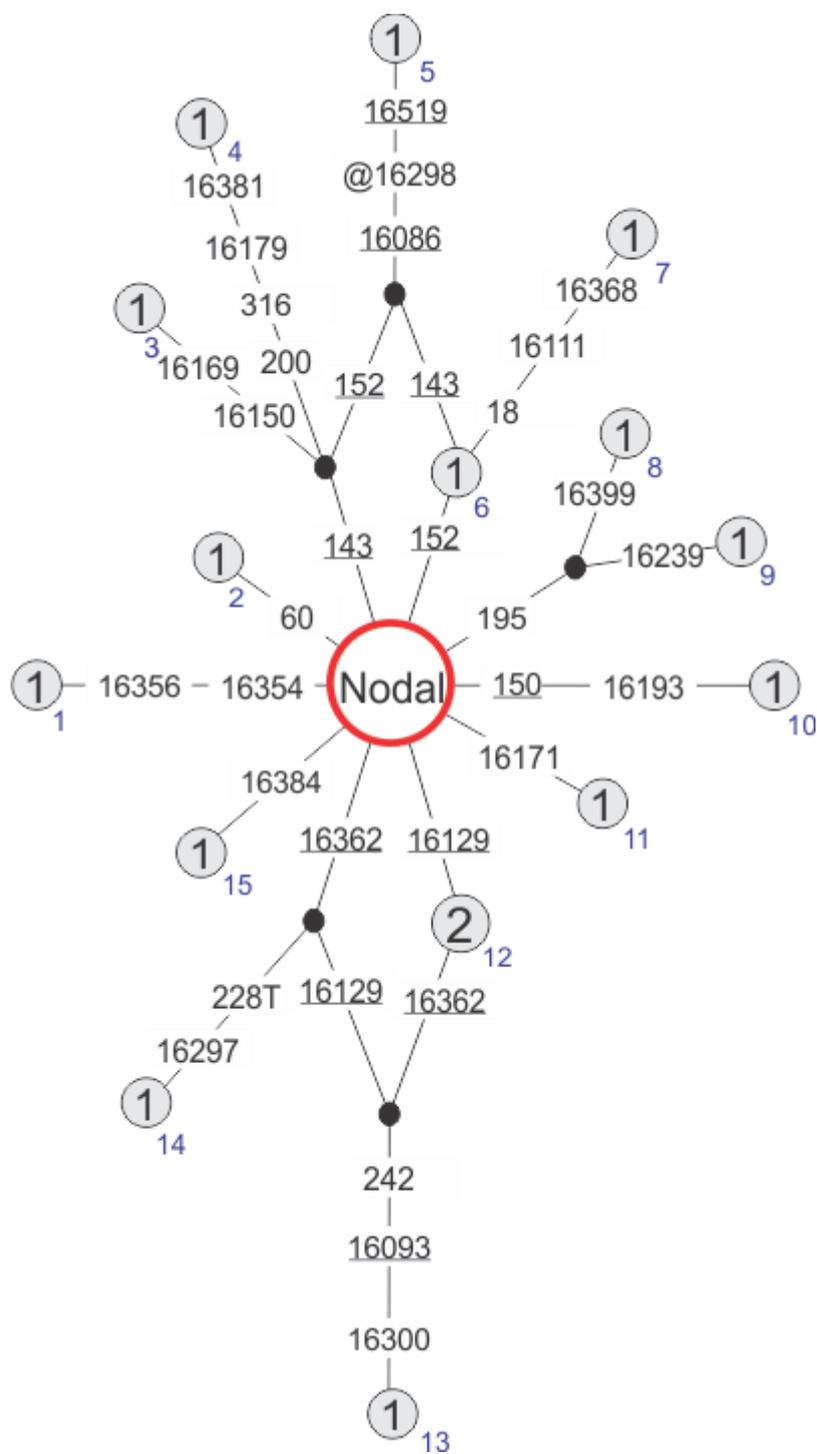
Figura 19. Red de haplotipos correspondientes a *Clb* + 16192.

Figura 20. Red de haplotipos correspondientes a Clb No asignados.



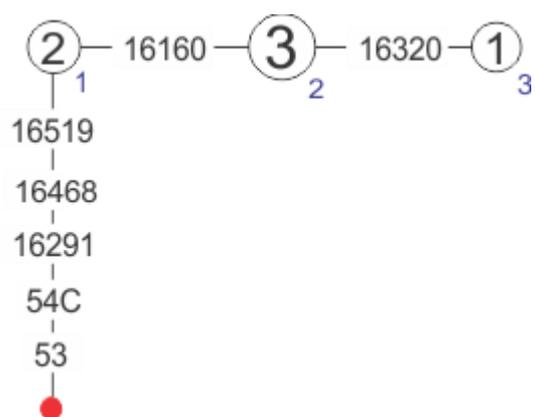




### 7.2.3.3 Haplogrupo C4c

Mutaciones del nodal respecto de la SRCr en RC: 73 249d 263 315+C 489 16223 16298 16327

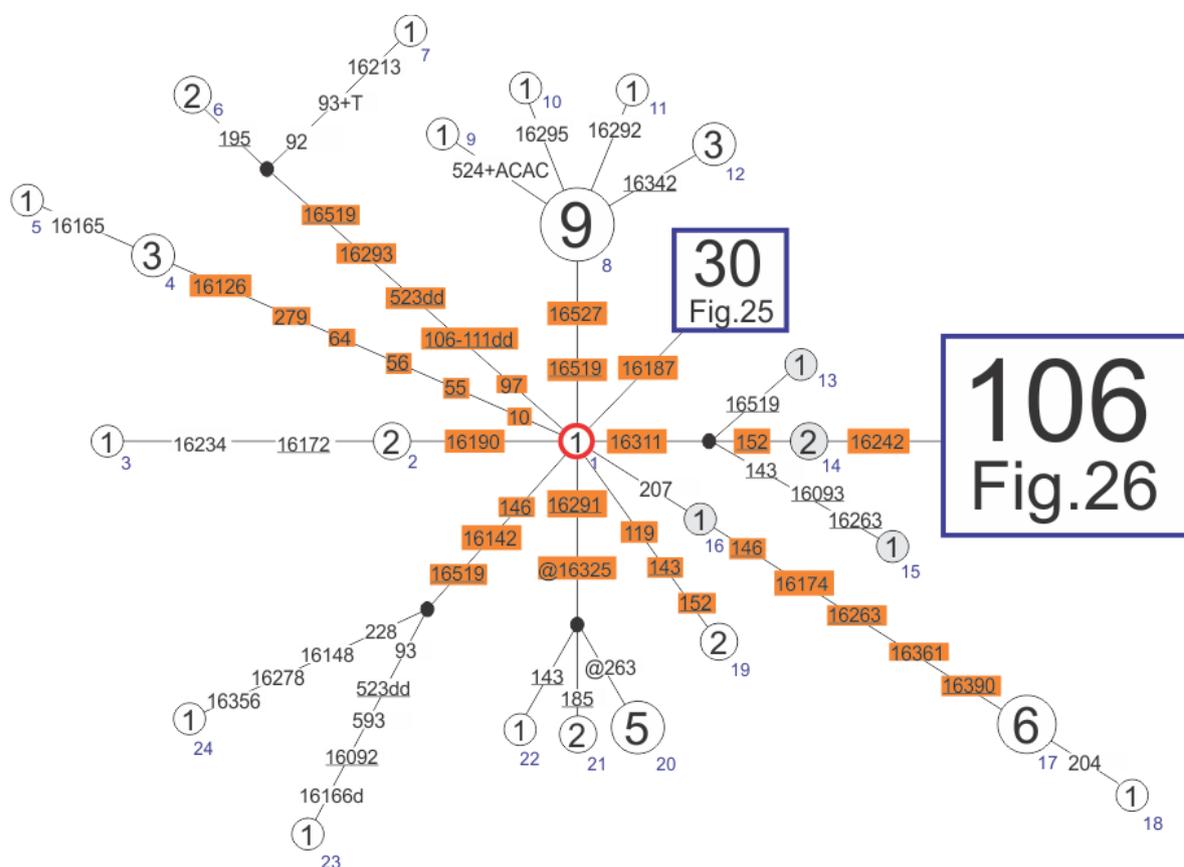
Figura 23. Red de haplotipos correspondientes a C4c.



### 7.2.3.4 Haplogrupo D1

Mutaciones del nodal respecto de la SRCr en RC: 73 263 315+C 489 16223 16325 16362

Figura 24. Red de haplotipos correspondientes a D1 cuerpo.

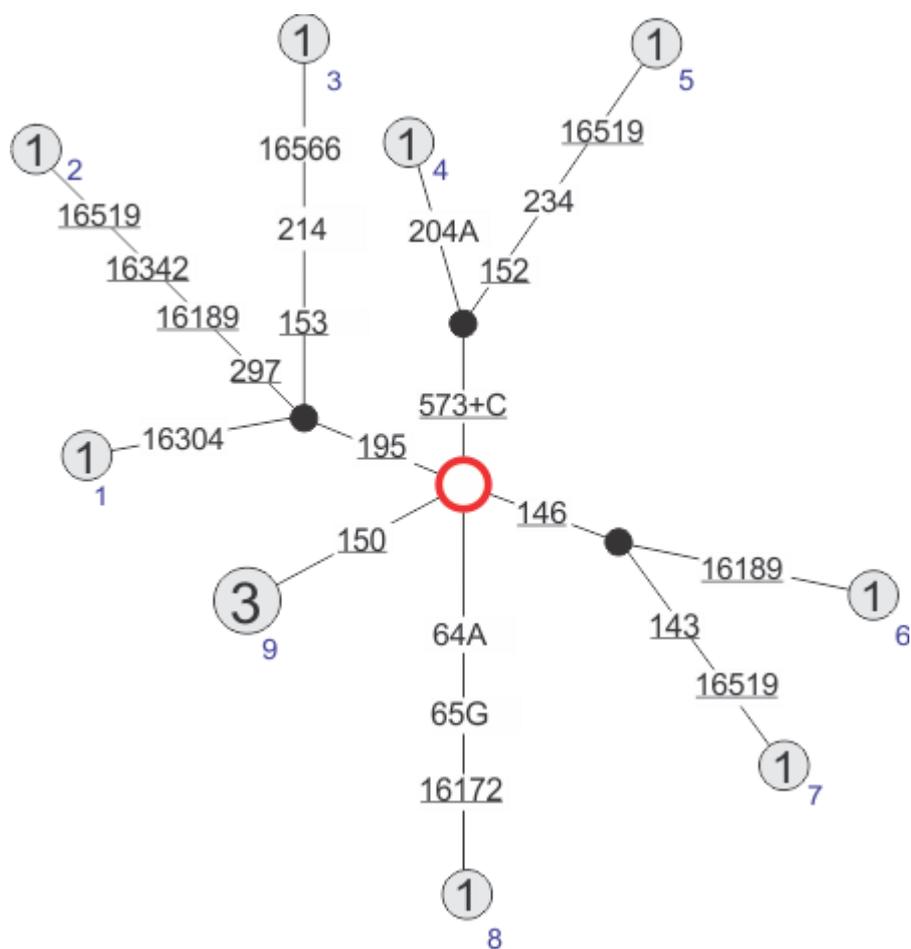


En esta red no están incluidos los haplotipos no asignados, los cuales se muestran en la figura 27.





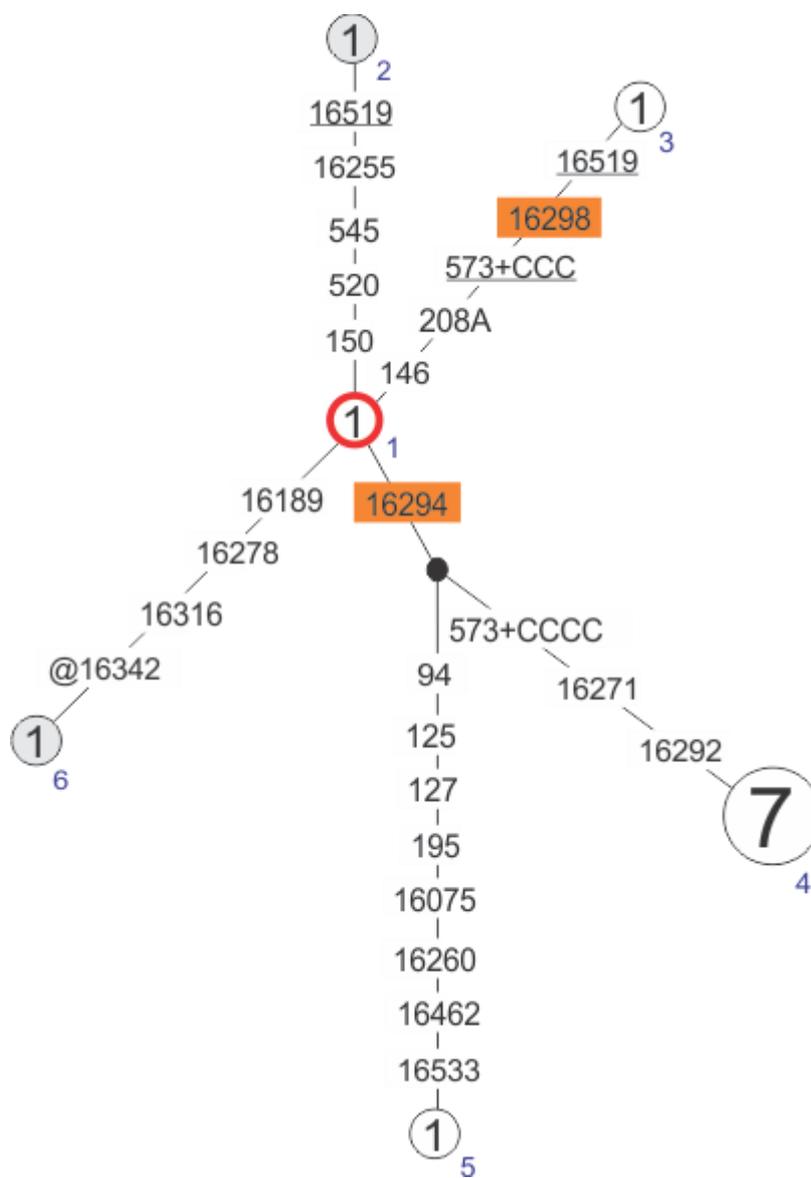
Figura 27. Red de haplotipos correspondientes a D1 No asignados.



### 7.2.3.4 Haplogrupo D4h3a

Mutaciones del nodal respecto de la SRCr en RC: 73 152 263 315+C 489 16223 16241 16301 16342 16362

Figura 28. Red de haplotipos correspondientes a D4h3a.



## 7.2.4. FRECUENCIA DE CLADOS POR POBLACIÓN.

Hg	Clado	MZA	VTU	SIN	CAL	CHE	LR	BEL	SMA	JUJ	MM	TTG	LQ	TOT	
<b>A2</b>	A2 Nodales (incluidos +16519 y +@64)	3	2	5	1	5	3	1	0	1	3	2	2	28	
	A2 No asignados	3	0	1	1	0	0	0	2	1	2	8	5	23	
	A2+ <u>143 310 16519</u>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	
	A2+ 150	3	11	5	3	2	2	1	0	0	0	0	1	28	
	A2+ <b>155 16519</b>	0	0	0	0	0	0	3	3	0	0	0	0	6	
	A2+ <b>194 @16111 16519</b>	0	0	0	0	0	0	0	1	0	6	0	2	9	
	A2+ <b>210 16519</b>	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	3	
	A2+ 200 <b>251 @253dd</b>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	4	5	
	A2+ <b>263 (x16291)</b>	0	0	2	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	4
	A2+ 239	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	3	
	A2+ <b>15972 16189</b>	2	2	1	0	0	0	0	2	0	0	0	0	7	
	A2+ @64 <b>16051</b>	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	4	1	7	
	A2+ @64 <b>16094</b>	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	2	
	A2+ <b>16095 16519</b>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	
	A2+ <b>195 16129 16519</b>	0	1	1	0	4	1	0	0	0	0	0	0	7	
	A2+ 16209	1	0	1	0	0	0	1	1	0	0	2	1	7	
	A2+ <b>16217 16519</b>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	2	3	
	A2+ @64 @16111 <b>16256 16519</b>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	0	4	7	
	A2+ <b>234 @16111 16189 16260 16288</b>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	2	
	A2+ 16266	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2	1	4	
A2+ 16286	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	2		
A2+ <b>16294 16519</b>	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	1	0	3		
A2+ 16465	0	1	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	3		
A2+ @64 @235 <b>16512 16547 16551G</b>	1	0	1	0	0	0	0	0	0	2	2	1	7		
<b>TOTAL A2</b>		<b>13</b>	<b>18</b>	<b>18</b>	<b>8</b>	<b>12</b>	<b>7</b>	<b>8</b>	<b>9</b>	<b>7</b>	<b>22</b>	<b>23</b>	<b>29</b>	<b>174</b>	

Hg	Clado	MZA	VTU	SIN	CAL	CHE	LR	BEL	SMA	JUJ	MM	TTG	LQ	TOT
	B2 Nodales	0	2	2	0	0	0	0	0	0	6	4	1	15
	B2 No asignados	1	2	2	0	0	0	2	1	1	16	12	12	49
	B2+ 54	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	2
	B2+ 93 195	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5	0	5
	B2+ 103	0	1	0	0	0	0	0	2	1	4	3	3	14
	B2+ 127	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3
	B2+ 143 146 (x215, 103, 16289)	1	4	2	4	1	1	0	1	0	0	1	0	15
	B2+ 203 204	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	4	1	6
	B2+ 204 207 (x470)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2	1	4
	B2+ 197 207 292	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	4
	B2+ 228T	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	2
	B2+ 66T <b>235</b> 16126	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	2
	B2+ 247 (x16142)	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	8	0	10
	B2+ 215 16086 16454 16455	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	0	2	6
	B2+ 215 146 455+T	1	0	0	0	0	0	20	16	1	16	2	14	70
	B2+ 470	1	1	4	7	0	0	0	0	0	0	1	0	14
	B2+ 479 480	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	2	4
	B2+ 16051	0	0	0	0	0	0	0	0	2	1	2	2	7
	B2+16096T	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2
	B2+ 16111	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5	0	2	7
	B2+ @263 16092 16126 <b>16214</b> 16355A	0	1	3	1	0	0	1	1	1	0	1	0	9
	B2+ 16140	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	2	1	5
	B2+ 16142	2	2	7	0	0	5	2	6	0	0	2	2	28
	B2+ 16145 16362	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	2	0	3
	B2+ 16145 16156 16157	0	0	0	0	0	3	2	0	1	3	0	2	11
	B2+ 16168 (x16249)	0	2	0	0	0	0	0	0	0	3	0	2	7

**B2**

Hg	Clado	MZA	VTU	SJN	CAL	CHE	LR	BEL	SMA	JUU	MM	TTG	LQ	TOT
<b>B2</b>	B2+ 16178	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	4
	B2+ 16182T	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	0	3
	B2+ 16185	1	0	0	0	0	3	0	0	1	1	0	1	7
	B2+ 16188	1	1	1	0	0	1	1	4	3	20	5	29	66
	B2+ 146 207 16221	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	2
	B2+16242	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	4	6
	B2+ 16249 146 195	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	1	4
	B2+ 16261 16319	0	0	0	2	1	0	0	0	1	0	0	10	14
	B2+ 16256	0	0	0	0	0	0	0	0	1	3	2	3	9
	B2+ 143 16289 (x470)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	8	0	1	9
	B2+ 16292	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	2
	B2+ 16309 (x16188)	0	0	0	0	0	0	1	3	0	7	0	1	12
	B2+ 16316	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	5	5	11
	B2+ 16381	1	0	0	0	0	0	0	0	0	4	2	1	8
B2+ 16390 207 257 606	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	1	3	
B2+ 16456	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	2	4	
<b>TOTAL B2</b>	<b>9</b>	<b>16</b>	<b>23</b>	<b>14</b>	<b>2</b>	<b>13</b>	<b>29</b>	<b>42</b>	<b>16</b>	<b>113</b>	<b>76</b>	<b>115</b>	<b>468</b>	

Hg	Clado	MZA	VTU	SJN	CAL	CHE	LR	BEL	SMA	JUJ	MM	TTG	LQ	TOT
<b>C1b</b>	C1b Nodales	1	3	0	0	0	0	1	1	1	0	1	1	10
	C1b No asignados	2	2	0	2	0	0	2	0	1	3	3	3	18
	C1b+146	3	3	9	1	5	6	3	2	2	2	10	1	47
	C1b+ 194 (x146)	1	1	0	0	2	2	0	0	0	0	1	0	7
	C1b+ 207 (x146, 16192)	0	0	0	0	2	0	0	1	0	0	1	0	4
	C1b+ 258	3	3	1	6	1	1	0	0	0	1	0	0	16
	C1b+ 16092	1	1	1	0	0	0	0	3	1	1	0	0	8
	C1b+ 16192	0	2	12	13	4	1	1	8	0	3	1	2	47
	C1b+ 16189 16311 16519	0	0	0	0	0	0	1	4	0	2	0	1	8
	C1b+ 16209 16243	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	2
	C1b+ 214 16270	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	1	0	3
	<b>TOTAL C1b</b>	<b>11</b>	<b>15</b>	<b>24</b>	<b>22</b>	<b>14</b>	<b>12</b>	<b>8</b>	<b>20</b>	<b>5</b>	<b>13</b>	<b>18</b>	<b>8</b>	<b>170</b>
	C1c Nodales	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
C1c No asignados	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	1	5
C1c + @13263	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3
C1c+ 16169	0	0	0	0	0	0	0	1	3	0	1	6	0	11
C1c+ 16304	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	3	7
C1c+16311 215 228 294	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	4
C1c+ 16311 16368 16390 151 152	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	5
<b>TOTAL C1c</b>	<b>2</b>	<b>4</b>	<b>2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>5</b>	<b>3</b>	<b>0</b>	<b>5</b>	<b>12</b>	<b>4</b>	<b>37</b>
C1d No asignados	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
C1d+195 (C1d1b)	3	1	7	3	0	7	0	9	2	1	4	1	4	38
C1d+ 55+T 57 59 @194 16086 16170	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	2
C1d+ 16249	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
<b>TOTAL C1d</b>	<b>3</b>	<b>2</b>	<b>9</b>	<b>4</b>	<b>0</b>	<b>7</b>	<b>0</b>	<b>9</b>	<b>2</b>	<b>2</b>	<b>2</b>	<b>4</b>	<b>2</b>	<b>44</b>
<b>C4c</b>	<b>TOTAL C4c</b>	<b>0</b>	<b>1</b>	<b>2</b>	<b>1</b>	<b>2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>6</b>

Hg	Clado	MZA	VTU	SJN	CAL	CHE	LR	BEL	SMA	JUJ	MM	TTG	LQ	TOT
<b>D1</b>	D1 Nodales	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1
	D1 No asignados	1	0	2	0	1	0	1	3	1	2	4	1	16
	D1 + 119	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	2
	D1+16142 (D1f)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	2
	D1+16174 16263 16361 16390	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	7	0	7
	D1+ 16187 (D1g)	9	4	5	7	0	3	0	1	0	0	1	0	30
	D1 + 16190	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	1	0	3
	D1+ 152 16242 16311 (D1j)	6	3	11	5	13	35	8	15	3	1	6	0	106
	D1 + 16126 279	0	0	1	3	0	0	0	0	0	0	0	0	4
	D1+ 16291 @16325	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	8	0	8
	D1+ 16293	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	3
	D1+ 16527	0	0	1	0	0	0	0	3	0	3	2	6	15
	<b>TOTAL D1</b>	<b>17</b>	<b>7</b>	<b>20</b>	<b>15</b>	<b>14</b>	<b>39</b>	<b>11</b>	<b>22</b>	<b>4</b>	<b>7</b>	<b>31</b>	<b>10</b>	<b>197</b>
<b>D4h3a</b>	D4h3a Nodales	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
	D4h3a No asignados	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	2	0	3
	D4h3a+ 16294	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0	1	1	8
	<b>TOTAL D4h3a</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>6</b>	<b>6</b>	<b>0</b>	<b>3</b>	<b>3</b>	<b>1</b>	<b>12</b>
<b>TOTAL DE LINEAJES NATIVOS</b>		<b>55</b>	<b>63</b>	<b>99</b>	<b>65</b>	<b>44</b>	<b>78</b>	<b>61</b>	<b>111</b>	<b>34</b>	<b>162</b>	<b>167</b>	<b>169</b>	<b>1108</b>

## 7.2.5 PUNTOS GEOGRÁFICOS DEFINIDOS PARA LA INTERPOLACIÓN DE FRECUENCIAS DE CLADOS

### 7.2.5.1 Puntos geográficos definidos para polimorfismos en la RHVI

Fuente	Población	Localidad	N A-D	Punto geográfico	N A-D
Este trabajo	Urbana	ARG CAT BEL, Belén	61	ARG Belén	61
Bobillo 2009	Urbana	ARG BUE	89	ARG Bs As	141
Catelli 2011	Urbana	ARG BUE	52		
Este trabajo	Urbana	ARG SNJ CAL, Calingasta	65	ARG Calingasta	65
Tamm 2007	Urbana	ARG CAT, SFV de Cat	25	ARG Catamarca	27
Catelli 2011	Urbana	ARG CAT	2		
Cabana 2006	Toba	ARG CHA	43	ARG Chaco	84
Cabana 2006	Wichí	ARG CHA	32		
Torróni 1993	Wichí	ARG CHA El Sauzalito	3		
Catelli 2011	Urbana	ARG CHA	2		
Bobillo 2009	Urbana	ARG CHA	4		
Este trabajo	Urbana	ARG LRJ RVP, Chepes	44	ARG Chepes	44
Salas 2008	Urbana	ARG, Córdoba	42	ARG Córdoba	119
Catelli 2011	Urbana	ARG CBA	63		
IMBICE, Inédito	Urbana	ARG CBA, Pampa de Achala	14		
IMBICE, Inédito	Urbana	ARG CRR CUA, Curuzú Cuatiá	140	ARG Corrientes	168
Catelli 2011	Urbana	ARG CRR	5		
Bobillo 2009	Urbana	ARG CRR	23		
Cabana 2006	Pilaga	ARG FOR	40	ARG Formosa	150
Cabana 2006	Toba	ARG FOR	24		
Cabana 2006	Wichí	ARG FOR	70		
Catelli 2011	Urbana	ARG FOR	1		
Bobillo 2009	Urbana	ARG FOR	15		
IMBICE, Inédito	Urbana	ARG	115	ARG Gualeguaychú	115
IMBICE, Inédito	Cochinoca	ARG JUJ, Cochinoca	17	ARG Jujuy oeste	59
IMBICE, Inédito	Rinconada	ARG JUJ, Rinconada	20		
IMBICE, Inédito	Susques	ARG JUJ, Susques	22		
Este trabajo	Urbana	ARG JUJ SSJ	34	ARG SS de Jujuy	34
IMBICE, Inédito	Urbana	ARG ERI LPZ, La Paz	56	ARG La Paz	56
Este trabajo	Urbana	ARG	169	ARG La Quiaca	169
Este trabajo	Urbana	ARG LRI, La Rioja	78	ARG La Rioja	78
Este trabajo	Urbana	ARG, Maimará	115	ARG Maimará	162
Este trabajo	Urbana	ARG, Purmamarca	31		
Este trabajo	Urbana	ARG, Tumbaya	16		

Fuente	Población	Localidad	N A-D	Punto geográfico	N A-D
IMBICE, Inédito	Urbana	ARG, Malargüe	117	ARG Malargüe	117
Este trabajo	Urbana	ARG MZA, Mendoza	55	ARG Mendoza	55
Bobillo 2009	Urbana	ARG MIS	22	ARG Misiones	145
Catelli 2011	Urbana	ARG MIS	2		
Sala 2010	Mbyá	ARG MIS	121		
IMBICE, Inédito	Tehuelches	ARG CHU, Loma Redonda	6	ARG Patagonia sur	61
IMBICE, inédito	Tehuelches	ARG CHU, El Chalfá	17		
Bobillo 2009	Urbana	ARG CHU	1		
IMBICE, Inédito	Urbana	ARG CHU	15		
Catelli 2011	Urbana	ARG CHU	1		
IMBICE, Inédito	Tehuelches	ARG SCR	5		
Moraga 2000	Yahgan	Chile XII, Antartica, Isla Navarino Puerto Williams	15		
Catelli 2011	Urbana	ARG SCR	1		
IMBICE, Inédito	Mapuches	ARG RNE	51	ARG Río Negro	216
Bobillo 2009	Urbana	ARG RNE	30		
IMBICE, Inédito	Urbana	ARG RNE, Bariloche	27		
IMBICE, Inédito	Urbana	ARG RNE, El Bolsón	69		
Ginther 1993	Mapuche	ARG RNE PIL, Anecón Grande	39		
Tamm 2007	Urbana	ARG SAL, Salta	18	ARG Salta	77
Alvarez-Iglesias 2007	Coyas	ARG SAL+JUJ	59		
Este trabajo	Urbana	ARG SNJ CAP, San Juan	99	ARG San Juan	99
IMBICE, Inédito	Urbana	ARG SFE GOB, Reconquista	79	ARG Santa Fe	91
Tamm 2007	Mocovi	ARG SFE JUS, Gob.Crespo	5		
Catelli 2011	Urbana	ARG SFE	3		
Bobillo 2009	Urbana	ARG SFE	4		
Este trabajo	Urbana	ARG CAT SMA, Santa María y San José	111	ARG Santa María	111
IMBICE, Inédito	Tobas	ARG SAL RBN SVE	9	ARG Sta. Victoria Este	115
IMBICE, Inédito	Chaqueños indet	ARG SAL RBN SVE	20		
IMBICE, Inédito	Chorote	ARG SAL RBN SVE	25		
IMBICE, Inédito	Wichi	ARG SAL RBN SVE	61		
Este trabajo	Urbana	ARG SAL, Tartagal	167	ARG Tartagal	167
Este trabajo	Urbana	ARG MZA LAV, Villa Tulumaya	63	ARG V. Tulumaya	63

Fuente	Población	Localidad	N A-D	Punto geográfico	N A-D
Bert 2004	Ignaciano	BOL BNI	15	BOL Beni	98
Bert 2004	Movima	BOL BNI	12		
Bert 2004	Trinitario	BOL BNI	11		
Bert 2004	Yuracare	BOL BNI	15		
Corella 2007	Aymara	BOL BNI	10		
Corella 2007	Chimane	BOL BNI	9		
Corella 2007	Mosetén	BOL BNI	10		
Corella 2007	Quechua	BOL BNI	16		
Afonso 2010	Urbana	BOL LPZ, La Paz	109	BOL La Paz	206
Gaya Vidal 2011	Aymara	BOL LPZ, zona del Lago Titicaca	97		
Gaya Vidal 2011	Quechua	BOL PSI, Tomás Frías, Tinguipaya	91	CHI norte + BOL PSI, Tomas Frías	108
Yang 2010	Aymara	Chile	17		
Carvalho 2008	Afro-brasileros	Brasil AP, Mazagao	19	BRA Amapá	47
Fagundes 2008	Tiryó	Brasil, Amapá	2		
Fagundes 2008	Waiwai	Brasil, Amapá	5		
Fagundes 2008	Waiãmpi	Brasil, Amapá	1		
Ribeiro dos Santos 2002	Afro-brasileros Curiau	Brasil AP, Macapá	20		
Fagundes 2008	Katuena	Brasil	3	BRA Amazonas	233
Torrioni 1993	Makiritare	Brasil	1		
Torrioni 1993	Ticuna	Brasil	3		
Healy y Hunley GenBank 2008	Karitiana HGDP	Brasil	24		
Ribeiro dos Santos 2001	Arara of Laranjal [Karib]	Brasil	9		
Santos 1996	Indios amazónicos	Brasil	90		
Fagundes 2008	Yanomama	Brasil (Roraima y Amazonas)	6		
Ribeiro dos Santos 2007	Afro-amazonas	Brasil, varias localidades	97		
Gonçalves 2010	Mineiros	Brasil, M. Gerais, Qeixadinha	20	BRA CE	102
Perego 2010	Urbana	Brasil, Minas Gerais	1		
Alves-Silva 2000	Urbana	Brasil Sureste	33		
Yao 2007	Urbana	Brasil, Sao Paulo	4		
Prieto 2010	Urbana	Brasil, Great São Paulo	31		
Gonçalves 2008	Urbana	Brasil, Sao Paulo	13		
Marrero 2007	Guaraní Ñandevá	Brasil, Mato Grosso Sul y Paraná states	56	Mato Grosso Sur	177
Marrero 2007	Guaraní Kaiowá	Brasil, Mato Grosso Sul y Paraná states	120		
Perego 2010	Urbana	Brasil, Mato Grosso do Sul	1		

Fuente	Población	Localidad	N A-D	Punto geográfico	N A-D
Ward 1996	Xavante (Gé)	Brasil, Mato Grosso	25	BRA Mato Grosso y Rondonia	111
Ward 1996	Gaviao (Tupí-Mondé)	Brasil, Rondonia	27		
Healy y Hunley GenBank 2008	Surui HGDP	Brasil	21		
Fagundes 2008	Suruí	Brasil, Rondonia	2		
Fagundes 2008	Xavante	Brasil, Mato grosso	2		
Fagundes 2008	Zoró	Brasil, Mato grosso y Rondonia	4		
Ward 1996	Zoró (Tupí-Mondé)	Brasil, Mato Grosso	30		
Barbosa 2008	Urbana	Brasil NE, Alagoas	55	BRA NE	84
Carvalho 2008	Afro-brasileros	Brasil Maranhao, Tamauari	17		
Bortolini 1999	Afro-brasileros	Brasil Salvador	1		
Alves-Silva 2000	Brasileros blancos	Brasil Noreste(Pernambuco)	11		
Carvalho 2008	Afro-brasileros	Brasil Pará, Trombetas	14	BRA Pará	288
Carvalho 2008	Afro-brasileros	Brasil Pará, Marajó	15		
Carvalho 2008	Afro-brasileros	Brasil Pará, Pitimandeuá	9		
Alves-Silva 2000	Brasileros blancos	Brasil North (AZ, PR, RN, Acre)	26		
Silva 2006	Afro-Brazilian	Brasil N, Pará, Cametá	10		
Marinho 2011	Urbana	Brasil, Pará, Belem	19		
SIBI database	Urbana	Brasil, Santa Flor	12		
Ribeiro dos Santos 2001	Arara of Irii [Karib]	Brasil, Pará, Irii River	28		
Mazieres (2006)	Apalaí [Carib]	Brasil, Pará	102		
Torrioni 1993	Yanomama	Brasil	3		
Torrioni 1993	Kraho	Brasil	1		
Fagundes 2008	Arara/Arara do Laranjal	Brasil	1		
Fagundes 2008	Kayapó/Kriketun	Brasil, Pará o Matto Grosso	2		
Fagundes 2008	Kayapó/Kubemkokre	Brasil, Pará o Matto Grosso	2		
Fagundes 2008	Gavião	Brasil, Pará	3		
Fagundes 2008	Poturujara	Brasil, Pará	3		
Feio-dos-Santos 2006	Urbana	Brasil, Para, Santarem	38		
Marrero 2007	Guaraní Mbyá	Brasil, Paraná state	24	BRA Paraná y Santa Catalina	76
Yang 2010	Guaraní	Brasil	8		
Yang 2010	Kaingang	Brasil	2		
Marrero 2007	Kaingang Paraná	Brasil, Paraná state	21		
Fagundes 2008	Guarani/Rio das Cobras	Brasil, Paraná	4		
Palencia 2010	Urbana	Brasil, Santa Catarina	17		

Fuente	Población	Localidad	N A-D	Punto geográfico	N A-D
Marrero 2005	Urbana	Brasil RS	11	BRA RGS	203
Alves-Silva 2000	Brasileros blancos	Brasil sur (PA, SC, RGS)	11		
Marrero 2007	Kaingang	Brasil, RGS state	53		
Marrero 2007	Gaúchos	Brasil, RGS, Pampa region	54		
Guerreiro 2009	Brasileros blancos	Brasil, RGS, Porto Alegre	35		
Guerreiro 2009	Afro- brasileros	Brasil, RGS, Porto Alegre	16		
Perego 2010	Urbana	Brasil, Rio Grande do Sul	2		
Prieto 2010	Urbana	Brasil, SW	14		
Bortolini 1999	Afro- brasileros	Brasil POA y SAL	4		
Marrero 2005	urbana	Brasil RS, Veranópolis	3		
Yang 2010	Huilliche	Chile	20	CHI centro	122
Horai 1993	Urbana	Chile [Chiloé y IX Región]	44		
Moraga 2000	Pehuenche	Chile VIII	24		
Moraga 2000	Mapuche	Chile X, Valdivia, Isla Huapi	34		
Torres 2006	Amerindios	COL	64	COL indeterminado	112
Bryc 2010	Urbana	COL	20		
Family Tree	Urbana	COL	1		
Horai 1993	Amerindios	COL	20		
Perego 2010	Urbana	COL Mestizos	7		
Tamm 2007	Coreguaje	COL	27	COL Amazonia	74
Tamm 2007	Vaupes	COL	22		
Yang 2010	Ticuna	COL	12		
Healy y Hunley GenBank 2008	Curripaco/Piapoco HGDP	COL	13		
Salas 2008	Afro-Colombianos	COL (Cauca+Valle de Cauca+Nariño)	23	COL Andes sur	114
Salas 2008	Mestizos	COL (Cauca+Valle de Cauca+Nariño)	64		
Salas 2008	Mulatos	COL (Cauca+Valle de Cauca+Nariño)	1		
Yang 2010	Inga	COL, ¿Pasto?	16		
Salas 2008	Paez	COL (Cauca+Valle de Cauca+Nariño)	10		
Perego 2010	Urbana	COL, Boyaca	1	COL centro	36
Díaz-Matallana 2010	Urbana	COL, Boyacá, Villa de Leyva	11*		
Díaz-Matallana 2010	Urbana	COL, Cundinamarca, Bogotá	24*		

\*En las muestras correspondientes al haplogrupo B, sólo se reportan polimorfismos a partir de la posición 16129

Fuente	Población	Localidad	N A-D	Punto geográfico	N A-D
Tamm 2007	Wayuu	COL, Guajira	42	COL norte	243
Yang 2010	Wayuu	COL, La Guajira	18		
Yang 2010	Arhuaco or Ijka	COL, Magdalena, Santa Marta	16		
Yang 2010	Kogi	COL, Magdalena, Santa Marta	16		
Díaz-Matallana 2010	Urbana	COL, Magdalena, Santa Marta	10		
Díaz-Matallana 2010	Urbana	COL, Atlántico, Barranquilla	2		
Yang 2010	Zenu	COL, ¿Cordoba o Sucre?	15		
Tamm 2007	Arsario	COL, Sa. Nevada	47		
Tamm 2007	Ijka	COL, Sa. Nevada	29		
Tamm 2007	Kogui	COL, Sa. Nevada	48		
Tamm 2007	Embera	COL y Panama	39	COL Pacífico	173
Tamm 2007	Waunana	COL y Panama	57		
Yang 2010	Waunana	COL, Chocó	18		
Yang 2010	Embera	COL	9		
Salas 2005	Afro-Chocó	COL	49		
Tamm 2007	Ngobë	COL/Panamá	1		
Tamm 2007	Cofan	ECU	4	ECU	435
Tamm 2007	Secoya	ECU	10		
Tamm 2007	Siona	ECU	2		
Bryc 2010	Urbana	ECU	19		
Rickards 1999	Cayapas HVS-I + HVS-II	ECU, Esmeraldas	30		
Rickards 1999	Cayapas HVS-I	ECU, Esmeraldas	120		
Baeta 2009	Waorani	ECU, Orellana, Toñampari y Bameno	111		
Cardoso 2009	Waorani	ECU	11		
Cardoso 2009	Waorani	ECU	24		
IMBICE, Inédito	Urbana	ECU	103		
Perego 2010	Urbana	ECU, Imbabura	1		
Mazieres (2006), Ph Diss	Kaliña (=Galibi) [Carib]	Guayana Francesa	29	Guyana Francesa	161
Mazieres (2006), Ph Diss	Emerillon [Tupí-Guaraní]	Guayana Francesa	30		
Mazieres (2006), Ph Diss	Palikur [Arawak]	Guayana Francesa	48		
Mazieres (2006), Ph Diss	Wayampi [Tupí]	Guayana Francesa	54		
Schmitt 2004	Aché (=Guayakí)	Paraguay	63	PAR este	76
Fagundes 2008	Ache	Paraguay	2		
Yang 2010	Aché	Paraguay	11		

Fuente	Población	Localidad	N A-D	Punto geográfico	N A-D
IMBICE, Inédito	Ayoreo	Paraguay	16	PAR Filadelfia	33
IMBICE, Inédito	Lengua	Paraguay	17		
Dornelles 2004	Ayoreo (=Moro)	Paraguay Bolivia	91	PAR oeste	91
Perego 2010	Urbana	Peru, Loreto	1	PERÚ norte	26
Perego 2010	Urbana	Peru, Loreto	1		
Perego 2010	Urbana	Peru, Cajamarca	1		
Perego 2010	Urbana	Peru, Piura	1		
Fuselli 2003	Quechua + Nomatsiguenga	Peru, San Martin Dept.	22		
Lewis 2007	Jaqaru parlantes	Peru, Lima, Yauyos, Tupe	16	PERÚ centro	157
Perego 2010	Urbana	Peru, Lima	8		
Estrada-Cuzcano 2005	Urbana	Perú	1		
Lewis 2007	Yungay Quechua	Peru, Ancash, Yungay	36		
Lewis Jr. 2005	Urbana	Peru, Ancash	33		
Perego 2010	Urbana	Peru, Huanucu	1		
Perego 2010	Urbana	Peru, Huancavelica	1		
Fuselli 2003	Tayacaja Quechua	Peru, Huancavelica Dept.	61		
Fuselli 2003	Arequipa Quechua	Peru, Arequipa Dept.	22	PERÚ sur Andes	171
Lewis 2007	Puno Quechua	Peru, Puno	30		
Lewis 2007	Puno Aymara	Peru, Puno	14		
Yang 2010	Quechua	Perú	18		
Estrada-Cuzcano 2005	Urbana	Perú	1		
Sandoval 2009	Quechua	Peru	22		
Barbieri 2010	Aymaras	Peru, Puno, Chimú	20		
Barbieri 2010	Uros	Peru, Puno, Lake Titicaca, Puma Uta island	7		
Barbieri 2010	Quechuas	Peru, Puno, Pucachupa	37		
Mazieres (2006), Ph Diss	Matsiguenga [Arawak]	Perú	38	PERU sur Amazonas	38
Bonilla 2004	Urbana	URU Tacuarembó, Tacuarernbó	15	URUGUAY	78
Pagano2005	Urbana	Uruguay	37		
Sans 2006	Urbana	Uruguay Cerro Largo Dept.	13		
Perego 2010	Urbana	Uruguay	1		
Sans 2011	Urbana	Uruguay, Flores, Trinidad	11		
Perego 2010	Urbana	Uruguay, Flores	1		

Fuente	Población	Localidad	N A-D	Punto geográfico	N A-D
Ghose 2002	Urbana	Venezuela, Caracas	8	VEN Caracas	142
Lander FSI Genet 2008	Urbana	Venezuela, Caracas	67		
Castro de Guerra 2011	Urbana	Venezuela, Caracas	67		
Ingman 2000	Warao	Venezuela, Orinoco Delta	2	VEN Pto. Ayacucho	79
Ghose 2002	Guahibo	Venezuela, Puerto Ayacucho	3		
Ghose 2002	Piaroa	Venezuela, Puerto Ayacucho	15		
Vona 2005	Guahibo	Venezuela AMA, Puerto Ayacucho	59		
Williams 2002	Yanomame, grupo Shimitari	Venezuela (Amazonas)	155	VEN Amazonas	155
<b>TOTAL</b>					<b>7098</b>

## 7.2.5.2 Puntos geográficos para polimorfismos en la RHVI y RHVII

Fuente	Población	Localidad	N A-D	Punto geográfico	N A-D
Este trabajo	Urbana	ARG CAT BEL, Belén	61	ARG Belén	61
Bobillo 2009	Urbana	ARG BUE	89	ARG Bs As	141
Catelli 2011	Urbana	ARG BUE	52		
Este trabajo	Urbana	ARG SNJ CAL, Calingasta	65	ARG Calingasta	65
Tamm 2007	Urbana	ARG CAT, SFV de Cat	25	ARG Catamarca	27
Catelli 2011	Urbana	ARG CAT	2		
Cabana 2006	Toba	ARG CHA	43	ARG Chaco	81
Cabana 2006	Wichí	ARG CHA	32		
Catelli 2011	Urbana	ARG CHA	2		
Bobillo 2009	Urbana	ARG CHA	4		
Este trabajo	Urbana	ARG LRJ RVP, Chepes	44	ARG Chepes	44
Catelli 2011	Urbana	ARG CBA	63	ARG Córdoba	77
IMBICE, Inédito	Urbana	ARG CBA, Pampa de Achala	14		
IMBICE, Inédito	Urbana	ARG CRR CUA, Curuzú Cuatiá	140	ARG Corrientes	168
Catelli 2011	Urbana	ARG CRR	5		
Bobillo 2009	Urbana	ARG CRR	23		
Cabana 2006	Pilaga	ARG FOR	40	ARG Formosa	150
Cabana 2006	Toba	ARG FOR	24		
Cabana 2006	Wichí	ARG FOR	70		
Catelli 2011	Urbana	ARG FOR	1		
Bobillo 2009	Urbana	ARG FOR	15		
IMBICE, Inédito	Urbana	ARG	115	ARG Gualeguaychú	115
IMBICE, Inédito	Cochinoca	ARG JUJ, Cochinoca	17	ARG Jujuy oeste	59
IMBICE, Inédito	Rinconada	ARG JUJ, Rinconada	20		
IMBICE, Inédito	Susques	ARG JUJ, Susques	22		
Este trabajo	Urbana	ARG JUJ SSJ	34	ARG SS de Jujuy	34
IMBICE, Inédito	Urbana	ARG ERI LPZ, La Paz	56	ARG La Paz	56
Este trabajo	Urbana	ARG	169	ARG La Quiaca	169
Este trabajo	Urbana	ARG LRI, La Rioja	78	ARG La Rioja	78
Este trabajo	Urbana	ARG, Maimará	115	ARG Maimará	162
Este trabajo	Urbana	ARG, Purmamarca	31		
Este trabajo	Urbana	ARG, Tumbaya	16		
IMBICE, Inédito	Urbana	ARG, Malargüe	117	ARG Malargüe	117
Este trabajo	Urbana	ARG MZA, Mendoza	55	ARG Mendoza	55
Bobillo 2009	Urbana	ARG MIS	22	ARG Misiones	145
Catelli 2011	Urbana	ARG MIS	2		
Sala 2010	Mbyá	ARG MIS	121		

Fuente	Población	Localidad	N A-D	Punto geográfico	N A-D
IMBICE, Inédito	Tehuelches	ARG CHU, Loma Redonda	6	ARG Patagonia sur	61
IMBICE, inédito	Tehuelches	ARG CHU, El Chalfá	17		
Bobillo 2009	Urbana	ARG CHU	1		
IMBICE, Inédito	Urbana	ARG CHU	15		
Catelli 2011	Urbana	ARG CHU	1		
IMBICE, Inédito	Tehuelches	ARG SCR	5		
Moraga 2000	Yahgan	Chile XII, Antartica, Isla Navarino Puerto Williams	15		
Catelli 2011	Urbana	ARG SCR	1	ARG Río Negro	216
IMBICE, Inédito	Mapuches	ARG RNE	51		
Bobillo 2009	Urbana	ARG RNE	30		
IMBICE, Inédito	Urbana	ARG RNE, Bariloche	27		
IMBICE, Inédito	Urbana	ARG RNE, El Bolsón	69		
Ginther 1993	Mapuche	ARG RNE PIL, Anecón Grande	39		
Tamm 2007	Urbana	ARG SAL, Salta	18	ARG Salta	77
Alvarez-Iglesias 2007	Coyas	ARG SAL+JUJ	59		
Este trabajo	Urbana	ARG SNJ CAP, San Juan	99	ARG San Juan	99
IMBICE, Inédito	Urbana	ARG SFE ,Reconquista	79	ARG Santa Fe	91
Tamm 2007	Mocovi	ARG SFE JUS, Gob.Crespo	5		
Catelli 2011	Urbana	ARG SFE	3		
Bobillo 2009	Urbana	ARG SFE	4		
Este trabajo	Urbana	ARG CAT SMA, Santa María y San José	111	ARG Santa María	111
IMBICE, Inédito	Tobas	ARG SAL RBN SVE	9	ARG Sta. Victoria Este	115
IMBICE, Inédito	Chaqueños indet	ARG SAL RBN SVE	20		
IMBICE, Inédito	Chorote	ARG SAL RBN SVE	25		
IMBICE, Inédito	Wichi	ARG SAL RBN SVE	61		
Este trabajo	Urbana	ARG SAL, Tartagal	167	ARG Tartagal	167
Este trabajo	Urbana	ARG MZA LAV, Villa Tulumaya	63	ARG V. Tulumaya	63
Afonso 2010	Urbana	BOL LPZ, La Paz	109	BOL La Paz	206
Gaya Vidal 2011	Aymara	BOL LPZ, zona del Lago Titicaca	97*		
Gaya Vidal 2011	Quechua	BOL PSI, Tomás Frías, Tinguipaya	91*	CHI norte + BOL PSI, Tomas Frías	108
Yang 2010	Aymara	Chile	17		

\* El rango de lectura alcanza hasta la posición 250

Fuente	Población	Localidad	N A-D	Punto geográfico	N A-D
Fagundes 2008	Katuena	Brasil	3	BRA Amazonas	33
Healy y Hunley GenBank 2008	Karitiana HGDP	Brasil	24		
Fagundes 2008	Yanomama	Brasil (Roraima y Amazonas)	6		
Perego 2010	Urbana	Brasil, Minas Gerais	1	BRA Centro este	36
Yao 2007	Urbana	Brasil, Sao Paulo	4		
Prieto 2010	Urbana	Brasil, Great São Paulo	31		
Healy y Hunley GenBank 2008	Surui HGDP	Brasil	21	BRA Mato Grosso y Rondonia	29
Fagundes 2008	Suruí	Brasil, Rondonia	2		
Fagundes 2008	Xavante	Brasil, Mato grosso	2		
Fagundes 2008	Zoró	Brasil, Mato grosso y Rondonia	4		
Barbosa 2008	Urbana	Brasil NE, Alagoas	55	BRA NE	55
Fagundes 2008	Arara/Arara do Laranjal	Brasil	1	BRA Pará y Amapá	19
Fagundes 2008	Kayapó/Kriketun	Brasil, Pará o Matto Grosso	2		
Fagundes 2008	Kayapó/Kubem kokre	Brasil, Pará o Matto Grosso	2		
Fagundes 2008	Gavião	Brasil, Pará	3		
Fagundes 2008	Poturujara	Brasil, Pará	3		
Fagundes 2008	Tiryó	Brasil, Amapá	2		
Fagundes 2008	Waiwai	Brasil, Amapá	5		
Fagundes 2008	Waiãmpi	Brasil, Amapá	1		
Yang 2010	Guaraní	Brasil	8	BRA Paraná y Santa Catalina	31
Yang 2010	Kaingang	Brasil	2		
Fagundes 2008	Guarani/Rio das Cobras	Brasil, Paraná	4		
Palencia 2010	Urbana	Brasil, Santa Catarina	17		
Perego 2010	Urbana	Brasil, Rio Grande do Sul	2	BRA RGS	16
Prieto 2010	Urbana	Brasil, SW	14		
Yang 2010	Huilliche	Chile	20	CHI centro	78
Moraga 2000	Pehuenche	Chile VIII, Bío-Bío, Trapa-Trapa	24		
Moraga 2000	Mapuche	Chile X, Valdivia, Isla Huapi	34		
Torres 2006	Amerindios	COL	64	COL indeterminado	72
Family Tree GenBank	Urbana	COL	1		
Perego 2010	Urbana	COL Mestizos	7		

Fuente	Población	Localidad	N A-D	Punto geográfico	N A-D
Tamm 2007	Coreguaje	COL	27	COL Amazonia	74
Tamm 2007	Vaupes	COL	22		
Yang 2010	Ticuna	COL	12		
Healy y Hunley GenBank 2008	Curripaco/Piapoco HGD	COL	13		
Salas 2008	Afro-COLnos	COL (Cauca+Valle de Cauca+Nariño)	23	COL Andes sur	114
Salas 2008	Mestizos	COL (Cauca+Valle de Cauca+Nariño)	64		
Salas 2008	Mulatos	COL (Cauca+Valle de Cauca+Nariño)	1		
Yang 2010	Inga	COL, ¿Pasto?	16		
Salas 2008	Paez	COL (Cauca+Valle de Cauca+Nariño)	10		
Perego 2010	Urbana	COL, Boyaca	1	COL centro	36
Díaz-Matallana 2010	Urbana	COL, Boyacá, Villa de Leyva	11		
Díaz-Matallana 2010	Urbana	COL, Cundinamarca, Bogotá	24		
Tamm 2007	Wayuu	COL, Guajira	42	COL norte	243
Yang 2010	Wayuu	COL, La Guajira	18		
Yang 2010	Arhuaco or Ijka	COL, Magdalena, Santa Marta	16		
Yang 2010	Kogi	COL, Magdalena, Santa Marta	16		
Díaz-Matallana 2010	Urbana	COL, Magdalena, Santa Marta	10		
Díaz-Matallana 2010	Urbana	COL, Atlántico, Barranquilla	2		
Yang 2010	Zenu	COL, ¿Cordoba o Sucre?	15		
Tamm 2007	Arsario	COL, Sa. Nevada	47		
Tamm 2007	Ijka	COL, Sa. Nevada	29		
Tamm 2007	Kogui	COL, Sa. Nevada	48		
Tamm 2007	Embera	COL y Panama	39	COL Pacífico	173
Tamm 2007	Waunana	COL y Panama	57		
Yang 2010	Waunana	COL, Chocó	18		
Yang 2010	Embera	COL	9		
Salas 2005	Afro-Chocó	COL	49		
Tamm 2007	Ngobë	COL/Panamá?	1		

Fuente	Población	Localidad	N A-D	Punto geográfico	N A-D
Tamm 2007	Cofan	ECU	4	Ecuador	296
Tamm 2007	Secoya	ECU	10		
Tamm 2007	Siona	ECU	2		
Rickards 1999	Cayapas	ECU, Esmeraldas	30		
Baeta 2009	Waorani	ECU, Orellana, Toñampari y Bameno	111		
Cardoso 2009	Waorani	ECU	11		
Cardoso 2009	Waorani	ECU	24		
IMBICE, Inédito	Urbana	ECU	103		
Perego 2010	Urbana	ECU, Imbabura	1		
IMBICE, Inédito	Emerillon	Guayana Francesa	7		
IMBICE, Inédito	Kaliña	Guayana Francesa	14		
IMBICE, Inédito	Palikur	Guayana Francesa	14		
IMBICE, Inédito	Wayampi	Guayana Francesa	17		
Fagundes 2008	Ache	Paraguay	2	PAR este	13
Yang 2010	Aché	Paraguay	11		
IMBICE, Inédito	Ayoreo	Paraguay	16	PAR Filadelfia	33
IMBICE, Inédito	Lengua	Paraguay	17		
Perego 2010	Urbana	Peru, Loreto	1	PERÚ	32
Perego 2010	Urbana	Peru, Loreto	1		
Perego 2010	Urbana	Peru, Cajamarca	1		
Perego 2010	Urbana	Peru, Piura	1		
Perego 2010	Urbana	Peru, Lima	8		
Perego 2010	Urbana	Peru, Huanucu	1		
Perego 2010	Urbana	Peru, Huancavelica	1		
Yang 2010	Quechua	Perú	18		
Pagano2005	Urbana	Uruguay	37	Uruguay	39
Perego 2010	Urbana	Uruguay	1		
Perego 2010	Urbana	Uruguay, Flores	1		
Lander FSI Genet 2008	Urbana	Venezuela, Caracas	67	VEN Caracas	134
Castro de Guerra 2011	Urbana	Venezuela, Caracas	67		
Ingman 2000	Warao	Venezuela, Orinoco Delta	2	VEN Pto. Ayacucho	61
Vona 2005	Guahibo	Venezuela AMA, Puerto Ayacucho	59		
<b>TOTAL</b>					<b>4787</b>

### 7.2.5.3 Puntos geográficos para polimorfismos en la Región Control (por fuera de las RHVI y RHVII)

Fuente	Población	Localidad	N A-D	Punto geográfico	N A-D
Este trabajo	Urbana	ARG CAT BEL, Belén	61	ARG Belén	61
Bobillo 2009	Urbana	ARG BUE	89	ARG Bs As	89
Este trabajo	Urbana	ARG SNJ CAL, Calingasta	65	ARG Calingasta	65
Cabana 2006	Toba	ARG CHA	43*	ARG Chaco	79
Cabana 2006	Wichí	ARG CHA	32*		
Bobillo 2009	Urbana	ARG CHA	4		
Este trabajo	Urbana	ARG LRJ RVP, Chepes	44	ARG Chepes	44
IMBICE, Inédito	Urbana	ARG CBA, Pampa de Achala	14	ARG Córdoba	14
IMBICE, Inédito	Urbana	ARG CRR, Curuzú Cuatiá	140	ARG Corrientes	163
Bobillo 2009	Urbana	ARG CRR	23		
Cabana 2006	Pilaga	ARG FOR	40*	ARG Formosa	15
Cabana 2006	Toba	ARG FOR	24*		
Cabana 2006	Wichí	ARG FOR	70*		
Bobillo 2009	Urbana	ARG FOR	15		
IMBICE, Inédito	Urbana	ARG	115	ARG Gualeguaychú	115
IMBICE, Inédito	Cochinoca	ARG JUJ, Cochinoca	17	ARG Jujuy oeste	59
IMBICE, Inédito	Rinconada	ARG JUJ, Rinconada	20		
IMBICE, Inédito	Susques	ARG JUJ, Susques	22		
Este trabajo	Urbana	ARG JUJ SSJ	34	ARG SS de Jujuy	34
IMBICE, Inédito	Urbana	ARG ERI LPZ, La Paz	56	ARG La Paz	56
Este trabajo	Urbana	ARG	169	ARG La Quiaca	169
Este trabajo	Urbana	ARG LRI, La Rioja	78	ARG La Rioja	78
Este trabajo	Urbana	ARG, Maimará	115	ARG Maimará	162
Este trabajo	Urbana	ARG, Purmamarca	31		
Este trabajo	Urbana	ARG, Tumbaya	16		
IMBICE, Inédito	Urbana	ARG, Malargüe	117	ARG Malargüe	117
Este trabajo	Urbana	ARG MZA, Mendoza	55	ARG Mendoza	55
Bobillo 2009	Urbana	ARG MIS	22	ARG Misiones	22
IMBICE, Inédito	Tehuelches	ARG CHU, Loma Redonda	6	ARG Patagonia sur	44
IMBICE, inédito	Tehuelches	ARG CHU, El Chalía	17		
Bobillo 2009	Urbana	ARG CHU	1		
IMBICE, Inédito	Urbana	ARG CHU	15		
IMBICE, Inédito	Tehuelches	ARG SCR	5		

\* El rango de lectura alcanza hasta la posición 338

Fuente	Población	Localidad	N A-D	Punto geográfico	N A-D
IMBICE, Inédito	Mapuches	ARG RNE	51	ARG Río Negro	177
Bobillo 2009	Urbana	ARG RNE	30		
IMBICE, Inédito	Urbana	ARG RNE, Bariloche	27		
IMBICE, Inédito	Urbana	ARG RNE, El Bolsón	69		
Alvarez-Iglesias 2007	Coyas	ARG SAL+JUJ	59	ARG Salta	59
Este trabajo	Urbana	ARG SNJ CAP, San Juan	99	ARG San Juan	99
IMBICE, Inédito	Urbana	ARG SFE GOB, Reconquista	79	ARG Santa Fe	83
Bobillo 2009	Urbana	ARG SFE	4		
Este trabajo	Urbana	ARG CAT SMA, Santa María y San José	111	ARG Santa María	111
IMBICE, Inédito	Tobas	ARG SAL RBN SVE	9	ARG Sta. Victoria Este	115
IMBICE, Inédito	Chaqueños indet	ARG SAL RBN SVE	20		
IMBICE, Inédito	Chorote	ARG SAL RBN SVE	25		
IMBICE, Inédito	Wichi	ARG SAL RBN SVE	61		
Este trabajo	Urbana	ARG SAL, Tartagal	167	ARG Tartagal	167
Este trabajo	Urbana	ARG MZA LAV, Villa Tulumaya	63	ARG V. Tulumaya	63
Gaya Vidal 2011	Aymara	BOL LPZ, zona del Lago Titicaca	97*'	BOL La Paz	97
Gaya Vidal 2011	Quechua	BOL PSI, Tomás Frías, Tinguipaya	91*'	CHI norte + BOL PSI, Tomas Frías	108
Yang 2010	Aymara	Chile	17		
Fagundes 2008	Katuena	Brasil	3	BRA Amazonas	33
Healy y Hunley GenBank 2008	Karitiana HGDP	Brasil	24		
Fagundes 2008	Yanomama	Brasil (Roraima y Amazonas)	6		
Perego 2010	Urbana	Brasil, Minas Gerais	1	BRA Centro este	36
Yao 2007	Urbana	Brasil, Sao Paulo	4		
Prieto 2010	Urbana	Brasil, Great São Paulo	31		
Healy y Hunley GenBank 2008	Surui HGDP	Brasil	21	BRA Mato Grosso y Rondonia	29
Fagundes 2008	Suruí	Brasil, Rondonia	2		
Fagundes 2008	Xavante	Brasil, Mato grosso	2		
Fagundes 2008	Zoró	Brasil, Mato grosso y Rondonia	4		

\*' El rango de lectura alcanza hasta la posición 250

Fuente	Población	Localidad	N A-D	Punto geográfico	N A-D
Fagundes 2008	Arara/Arara do Laranjal	Brasil	1	BRA Pará y Amapá	19
Fagundes 2008	Kayapó/Kriketun	Brasil, Pará o Matto Grosso	2		
Fagundes 2008	Kayapó/Kubemk okre	Brasil, Pará o Matto Grosso	2		
Fagundes 2008	Gavião	Brasil, Pará	3		
Fagundes 2008	Poturujara	Brasil, Pará	3		
Fagundes 2008	Tiryó	Brasil, Amapá	2		
Fagundes 2008	Waiwai	Brasil, Amapá	5		
Fagundes 2008	Waiãmpi	Brasil, Amapá	1		
Yang 2010	Guaraní	Brasil	8	BRA Paraná y Santa Catalina	31
Yang 2010	Kaingang	Brasil	2		
Fagundes 2008	Guarani/Rio das Cobras	Brasil, Paraná	4		
Palencia 2010	Urbana	Brasil, Santa Catarina	17		
Perego 2010	Urbana	Brasil, Rio Grande do Sul	2	BRA RGS	16
Prieto 2010	Urbana	Brasil, SW	14		
Yang 2010	Huilliche	Chile	20	CHI centro	20
Yang 2010	Ticuna	COL	12	COL Amazonia	25
Healy y Hunley GenBank 2008	Curripaco/Piapoco o HGDP	COL	13		
Salas 2008	Afro-COLnos	COL (Cauca+Valle de Cauca+Nariño)	23	COL Andes sur	114
Salas 2008	Mestizos	COL (Cauca+Valle de Cauca+Nariño)	64		
Salas 2008	Mulatos	COL (Cauca+Valle de Cauca+Nariño)	1		
Yang 2010	Inga	COL, ¿Pasto?	16		
Salas 2008	Paez	COL (Cauca+Valle de Cauca+Nariño)	10		
Yang 2010	Wayuu	COL, La Guajira	18	COL norte	77
Yang 2010	Arhuaco or Ijka	COL, Magdalena, Santa Marta	16		
Yang 2010	Kogi	COL, Magdalena, Santa Marta	16		
Díaz-Matallana 2010	Urbana	COL, Magdalena, Santa Marta	10		
Díaz-Matallana 2010	Urbana	COL, Atlántico, Barranquilla	2		
Yang 2010	Zenu	COL, ¿Cordoba o Sucre?	15		
Yang 2010	Waunana	COL, Chocó	18	COL pacífico	76
Yang 2010	Embera	COL	9		
Salas 2005	Afro-Chocó	COL	49		

Fuente	Población	Localidad	N A-D	Punto geográfico	N A-D
Cardoso GenBank 2009	Waorani	ECU	11	Ecuador	139
Cardoso GenBank 2009	Waorani	ECU	24		
IMBICE, Inédito	Urbana	ECU	103		
Perego 2010	Urbana	ECU, Imbabura	1		
Fagundes 2008	Ache	Paraguay	2	PAR este	13
Yang 2010	Aché	Paraguay	11		
IMBICE, Inédito	Ayoreo	Paraguay	16	PAR Filadelfia	33
IMBICE, Inédito	Lengua	Paraguay	17		
Perego 2010	Urbana	Peru, Loreto	1	PERÚ	32
Perego 2010	Urbana	Peru, Loreto	1		
Perego 2010	Urbana	Peru, Cajamarca	1		
Perego 2010	Urbana	Peru, Piura	1		
Perego 2010	Urbana	Peru, Lima	8		
Perego 2010	Urbana	Peru, Huanucu	1		
Perego 2010	Urbana	Peru, Huancavelica	1		
Yang 2010	Quechua	Perú	18		
Lander FSI Genet 2008	Urbana	Venezuela, Caracas	67	VEN Caracas	67
<b>TOTAL</b>					<b>3075</b>

## 7.2.6 FRECUENCIAS POBLACIONALES UTILIZADAS PARA CONFECCIONAR LOS MAPAS DE DISTRIBUCIÓN GEOGRÁFICA DE LINAJES.

### 7.2.6.1 Linajes definidos por mutaciones en la RHVI.

	117	55	162	78	169	56	34	59	115	150	168	119	44	84	27	65	141	61	N totalABCD
					0,59	5,36	5,88		1,74	8,00	0,60	0,84	19,48				1,42		%A2+16051
			0,62		1,18			3,39											%A2+16217
			1,85		2,37														%A2+16256
			0,62		0,59				0,87	1,33									%A2+16266
			0,62		1,18	1,79	5,88		0,87										%B2+16051
			3,86		1,18			1,69											%B2+16111
1,79	3,64			6,41	1,18			3,39	2,69	0,67		0,84				2,84	3,28		%B2+16142
			1,85		1,18												0,79		%B2+16168
2,56	1,82	12,35	1,28	17,16	2,37		8,82		2,00	0,60						2,13	1,64		%B2+16188
		1,23						3,39	0,67										%B2+16242
2,56		4,33			0,59			1,69	2,00									1,64	%B2+16309
					2,96	1,79					3,57	0,84		3,57					%B2+16316
	1,82			3,85		1,79	2,94		2,00				6,82				0,79		%C1b+16136
0,85		1,85	1,28	0,59	1,79				2,69	0,67	1,19	0,84	10,00	1,19	7,47	2,00	0,79	1,64	%C1b+16192
		1,23		0,59														1,64	%C1b+16189
		0,62								1,33	0,60	0,84					1,42	1,64	%C1c+16169
		2,47		1,78															%C1c+16304
		0,62		0,59															%C1d+16086
													4,55			1,54			C4c
					0,59	3,57			0,87		2,39								%D1+16142
16,24	16,36			3,85								5,42			18,52	1,77	2,13		%D1+16187
3,42	2,00	0,62	44,87			1,79	8,82		4,35	2,00	0,60	14,29	29,55	25,93	7,69	7,81	13,11		%D1+16242
	1,82	0,62			0,59			1,69											%D1+16293
					0,59			1,69									0,79		%D4h3a+16294
																			<b>Punto geográfico</b>
																			ARG Belén
																			ARG Buenos Aires
																			ARG Calingasta
																			ARG Catamarca
																			ARG Chaco
																			ARG Chepes
																			ARG Córdoba
																			ARG Corrientes
																			ARG Formosa
																			ARG Gualeguaychú
																			ARG Jujuy Oeste
																			ARG Jujuy San Salvador
																			ARG La Paz
																			ARG La Quiaca
																			ARG La Rioja
																			ARG Maimará
																			ARG Mendoza
																			ARG Malargüe

111	177	102	233	47	108	206	98	63	167	115	111	91	99	77	216	61	145	<b>N totalABCD</b>
					2,78				2,40	6,96		5,49			0,46			<b>%A2+16051</b>
					2,78	2,91												<b>%A2+16217</b>
1,00	12,43	2,94	2,58	2,13	0,93	0,49	2,48		1,20					2,60				<b>%A2+16256</b>
						0,98			1,20	0,87				1,30				<b>%A2+16266</b>
		0,98				2,43								2,60				<b>%B2+16051</b>
								3,17	1,20		5,45	7,78			1,39			<b>%B2+16111</b>
					3,74	5,34	1,25	3,17						1,30				<b>%B2+16142</b>
					11,11	24,76	11,22	1,59	2,99	3,64	3,64	1,11	1,11	6,49				<b>%B2+16168</b>
					0,93									1,30				<b>%B2+16188</b>
		0,98												1,30				<b>%B2+16242</b>
			1,29								2,73			1,30				<b>%B2+16309</b>
1,00		0,98	1,29						2,99	1,82	1,82	1,11	1,11					<b>%B2+16316</b>
									1,80				5,56	1,30				<b>%C1b+16136</b>
					0,93	1,94	4,82	3,17	0,60	7,27	7,27		12,12	3,90				<b>%C1b+16192</b>
											3,64			2,60	0,46			<b>%C1b+16189</b>
									3,59	1,74	2,73	1,99		2,60			0,69	<b>%C1c+16169</b>
														1,30				<b>%C1c+16304</b>
										0,87								<b>%C1d+16086</b>
			0,86	2,13				1,59					2,22					<b>C4c</b>
		0,98	9,13	21,74	0,93				0,60			4,40				1,38		<b>%D1+16142</b>
								6,35	0,60	1,00	1,00	1,99	5,56		25,46	29,58		<b>%D1+16187</b>
					0,93			4,76	3,59	13,51	13,51	1,99	11,11	1,30	2,31			<b>%D1+16242</b>
			0,43			0,49												<b>%D1+16293</b>
						0,98	2,48		0,60		5,45			1,30	0,46			<b>%D4h3a+16294</b>
																		<b>Punto geográfico</b>
																		ARG Misiones
																		ARG Patagonia sur
																		ARG Río Negro
																		ARG Salta
																		ARG San Juan
																		ARG Santa Fe
																		ARG Santa María
																		ARG Sta. Victoria Este
																		ARG Tartagal
																		ARG Villa Tulumaya
																		BOL Beni
																		BOL La Paz
																		BOL PSI + CHI norte
																		BRA Amapá
																		BRA Amazonas
																		BRA CE
																		BRA Mato Grosso sul
																		BRA Mato Grosso y Rondonia

## 7.2.6.2 Linajes definidos por mutaciones en la RHVII

	78	169	56	34	59	115	150	168	77	44	81	27	65	141	61	N total ABCD	Punto geográfico
	2,56	0,59				3,48		0,60	3,90	6,82		3,74	4,62	6,38	1,64	%A2+150	ARG Belén
		2,37														%A2+251	ARG Buenos Aires
	1,28								2,60	6,82						%A2+ 16129 195	ARG Calingasta
		1,78	1,79	2,94	1,69	6,96	0,67	2,98				3,74		2,13		%B2+ 103	ARG Catamarca
		0,59														%B2+ 103 16017 16359	ARG Chaco
																%B2+103 16086	ARG Chepes
			1,79			4,35		2,98						1,42		%B2+ 103 16241	ARG Córdoba
		1,18		2,94			0,67									%B2+ 103 16258	ARG Corrientes
					1,69	2,69						3,74		0,79		%B2+ 103 16266	ARG Formosa
		0,59			1,69											%B2+ 103 sólo	ARG Gualeguaychú
		8,88		2,94	18,64							3,74		0,79	32,79	%B2+ 16289 143	ARG Jujuy Oeste
						0,87	24,00		1,30		22,22					%B2+146 215	ARG Jujuy San Salvador
		0,59			1,69											%B2+197 207 297	ARG La Paz
		0,59														%B2+ 203 204	ARG La Quiaca
		0,59														%B2+ 235	ARG La Rioja
	8,97	0,59	3,57	5,88		2,69	5,33	0,60	7,79	11,36	2,47	3,74	1,54	2,13	4,92	%C1b+146	
	2,56		1,79				1,33		2,60	4,55						%C1b+194	
	1,28								1,30	2,27			9,24	2,84		%C1b+258	
	8,97	0,59		5,88		1,74	4,00	1,19	5,19			7,47	4,62	2,84		%C1d+195	



61	134	39	32	46	52	296	173	243	36	114	74	78	47	19	55	29	N total ABCD	Punto geográfico
																	%A2+150	BRA Mato Grosso y Rondonia
								0,41	S/D								%A2+251	BRA NE
						1,69							4,26			3,45	%A2+ 16129 195	BRA Pará
																	%B2+ 103	BRA sur
																	%B2+ 103 16017 16359	CHI centro
													4,26				%B2+103 16086	COL Amazonía
																	%B2+ 103 16241	COL Andes sur
						1,69											%B2+ 103 16258	COL Centro (Bogota)
																	%B2+ 103 16266	COL norte (Caribe)
																	%B2+ 103 sólo	COL Pacífico
																	%B2+ 16289 143	Ecuador
																	%B2+146 215	Guyana F
																	%B2+197 207 297	PAR este
																	%B2+ 203 204	Perú
																	%B2+ 235	Uruguay
																	%B2+ 257	Venezuela Caracas
											4,55						%C1b+146	Venezuela Pto Ayacucho
						0,34			0,28								%C1b+194	
												28,25					%C1b+258	
																	%C1d+195	

### 7.2.6.3 Linajes definidos por mutaciones en la Región Control (por fuera de las RHV I y II)

<b>N total/ABCD</b>	<b>%B2+054</b>	<b>%B2+470</b>	<b>%C1b+146 16519</b>	<b>%D1+16527</b>	<b>Punto geográfico</b>
61			3,28		ARG Belén
89			1,12	2,25	ARG Buenos Aires
65		1,77			ARG Calingasta
27					ARG Catamarca
79			1,27		ARG Chaco
44			10,00		ARG Chepes
14			7,14		ARG Córdoba
163			0,61		ARG Corrientes
149			5,37		ARG Formosa
115			0,87		ARG Gualaguaychú
59				1,69	ARG Jujuy Oeste
34			5,88		ARG Jujuy San Salvador
56			1,79		ARG La Paz
169	0,59			3,55	ARG La Quiaca
78			6,41		ARG La Rioja
162	0,62		1,23	1,85	ARG Maimará
117		13,68		1,79	ARG Malargüe
55		1,82	5,45		ARG Mendoza
22					ARG Misiones
44		25,00	6,82		ARG Patagonia sur
177		2,94	0,56		ARG Río Negro
59			5,85	1,69	ARG Salta
99		4,44	7,78	1,11	ARG San Juan
83			2,50		ARG Santa Fe
111			1,82	2,73	ARG Santa María
115			0,87		ARG Sta. Victoria Este
167		0,60	5,99	1,20	ARG Tartagal
63		1,59	1,59		ARG Villa Tulumaya
97	1,39	S/D		3,93	BOL La Paz
108		S/D	5,56	1,85	BOL PSI + CHI norte
33					BRA Amazonas

<b>N total/ABCD</b>	<b>%B2+054</b>	<b>%B2+470</b>	<b>%C1b+146 16519</b>	<b>%D1+16527</b>	<b>Punto geográfico</b>
36					BRA CE
29					BRA Mato Grosso y Rondonia
19					BRA Pará
47					BRA Paraná y Sta Catalina
20		1,00			CHI centro
25					COL Amazonía
114					COL Andes sur
77					COL norte (Caribe)
76					COL Pacífico
139					Ecuador
46					PAR este
32					Perú Centro
67			1,49		Venezuela Caracas

## 7.3 LISTA DE ABREVIATURAS

ABR:	Dos de Abril	CAP:	Capital
ADN:	Acido Desoxirribonucleico	CAR:	El Carmen
ADNmt:	ADN Mitocondrial	CAT (en LPM):	Catriló
ADO:	Adolfo Alsina	CAT (en NQN):	Catán Lil
APLP:	Polimorfismos de longitud de los productos de amplificación	CAT:	Catamarca
AG:	Aguaray	CAU:	Caucete
AGU:	Aguirre	CBA:	Córdoba
ALB (en SDE):	Alberdi	CCU:	Collón Curá
ALB (en SNJ):	Albardón	CDE:	Cruz del Eje
ALM:	Almirante Brown	CE:	Centro este
ALU:	Aluminé	CER:	Cerrillos
AMB:	Ambato	CFE:	Comandante Fernández
ANC:	Ancasti	CHA (en LRJ):	Chamical
AND:	Andalgalá	CHA (en SLS y en CHA):	Chacabuco
ANG:	Angaco	CHA:	Chaco
ANT (en CAT):	Antofagasta de la Sierra	CHE:	Chepes
ANT (en JUJ):	San Antonio	CHI (en LPM):	Chical Co
ANT (en Salta):	Anta	CHI (en LRJ):	Chilecito
AÑE:	Añelo	CHI (en SAL):	Chicoana
AP:	Antes del Presente	CHI (en SCZ):	Río Chico
APO:	Apóstoles	CHI (en SNJ):	Chimbas
ARA:	Arauco	CHI (en TUC):	Chicligasta
ARG:	Argentina	CHI:	Chile
ATA:	Atamisqui	CHL:	Chalileo
ATR:	Atreucó	CHO (en NQN):	Chos Malal
AVE:	Avellaneda	CHO (en SDE):	Choya
AVP:	Angel Vera Peñaloza	CHP:	Chapaleufú
AYA:	Ayacucho	CHU:	Chubut
BAN:	Banda	COA:	Centro oeste argentino
BAR:	Bariloche	COC:	Cochinoca
BEL (en CAT):	Belén	COL:	Colombia
BEL (en JUJ):	Dr Manuel Belgrano	COL:	Colón
BEL (en SDE, SFE y SLS):	Belgrano	CON (en CRR y MIS):	Concepción
BER:	Bermejo	CON (en ERI):	Concordia
BOL:	Bolivia	CON (en LPM):	Conhelo
BRA:	Brasil	CON (en NQN):	Confluencia
Bs As:	Buenos Aires	CON (en RNE):	Conesa
BUR:	Burrucacú	CON (en SFE):	Constitución
BVI:	Bella Vista	COP:	Copo
CAB (en CHA):	Sargento Cabral	COS:	San Cosme
CAB (en LRJ):	Castro Barros	CPY:	Capayán
CAC:	Cachi	CRR:	Corrientes
CAF:	Cafayate	CRU:	Cruz Alta
CAI (en MIS):	Caingúas	CSR:	Caseros
CAI (en SCZ):	Corpen Aike	CST:	Castellanos
CAL (en CBA):	Calamuchita	CUA (en CBA):	Río Cuarto
CAL (en LPM):	Caleu Caleu	CUA (en CRR):	Curuzú Cuatía
CAL (en SJN):	Calingasta	CUR:	Curacó
CAN:	Candelaria	CUY:	El Cuy
		DES:	Deseado
		DIA:	Diamante
		DUP:	Gobernador Dupuy
		EA:	Ejército Argentino

ECU:	Ecuador	ITA:	Itatí
ELA:	El Alto	IZO:	Ituzaingó
ELD:	Eldorado	JAC:	Jáchal
EMP:	Empedrado	JAV:	San Javier
ERI:	Entre Ríos	JBA:	Juan Bautista Alberdi
ESP:	España	JCE:	Juárez Celman
ESQ:	Esquina	JER:	San Jerónimo
FAM (en LRJ):	Famatina	JFQ:	General J.F. Quiroga
FAM (en TUC):	Famaillá	JIM:	Jiménez
FDL:	Federal	JUJ:	Jujuy
FEL:	San José de Feliciano	JUL:	Nueve de Julio
FIG:	Figueroa	JUN:	Junín
FMA:	Fray Mamerto Esquiú	JUS:	San Justo
FON:	Mayor Luis Jorge Fontana	LAC:	La Cocha
FOR:	Formosa	LAC:	Lácar
FRN:	Federación	LAF:	La Frontera
FVA:	General Felipe Varela	LAI:	Laishi
GAI:	Güer Aike	LAM:	Lambayeque
GAL:	General Alvear	LAM:	General Lamadrid
GAR:	Garay	LAN:	Los Andes
GBE:	General Belgrano	LAR:	Lago Argentino
GDO:	General Donovan	LAV:	Lavalle
GGU:	Gualeduaychú	LBU:	Lago Buenos Aires
GLO:	General López	LCA:	La Caldera
GLY:	Gualeduay	LCO:	Las Colonias
GMB:	General Manuel Belgrano	LEA (en MIS):	Leandro N. Alem
GOB:	General Obligado	LEA (en TUC):	Leales
GOD:	Godoy Cruz	LED:	Ledesma
GOY:	Goya	LHE:	Las Heras
GPA:	General Paz	LIB:	Libertad
GPE:	General Pedernera	LIH:	Lihuel Calel
GRA:	Graneros	LIM:	Limay
GRO:	General Roca	LLA:	Los Lagos
GRO:	General Roca	LON:	Loncopué
GSM:	General San Martín	LOR:	Loreto
GTA:	General Taboada	LOV:	Loventué
GUA (en LPM):	Guatraché	LPA:	La Paz
GUA (en MIS):	Guaraní	LPM:	La Pampa
GUA (en MZA):	Guaymallén	LPO:	La Poma
GUA (en SAL):	Guachipas	LPZ:	La Paz
GUA (en SDE):	Guasayán	LQ:	La Quiaca
GÜE:	General Güemes	LRJ:	La Rioja
HIG:	O'Higgins	LUJ:	Luján de Cuyo
HUC:	Hucal	LUL:	Lules
HUI:	Huiliches	LVI:	La Viña
HUM:	Humahuaca	MAG:	Magallanes
IBA:	Juan Felipe Ibarra	MAI:	Maipú
IBY:	Islas del Ibicuy	MAL:	Malargüe
IGL:	Iglesia	MAR:	Maracó
IGU:	Iguazú	MAT:	Matacos
IND:	Independencia	MAY:	Veinticinco de Mayo
IRI:	Iriondo	MBU:	Mburucuyá
IRU:	Iruya	MCA:	Monte Caseros
ISC:	Ischilín	MER:	Mercedes

MIG:	San Miguel	RAM:	Ramón Lista
MIN:	Minas	RAN:	Rancul
MIS:	Misiones	RAW:	Rawson
MIT:	Mitre	RBN:	Rivadavia Banda Norte
MJU:	Marcos Juárez	RBS:	Rivadavia Banda Sur
MM:	Maimará	RC:	Región Control
MOL:	Molinos	RDL:	Rosario de Lerma
MON (en MIS):	Montecarlo	REA:	Realicó
MON (en TUC):	Monteros	RFLP:	Polimorfismos de longitud de los fragmentos de restricción
MZA:	Mendoza	RIN:	Rinconada
NDJ:	Nueve de Julio	RIO (en SCZ):	Río Chico
NOA:	Noroeste argentino	RIO (en SDE):	Río Hondo
NOG:	Nogoyá	RIV:	Rivadavia
NQN:	Neuquén	RNE:	Río Negro
ÑOR:	Ñorquín	ROB:	Robles
ÑOR:	Ñorquincó	ROS:	Rosario
OBE:	Oberá	RVP:	Rosario Vera Peñalosa
OCA:	General Ocampo	SAL (en CBA):	San Alberto
OCT:	Doce de Octubre	SAL (en CRR):	Saladas
OJO:	Ojo de Agua	SAL (en SDE):	Salavina
ORA:	Orán	SAL:	Salta
ORO:	Fray Justo Santa María de Oro	SAN en (ERI):	San Salvador
PAC:	Paclín	SAN en RNE):	San Antonio
PAL (en CRR):	San Luis del Palmar	SAR:	Sarmiento
PAL (en JUJ):	Palpalá	SAU:	Sauce
PAR:	Paraguay	SBA:	Santa Bárbara
PAR:	Paraná	SBS:	San Blas de los Sauces
PAT:	Patiño	SCA (en JUJ):	Santa Catalina
PAZ:	La Paz	SCA (en MZA y SAL):	San Carlos
PCM:	Pilcomayo	SCR:	San Cristóbal
PCR:	Reacción en cadena de la polomerasa	SCZ:	Santa Cruz
PED:	San Pedro	SDE:	Santiago del Estero
PEH:	Pehuénches	SEC:	Río Seco
PEL:	Pellegrini	SFE (en CHA):	San Fernando
PEÑ:	Pte. Roque Sáenz Peña	SFE:	Santa Fe
PIC:	Picunches	SIG:	San Ignacio
PIL:	Pilcaniyeu	SIL:	Silípica
PIR:	Pirané	SIM:	Simoca
PLA:	Presidencia de la Plaza	SJA:	San Javier
PLE:	Picún Leufú	SJN:	San Juan
PLG:	Pilagás	SJU:	San Justo
PMA:	Pichi Mahuida	SLO:	San Lorenzo
POC (en CBA):	Pocho	SLS:	San Luis
POC (en SNJ):	Pocitos	SLU:	Santa Lucía
POM:	Pomán	SMA (en CAT y CBA):	Santa María
PRI (en CBA):	Río Primero	SMA (en CRR, SDE, SJN, MZA y SFE):	San Martín
PRI (en CHA):	Primero de Mayo	SOB:	Sobremonte
PRI (en SLS):	Coronel Pringles	SPE:	San Pedro
PSI:	Potosí	SRA:	San Rafael
PUE:	Puelén	SRO (en CAT y MZA):	Santa Rosa
PUN:	Punilla	SRO (en CRR):	San Roque
Pur:	Purmamarca	STO:	Santo Tomé
QUE:	Quebrachos		
QUI:	Quitilipi		

SUS: Susques  
SVI: Santa Victoria  
TAL: Tala  
TAP: Tapenagá  
TAR: Tarija  
TER: Tercero Arriba  
TIL: Tilcara  
TIN: Tinogasta  
TOA: Toay  
TOT: Totoral  
TRA: Trancas  
TRE: Trenel  
TTG: Tartagal  
TUC: Tucumán  
TUL: Tulumba  
Tum: Tumbaya  
TUM: Tumbaya  
TUP: Tupungato  
TVA: Tafí del Valle  
TVI: Tafí Viejo  
UACM: Último Ancestro Conocido por vía  
Materna  
UACP: Último ancestro Conocido por vía  
Paterna  
ULL: Ullum  
UNI: Unión  
URU: Uruguay  
UTR: Utracán  
VAL: Valcheta  
VAV: Valle Viejo  
VDM: 25 de Mayo  
VEN: Venezuela  
VER (en CHA): Bermejo  
VER (en CRR): Berón de Astrada  
VER (en SFE): Vera  
VGR: Valle Grande  
VIC: Victoria  
VIN: Vinchina  
VTU: Villa Tulumaya  
YAV: Yavi  
ZAP: Zapala  
ZON: Zonda