

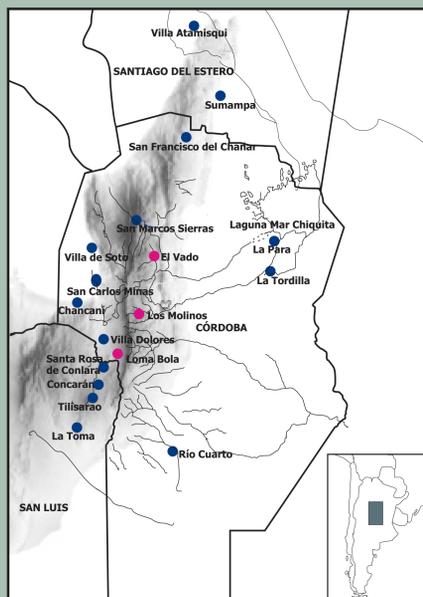
DIVERSIDAD DEL HAPLOGRUPO B2 EN EL CENTRO DE ARGENTINA: ¿EXTINCIÓN DE HAPLOTIPOS INTERMEDIOS?

García A.*, Pauro M.*, Nores R.*, Demarchi D. A.*

*Instituto de Antropología de Córdoba (IDACOR), CONICET / UNC, Córdoba

INTRODUCCIÓN

Desde finales de la década del '80 hasta el presente, los estudios sobre la variabilidad del ADN mitocondrial (ADNmt) en poblaciones humanas ha ido en aumento. La definición de sub-haplogrupos dentro de los haplogrupos fundadores de América ha convertido al ADNmt en una herramienta invaluable para inferir el pasado evolutivo y demográfico de poblaciones humanas. Sin embargo, la profundidad a la cual se han estudiado los distintos haplogrupos no ha sido la misma a lo largo del territorio argentino. Específicamente, el haplogrupo B2 ha recibido escasa atención en los estudios realizados en poblaciones contemporáneas del centro de Argentina, debido principalmente a que se encuentra relativamente poco representado. El objetivo del presente trabajo es presentar y discutir los niveles de diversidad molecular y patrón filogeográfico del haplogrupo B2 en poblaciones del centro de Argentina.



LA MUESTRA

Se estudiaron 52 individuos de 15 localidades del centro de Argentina (Córdoba, San Luis y Santiago del Estero), pertenecientes al haplogrupo B2 (círculos de color azul). Se incluyeron en los análisis tres muestras antiguas procedentes de diferentes sitios de Córdoba (círculos de color fucsia).

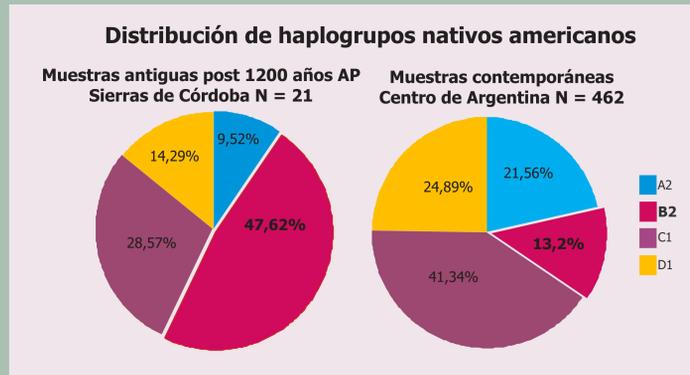
MÉTODOS

Se analizaron 55 secuencias de la Región Hipervariable I (RHV-I) del ADN mitocondrial entre las posiciones 16027 y 16362. Los índices de diversidad genética se estimaron utilizando el programa Arlequín versión 3.01 (Schneider et al. 2000). Se construyó un filograma mediante la técnica de redes medianas (Bandelt et al. 1995) con las secuencias de la RHV-I usando el programa Network 4.1.

CONCLUSIÓN

Bajo este escenario evolutivo, es posible interpretar que la alta diversidad observada en poblaciones contemporáneas y, a la vez, la presencia de numerosos gaps genéticos en las redes de haplotipos, se deba a la existencia en tiempos prehispánicos de un mayor número y diversidad de linajes B2, pero que muchos de ellos fueron eliminados durante un periodo de reducción y extinción parcial de la población nativa, probablemente luego de la llegada de los españoles.

RESULTADOS



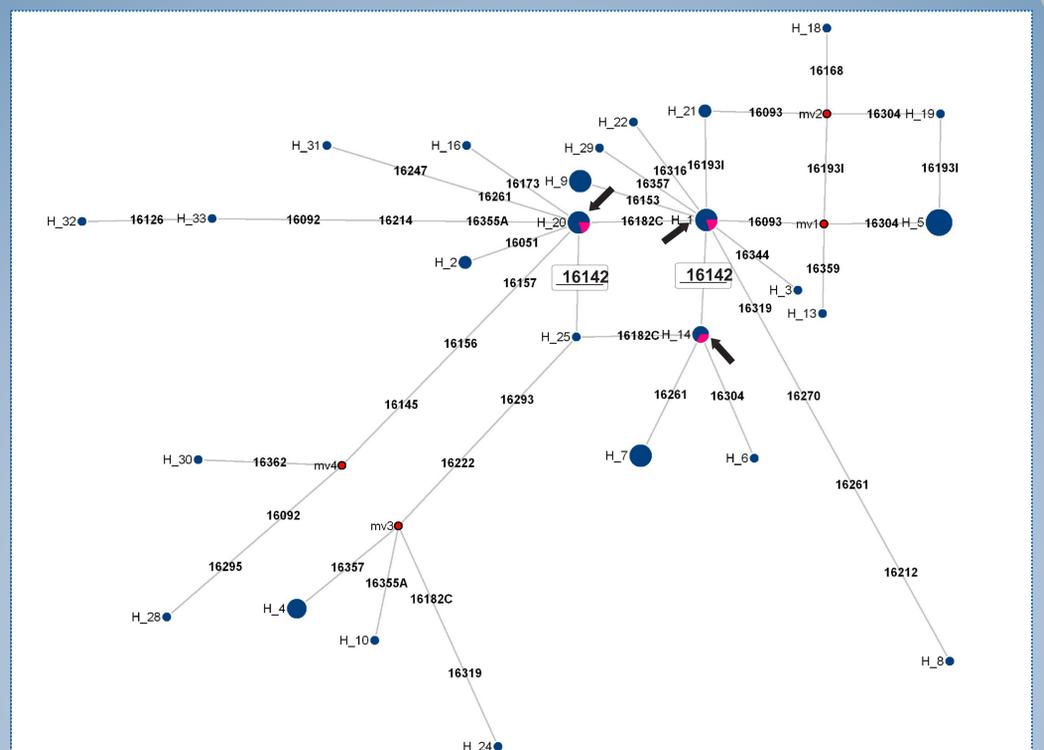
En 21 muestras antiguas que habitaron la región serrana de Córdoba a partir del 1200 AP, se encontró un 48% de linajes B2, en contraste con el 13% observado en las muestras contemporáneas.

Sorprendentemente, el haplogrupo B2 presenta los niveles de diversidad genética más altos ($\Pi = 0,975$), en comparación con el resto de los haplogrupos de origen americano.

Niveles de diversidad molecular obtenidos para la RHV-I del ADN mitocondrial en muestras procedentes del centro de Argentina para cada uno de los cuatro haplogrupos mitocondriales principales nativos americanos.

Haplogrupo	Índices de diversidad molecular					
	N	s	h	Hd	Π	K
A2	105	23	24	0,709	0,004	1,251
B2	52	22	33	0,975	0,011	3,052
C1	133	45	44	0,857	0,006	1,975
D1	165	40	38	0,887	0,013	4,207

N = Total de secuencias
h = N° de haplotipos
s = Número de sitios polimórficos
hd = Diversidad haplotípica
n = Diversidad nucleotídica
K = Número promedio de diferencias



Red de haplotipos median-joining para el haplogrupo B2. Cada círculo representa un haplotipo distinto, el tamaño de los mismos refleja su frecuencia. Los círculos de color rojo representan haplotipos hipotéticos no hallados en este estudio, los de color azul señalan los haplotipos hallados en las muestras contemporáneas del centro de Argentina y los de color fucsia las muestras antiguas, adicionalmente señaladas con las flechas. Se detallan las posiciones variables en relación al haplotipo nodal. Se detectaron 33 haplotipos diferentes entre las 55 secuencias incluidas en el análisis. El haplotipo nodal (H1) definido por la presencia de las mutaciones 16183*C, 16189*C y 16127*C, se encontró solamente en cuatro individuos de la muestra contemporánea y en una de las muestras antiguas. El resto corresponde a haplotipos que se diferencian, en la mayoría de los casos, por muchos pasos mutacionales de la secuencia nodal. La mayor parte de los haplotipos son únicos o presentes en dos individuos. Se detecta la presencia de la variante 16142 en 14 de los 55 individuos estudiados (25%).