

Apellidos, familias y linajes moleculares: el caso de Azampay, Catamarca

Autor:
Ramallo, Virginia

Revista:
Runa: archivo para las ciencias del hombre

2011, 32(2), 163-184



Artículo

APELLIDOS, FAMILIAS Y LINAJES MOLECULARES: EL CASO DE AZAMPAY, CATAMARCA

*Virginia Ramallo**, *Susana Salceda*** y *Graciela Bailliet****

Resumen

En todas las sociedades se encuentran múltiples maneras de clasificar la ascendencia y descendencia de cada persona. Además de los vínculos establecidos desde el nacimiento y de los adquiridos, las relaciones de parentesco tienen un correlato biológico que permite definir linajes.

Se emplearon técnicas de análisis molecular para caracterizar el perfil genético de la comunidad de Azampay, Catamarca. Los objetivos fueron establecer porcentajes y aportes diferenciales de componentes americanos y extra-americanos en esta población con mezcla génica, reconstruir su historia migratoria y cotejar los linajes moleculares con genealogías basadas en registros oficiales y relatos orales.

Entre los haplogrupos masculinos, 88 % tuvieron procedencia foránea, mientras que 100% de los antepasados femeninos fueron amerindios. La migración laboral es una estrategia económica establecida, estando la crianza de nietos a cargo de sus abuelos. Es la vía de introducción de nuevos linajes moleculares, sin registrar siempre un correlato en la cantidad de apellidos.

Palabras claves: Parentesco; ADN; Linajes Moleculares; Genealogías; Genética de Poblaciones

SURNAMES, FAMILIES AND MOLECULAR LINEAGES: THE CASE OF AZAMPAY, CATAMARCA

Abstract

In human societies around the world there are several ways to classify the ancestors and descendants of each person. Family relationships are constructed during the life of each individual, but also have a biological basis that allows defining and reconstructing lineages.

We have characterized the genetic profile of the Azampay community in Catamarca through molecular analysis techniques. The objective was to identify the American and Non American components in this population, to reconstruct the migration history and compare the molecular lineages with genealogies based on official records and oral history.

*Doctora en Ciencias Naturales. Instituto Multidisciplinario de Biología Celular (IMBICE) CIPBA, CCT-CONICET. Correo Electrónico: vramallo@yahoo.com. **Doctora en Ciencias Naturales. Investigadora Independiente CONICET, Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Universidad Nacional de La Plata. Correo Electrónico: ssalceda@fcnym.unlp.edu.ar. ***Doctora en Ciencias Naturales. Investigadora Independiente CONICET, Instituto Multidisciplinario de Biología Celular (IMBICE) CIPBA, CCT-CONICET. Correo Electrónico: gbailliet@imbice.org.ar. **Fecha de realización:** abril de 2011. **Fecha de entrega:** mayo de 2011. **Fecha de aprobación:** octubre de 2011.

Among male haplogroups, 88 % have foreign origin, while 100% of the female ancestors are Native Americans. Seasonal labor migration is an established economic strategy, during which the children are raised by their grandparents. This represents the way of introducing new molecular lineages, but it does not always register a correlation in the number of surnames.

Keywords: Kinship; DNA; Molecular Lineages; Genealogies; Population Genetics

INTRODUCCIÓN

Sobre Azampay

Azampay es una localidad rural consignada como semi-aislada. Se sitúa al noroeste del valle de Hualfín, a 1800 metros sobre el nivel del mar y pertenece al departamento de Belén (Figura 1). En esta región del país predomina el clima templado, pero las diferencias altitudinales determinan un gradiente térmico y de precipitaciones que limita las posibilidades de explotación económica y el asentamiento humano.

En Azampay se encuentra la única escuela, almacén, cementerio y posta sanitaria de la zona. Se conecta a la Ruta Provincial número 40 por un acceso de tierra sin señalización. Sin fecha fundacional precisa, los documentos más antiguos que refieran al primer asentamiento datan de un siglo atrás. El poblado es un grupo de casas pequeñas unidas por caminos de huella. Si bien existe red eléctrica para alumbrado público y domiciliaario, las instalaciones particulares son precarias y pocas familias cuentan con heladera u otros electrodomésticos. Incluye tres caseríos situados a pocos kilómetros: Chistín, La Agüita y El Carrizal. El ritmo y las tareas cotidianas involucran a todo el área, siendo el polo principal la escuela.

La estrategia económica es la pluriactividad o multiocupación: producción agropastoril a escala doméstica, sumadas además otras tareas pagadas en especies o por contraprestación de trabajos. La mayoría de las familias cuentan además con un ingreso otorgado por el Estado provincial o nacional, ya sea un cargo, un contrato temporario, una pensión o algún plan asistencial.

Todas estas prácticas permiten el mantenimiento y reproducción de la familia de cada poblador en edad de integrarse a alguna actividad económica. *Familia* es un término relativo que incluye tanto relaciones de filiación, como de fraternidad y alianza, pero éstas no son excluyentes, ni siquiera necesarias. La familia no es una estructura rígida que responda a parámetros formales de obligaciones y derechos adquiridos por nacimiento, sino más bien un ámbito plástico que engloba diversos tipos de relaciones e intereses, mayormente afectivos, pero también económicos o de prestigio.

En la localidad de Azampay se desarrollaron numerosas investigaciones, desde las primeras prospecciones arqueológicas en 1925, hasta el comienzo de los estudios sistemáticos en 1980. Todos estos años de trabajo conforman un corpus de información referencial de enorme valía. En análisis anteriores sobre parentesco, Maffia y colaboradores (2004) siguiendo los postulados teóricos de Augé, utilizaron el término "grupo doméstico".

En esta localidad, la familia es de tipo extensa, resultado de la continuación a lo largo del tiempo de las relaciones entre padres e hijos a través de los nuevos lazos de matrimonio y coincide siempre con el grupo doméstico. Ahora bien, una familia puede estar integrada tanto por una pareja más sus hijos solteros y casados, sus respectivos cónyuges y todos sus nietos así como por todas las combinaciones posibles entre los integrantes de este conjunto de descendencia. Es frecuente encontrar grupos domésticos formados por una mujer soltera, sus hijos y nietos. Todos los hermanos son criados en el mismo ámbito, pueden no compartir el apellido y más allá de saber que el vínculo sólo es por vía materna, no se establecen mayores restricciones en la denominación de la fraternidad ni se ignora el origen o la identidad de sus padres biológicos.

Las mujeres pueden tener descendencia a edades tempranas, incluso cuando su propia madre aún tiene niños, con lo que los términos *tío* y *sobrino* son aplicados a personas de la misma generación. Si la mujer forma unión posteriormente, puede establecerse en una nueva residencia, en general cerca de la parental de alguno de los cónyuges, con sus primeros hijos y los que nazcan del nuevo vínculo. Los niños también pueden permanecer en la casa de sus abuelos maternos, quedando al cuidado de éstos. Igualmente en el caso que los padres deban emigrar por motivos laborales o que lo hayan hecho antes de su nacimiento, pero deciden enviar al hijo/a a cumplir la escolaridad en Azampay.

La costumbre de establecer la nueva residencia en proximidad a la de algún progenitor se debe principalmente a la particular propiedad de la tierra y el acceso al agua. Estos terrenos tienen la categoría de campo comunero, sin precisión de límites ni mensuras y derivarían de las antiguas mercedes de tierra otorgadas por la Corona Española (Zubrzycki, 2008). En 1860, en distintos registros notariales se hace mención a la "estancia Azampay" o "campo comunero Azampay", en propiedad de herederos que no habitaban en el lugar. Venden en 1909 los derechos de usufructo de la tierra y el agua a los antiguos puesteros, cuatro matrimonios que se establecen en forma definitiva en la zona, lo que se denominará en este trabajo *núcleo fundador*.

El Código Civil Argentino rige desde 1871, posterior a estos primeros documentos y en las décadas siguientes no se modificó la condición de campo comunero. Ninguno de los herederos ha comenzado sucesiones o mensuras, con lo que la propiedad sigue siendo incierta, sostenida en la continuidad del hábito. El acceso a las tierras está mediado por relaciones de parentesco, los hijos heredan de sus padres el beneficio de uso. Las viviendas, corrales y terrenos cercados, se consideran de propiedad particular, mientras que el resto es llamado "monte", de acceso y explotación común (Zubrzycki, 2008).

Azampay obtiene agua del río del mismo nombre, que tiene ciclos estacionales. El agua es encauzada por un sistema de acequias y conducida hacia los terrenos. El sistema de distribución es de común acuerdo entre los usuarios, quienes poseen determinada cantidad de horas o turnos de agua. El recurso hídrico limita la cantidad de terrenos que pueden emplearse para sembrar, habitar o distribuir entre los herederos. En la actualidad, la posibilidad de seguir subdividiendo el agua es impensable (Zubrzycki, 2003).

Sobre estudios moleculares

El poseer una característica común relaciona a un conjunto de personas. Los apellidos pueden determinar linajes y constituyen una herramienta de gran utilidad en estudios poblacionales. Los marcadores moleculares también definen linajes y gracias a las nuevas tecnologías pueden estudiarse mediante análisis directo.

El genoma humano se clasifica en genoma nuclear complejo y genoma mitocondrial simple. El nuclear comprende más de 6.000 millones de pares de bases, organizados en 22 pares de cromosomas autonómicos y 1 par de cromosomas sexuales, designados XY. El genoma mitocondrial, en tanto, comprende sólo 16.569 pares de bases.

Dentro del genoma, se diferencian las regiones codificantes y no codificantes. En estas últimas, el ADN tiene mayor margen para cambiar, modificando su composición o longitud. Si las variantes son heredadas de generación en generación, se registrarán frecuencias diferentes para unas y otras. Se les denomina polimorfismos. Las personas que compartan un conjunto de polimorfismos estarán más relacionadas entre sí que con aquellas que no lo comparten. Es necesario distinguir entre el *haplotipo*, combinación de distintas variantes para distintos marcadores en una misma molécula de ADN (Jobling et al., 2004) y el *haplogrupo*, haplotipos para los que puede suponerse un origen común.

Los linajes tienen una distribución geográfica particular, producto de procesos históricos y prácticas culturales. Conociendo la distribución de las variantes dentro y entre poblaciones pueden construirse relaciones mundiales. En general se ilustran como árboles filogenéticos, cuyas ramas grafican los nexos ancestro-descendiente (Underhill y Kivisild, 2007). En el presente trabajo, se emplearon marcadores de herencia uniparental: el ADN mitocondrial y el cromosoma Y.

El cromosoma Y contiene la mayor porción no recombinante del genoma humano y su variación sólo proviene de mutaciones. Los primeros marcadores se establecieron a partir de polimorfismos identificados en estudios forenses y de filiación. Investigaciones posteriores aplicaron estos marcadores y sumaron a su vez nuevos, estudiando el origen, evolución y migración de las poblaciones humanas. El Consorcio Internacional del Cromosoma Y estandarizó las nomenclaturas mundiales en el año 2002. Este sistema fue adoptado, revisado y perfeccionado (Karafet et al., 2008), obteniéndose así un mapa global con las diversas frecuencias y el posible origen geográfico de cada linaje.

América fue uno de los espacios más tardíamente ocupados por el hombre y sus habitantes permanecieron aislados hasta el comienzo de la conquista europea. El subhaplogrupo Q1a3a (Underhill et al., 1996; Bianchi et al., 1997) se ha establecido como nativo del continente. El haplogrupo Q es ancestral a Q1a3a y su aparición ocurrió antes de la primera migración hacia América, constituyendo un haplogrupo fundador (Seielstad et al., 2003; Bailliet et al., 2009). Los procesos de mestizaje se iniciaron a partir del siglo XVI y tuvieron fundamental impacto durante los siglos XIX y XX. Al analizar una población americana hoy, se encontrarán representados en diferentes porcentajes el haplogrupo nativo y los alóctonos.

Por otra parte, el ADN mitocondrial aporta información de igual peso, pero acerca de los linajes femeninos. Tiene un patrón de herencia uniparental por estricta vía materna

y sin fenómenos de recombinación. Posee una alta tasa mutacional, que se traduce en una gran diversidad del ADN mitocondrial en las poblaciones humanas. Dicha tasa mutacional no es uniforme a lo largo de la molécula, siendo relativamente baja en las regiones codificantes y alta en la denominada Región Control (Stoneking et al., 1992). En base a los polimorfismos identificados en ella, se pueden establecer relaciones entre diferentes linajes mitocondriales o entre grupos de linajes con un conjunto de mutaciones compartidas, reconstruir migraciones pasadas e incluso avanzar en el conocimiento sobre el origen y dispersión del género *Homo* desde África al resto del planeta.

En 1993 se definieron los cuatro haplogrupos mitocondriales basales para poblaciones amerindias, designados como A, B, C y D (Torroni et al., 1993). Esta nomenclatura se amplió y modificó, designando hoy a los cuatro haplogrupos de distribución pan-continental como: A2, B2, C1 y D1, además de un quinto haplogrupo, X2a, restringido a América del Norte (Achilli et al., 2008).

OBJETIVOS

Analizando polimorfismos del ADN mitocondrial y de cromosoma Y específicos de poblaciones o asociados a poblaciones, es posible identificar linajes maternos o paternos de distribución geográfica o étnica determinada. En una población con mezcla génica como Azampay, haría posible conocer el porcentaje y aporte diferencial de componentes americanos y no americanos. Para confirmar la condición de semi-aislamiento de la comunidad, se compararon las frecuencias a nivel de haplogrupo con muestras de las ciudades capitales de las provincias de Catamarca, Tucumán, Salta y Jujuy, a fin de identificar algún tipo de diferencia que pudiera corresponderse con dicha condición.

Por otro lado, en nuestro país, los apellidos se heredan mayoritariamente por línea paterna y la posesión del mismo determina los derechos de herencia sobre los bienes familiares. En Azampay éstos incluyen el usufructo de la tierra y del agua. En forma semejante, aunque sólo de padres a hijos varones, se hereda la región específica no recombinante del cromosoma Y. Se buscó establecer cuántos y cuáles linajes paternos están presentes y constatar su concordancia o discordancia con las genealogías construidas a partir de los registros oficiales y de los relatos orales de los informantes.

METODOLOGÍA

Se empleó metodología de tipo cualitativa para el trabajo en el campo y cuantitativa en el laboratorio. Siguiendo el censo de viviendas (Zubrzycki, comunicación personal) se contactó a cada habitante de la localidad a través de una entrevista semi-estructurada, comunicando los objetivos y alcances del trabajo a desarrollar y se entregó una cartilla de información. Si el entrevistado manifestaba voluntad de ser incluido en el estudio, se procedía a la firma de un Protocolo de Consentimiento, aprobado por el Comité de Bioética del IMBICE. Las muestras biológicas se tomaron por hisopado de la mucosa bucal y

por salivación directa. Se completó además una encuesta genealógica y se consignaron detalles acerca del origen de la familia.

Para ordenar y analizar los datos genealógicos se utilizó el software GenoPro®, una plataforma de trabajo que permitió crear, editar e imprimir árboles nucleares y extensos. Para la edición y compaginación de todos los gráficos presentados se empleó el programa CorelDRAW X3® (Corel Corporation 2005).

Para estudiar cada marcador molecular, se empleó la técnica de PCR (del inglés "*Polymerase Chain Reaction*" — Reacción en Cadena de la Polimerasa) que permite obtener múltiples copias de un segmento de ADN.

Para la determinación de polimorfismos, se empleó la técnica de RFLP (del inglés "*Restriction fragment length polymorphism*"), procesando los fragmentos amplificados con enzimas de restricción bacterianas.

En el análisis de las muestras de donantes masculinos, se emplearon 17 marcadores escogidos de la bibliografía, a fin de obtener el máximo de información dentro de la población de interés. Diez se clasifican como UEP (del inglés "*Unique Event Polymorphism*"), considerados sucesos únicos en la historia evolutiva. Tienen dos formas posibles, una ancestral, compartida por los linajes más antiguos y otra derivada y son:

a) Inserciones o deleciones de fragmentos de ADN: YAP (Hammer, 1994).

b) Cambios de una sola base o SNP (del inglés "*Single Nucleotide Polymorphism*"): M89, P27 (Karafet et al., 1999) M9 (Underhill et al., 1997), M207, M173 (Underhill et al., 2001) M242 (Seielstad et al., 2003) M3 (Underhill et al., 1996), M194, M199 (Underhill et al., 2001).

Una vez establecida la forma ancestral o derivada para los diez marcadores, se comparó cada muestra con la información del árbol del cromosoma Y (Y Chromosome Consortium, 2002; Karafet et al., 2008) y se adjudicaron a los correspondientes haplogrupos. Dado que establecen relaciones poblacionales, dos personas pueden pertenecer al mismo haplogrupo sin estar conectados en su historia familiar.

Los 7 marcadores restantes fueron: DYS 19, DYS 389 a y b, DYS 390, DYS 391, DYS 392, DYS 393 (Bianchi et al., 1998). Se denominan microsatélites o STR (del inglés "*Short Tandem Repeat*"), secuencias altamente repetitivas en tándem. Las distintas variantes o alelos para cada microsatélite pueden determinarse contando la cantidad de veces que se repite el motivo o secuencia de nucleótidos. El conjunto de alelos de un individuo se denomina haplotipo. Dos personas emparentadas por un antepasado reciente compartirán el mismo haplotipo y haplogrupo, es decir, pertenecerán al mismo linaje.

Para analizar el ADN mitocondrial de todas las muestras, tanto femeninas como masculinas, se amplificaron mediante PCR copias de las Regiones Hipervariables I y II. Para la secuenciación, se contrataron los servicios de la empresa MacroGen. Los resultados se compararon con la secuencia de referencia (CRS "*Cambridge Reference Sequence*", Anderson et al., 1981. CRSr, corregida por Andrews et al., 1999), determinando los diferentes haplogrupos y haplotipos en base a los polimorfismos encontrados.

MATERIALES

Azampay

En el curso de los años 2004 y 2005 se realizaron cuatro viajes a la localidad. En todos se contó con el imprescindible apoyo de los pobladores, además de las autoridades provinciales y de los directivos y personal de la Escuela N° 420. Se colectaron 126 muestras, 67 mujeres y 59 varones, que representan el universo completo a analizar sin sesgos de muestreo, ya que constituían el total de personas que habitaban en la comunidad en ese momento.

Otras poblaciones

Para realizar análisis comparativos de frecuencias, se emplearon muestras del Banco de ADN del Laboratorio de Genética Molecular Poblacional del IMBICE, obtenidas en articulación con servicios hospitalarios de cuatro provincias de la Región Noroeste: Tucumán, Salta, Jujuy y Catamarca. Fueron tomadas en carácter anónimo, conociéndose sólo el sexo del donante y lugar de procedencia. Algunos datos sobre estas poblaciones han sido publicados con anterioridad (Bailliet et al., 2005; Ramallo et al., 2005; Muzzio et al., 2006; Tamm et al., 2007; Bailliet et al., 2007), siendo un total de 290 muestras analizadas para marcadores de cromosoma Y (San Fernando del Valle de Catamarca, n 112; Salta capital, n 84; San Miguel del Tucumán, n 17; San Salvador de Jujuy, n 77) y 280 secuencias de ADN mitocondrial (San Fernando del Valle de Catamarca, n 99; Salta capital, n 69; San Miguel del Tucumán, n 72; San Salvador de Jujuy, n 40).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

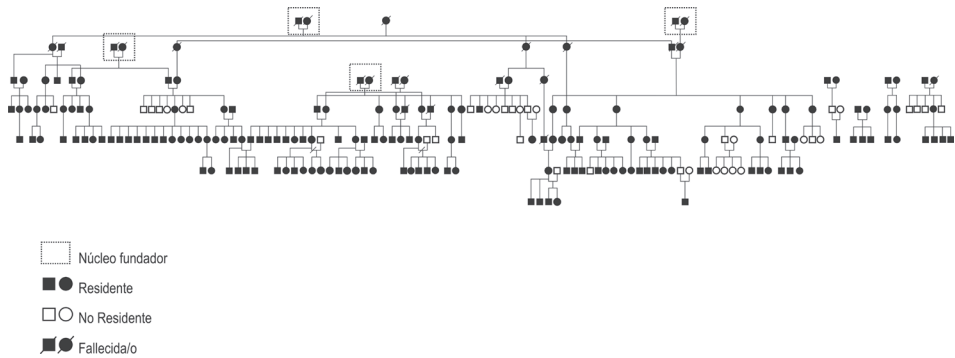
En la construcción de genealogías se establecieron dos niveles de relación: uno máximo o extenso, que incluye a todos los individuos relevados en las entrevistas como emparentados por algún tipo de nexos y otro mínimo o nuclear, que registra sólo a aquellas personas que pertenecen al mismo grupo doméstico. La articulación entre ambos niveles hizo posible conectar a las 126 personas censadas en una sola imagen, con un total



Mapa 1 — Poblaciones en estudio

de 228 individuos incluyendo antepasados y descendientes. De ellas, 201 resultaron emparentadas, ya sea por vínculo sanguíneo o político, al denominado núcleo fundador.

Gráfico 1 — Genealogía extensa



Un linaje familiar puede definirse a partir de una característica común y heredable, como los apellidos. Estos rasgos culturales, que se transmiten a través de un mecanismo vertical (patri y/o matrilinealmente) comparable a la transmisión genética, resultan un potencial recurso en el análisis de la diversidad humana (Bedoya et al., 2006). Entre los 126 habitantes de la localidad se registraron 15 apellidos. A todos se les asignó un código, correspondiendo a las 15 primeras letras del alfabeto y a cada individuo un número. El apellido G resultó el más frecuente, con 28 individuos portadores.

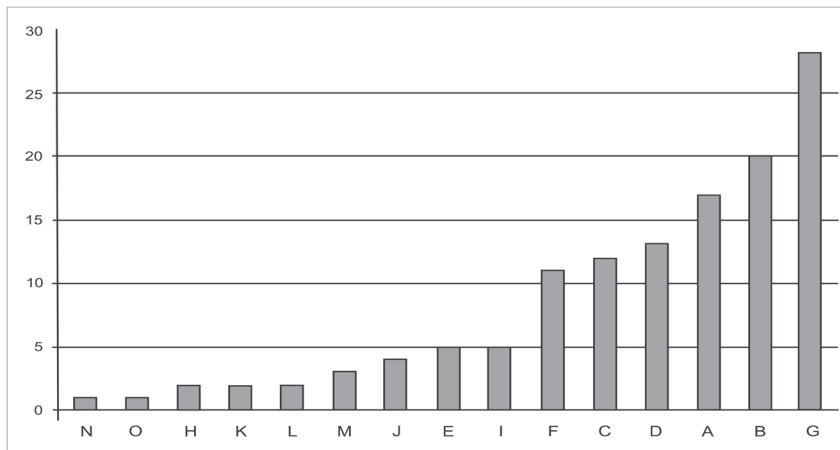


Gráfico 2 — Frecuencias absolutas de apellidos

Partiendo del total de nombres registrados, la variabilidad en Azampay es baja, lo que resultaría hasta cierto punto coherente con la poca cantidad de habitantes. No se distribuyen en forma homogénea e incluso algunos sólo cuentan con un portador. Estas disimilitudes podrían esperarse en el caso de apellidos exclusivamente femeninos. Según el sistema de registro vigente en nuestro país hasta el año 2008, los hijos de una pareja recibían el apellido paterno y el materno se perdía. Los censos pueden ser la última ocasión de registrarlos. En nuestro caso, 9 apellidos están representados tanto entre mujeres como entre varones (89% del total de la población), mientras que 4 son exclusivamente femeninos (6%) y 2 masculinos (5%). Aquí, la pauta de registro nominal es diferente y podría clasificarse como informal. Como se ha dicho, los grupos domésticos pueden estar integrados sólo por la madre y sus hijos y nietos y en la comunidad no se sanciona ni pesa ningún juicio de valor sobre este tipo de estructura familiar. Muchos de los linajes tienen en su origen sólo una abuela, cuyo apellido heredó toda su progenie, tanto femenina como masculina. Los varones pueden tener descendencia y no asentarla con su nombre y las mujeres pueden tener hijos en independencia de un vínculo de pareja.

La pauta de registrar, portar y heredar un apellido es introducida en América por la administración colonial. Los nombres que se recibían en los bautismos eran extranjeros, pero también persistieron algunos autóctonos. Entre los apellidos de la población de Azampay, 13 son foráneos —Aibar, Campos, Cardoso, Casimiro, Coria, González, Marcial, Morales, Moreno, Ochoa, Ortiz, Pachado, Titos— 1 nativo —Aballay— y el restante —Cruz— se registra como devocional, derivado de la liturgia religiosa (Dipierrí, 2004). Mascitti et al. (1990) clasifican los apellidos devocionales como “autóctonos encubiertos”.

Azampay comienza con la ocupación efectiva de los campos por un grupo de familias hace un siglo atrás. Los linajes locales identificados serían casi tan antiguos como el pueblo: 7 de los 15 apellidos actuales ya estaban presentes en las 8 personas que lo fundaron y sólo uno se ha perdido. Los únicos apellidos heredados a la primera generación de azampeños fueron los paternos. A partir de este punto, se perdieron los 4 nombres maternos y pudieron integrarse nuevos apellidos, por establecer residencia los cónyuges de cada nueva pareja. Entre éstos, se vuelven a presentar 3 de los 4 apellidos femeninos del núcleo fundador. Si bien no existen datos precisos sobre el origen de estos linajes autóctonos, las pocas referencias en las entrevistas sugieren una procedencia zonal, dentro de los límites provinciales.

De las 59 muestras de ADN de donantes masculinos de Azampay, sólo 55 pudieron estudiarse de manera completa para todos los marcadores enumerados. El haplogrupo R es el más representado en la muestra y también el que exhibe mayor diversidad individual. No se encontró una correspondencia unívoca entre los haplotipos y los haplogrupos. Entre los siete donantes asignados al subhaplogrupo Q1a3a, por ejemplo, se registraron 4 haplotipos distintos.

Haplogrupos	n	Haplotipos
R	22	19
R1	22	17
F	3	3
Q1a3a	7	4
D/E	1	1

Tabla 1 - Haplogrupos y haplotipos del cromosoma Y en Azampay

Al combinar cada secuencia de alelos en las mutaciones de punto con el número de repetidos para cada locus de microsatélite, se identifica un linaje molecular único. Si esta variedad se relaciona con el poseer un mismo apellido, obtenemos una medida de la diversidad intrafamiliar.

											Total
Código de Apellido	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	10
Cantidad de Linajes	10	6	4	5	1	7	7	2	1	1	44
Haplogrupos	F	R	F	R	R1	F	R1	F	D/E	Q1a3a	5
	R	R1	R1	R1		R	Q1a3a	R			
	R1					R1					
						Q1a3a					
n	10	6	4	8	1	7	12	2	1	4	55

Tabla 2 - Linajes masculinos por apellido

Los apellidos pueden entonces correlacionarse con la herencia del cromosoma Y, de padres a hijos varones (Manrubia et al., 2003; Zei et al., 2003; Bowden et al., 2007). El supuesto de partida es que se mantuvieron asociados a determinados haplotipos a lo largo de muchas generaciones, dos varones que compartan el nombre tendrían más probabilidades de compartir efectivamente un antepasado por línea masculina, que si tuviesen apellidos diferentes. Sin embargo, estos dos sistemas demostraron no siempre ajustarse, ya sea por ilegitimidad del vínculo o adopciones (Sykes e Irven, 2000; Jobling, 2001; King y Jobling, 2009). En Azampay, de los 10 apellidos con portadores masculinos, sólo E, I y J se correlacionan a un linaje molecular y en los dos primeros casos es una condición obligada, están representados sólo por una persona. Los apellidos A y B resultaron los más diversos, aunque no son los que cuentan con mayor cantidad de portadores. De darse una correlación completa, se esperarían 44 linajes/apellidos diferentes. Esta pluralidad biológica, enmascarada bajo una nominal mucho menor, puede asociarse con paternidades no asignadas y con la norma informal en el registro del apellido, con

un alto índice de transmisión a través del progenitor femenino. En nuestro continente, los apellidos pueden resultar marcadores informativos, pero su empleo debe realizarse con cautela (Gómez, Ávila y Briceño, 2008).

	Azampay	Catamarca	Salta	Tucumán	Jujuy
A/B	-	-	-	1 (6%)	-
C	-	1 (0,9%)	-	-	1 (1,3%)
D/E	1 (1,8%)	10 (9%)	6 (7,2%)	2 (12%)	1 (1,3%)
F	3 (5,3%)	21 (18,7%)	6 (7,2%)	4 (24%)	3 (3,9%)
K	-	1 (0,9%)	1 (1,2%)	-	6 (7,8%)
P	-	6 (5,4%)	8 (9,5%)	1 (6%)	2 (2,6%)
Q	-	-	1 (1,2%)	-	-
Q1a3a	7 (12,3%)	11 (10%)	37 (44%)	2 (12%)	50 (65%)
R	22 (40,3%)	16 (14,3%)	14 (16,6%)	3 (17,6%)	14 (18,2%)
R1	22 (40,3%)	46 (41%)	11 (13 %)	4 (24%)	-
n	55	112	84	17	77

Tabla 3 - Haplogrupos por localidad

En una primera lectura comparativa de las frecuencias del haplogrupo R1, Azampay presenta porcentuales más similares a Catamarca. Q1a3a, el linaje masculino nativo, está altamente representado en Jujuy (65%), siguiendo en importancia Salta (44%), característica que diferencia estos dos conjuntos de muestras del resto. Puede ser efecto de un posible sesgo o deberse a características histórico-poblacionales: las ciudades con mayor porcentaje de componente amerindio se encuentran en regiones que históricamente contaban con mayor densidad poblacional. Al momento de la conquista española, la distribución de habitantes en el continente era desigual, con las mayores concentraciones en Mesoamérica y los Andes Centrales (Bonavia, 1991). La expansión extranjera y la instalación colonial ocasionaron un verdadero derrumbe demográfico de la población autóctona. Las causas fueron múltiples: enfrentamientos armados, brotes epidémicos, hambrunas generalizadas y empobrecimiento de las condiciones de vida (Palermo, 2000).

En Azampay, Catamarca y Tucumán, el haplogrupo Q1a3a tiene una frecuencia promedio del 11%. Estas muestras provienen de contextos tanto urbanos y rurales, fueron tomadas bajo el mismo criterio que en Salta y Jujuy e incluso en Azampay abarcan a la población total, sin embargo, la representación de linajes masculinos autóctonos varía considerablemente. Dados los contrastantes patrones de deriva y flujo génico, Tarazona-Santos

y su equipo (2001) propusieron considerar dos grupos cuando se analizan las poblaciones nativas sudamericanas: el área este (Amazonia y Gran Chaco) y la oeste (Región Andina), donde la población exhibe tamaños efectivos mayores y niveles de flujo génico elevados. Con los datos presentados aquí y sobre un análisis a nivel de haplogrupo, puede proponerse incluso diferencias en ese patrón dentro de la misma región andina. Las actuales fronteras políticas no necesariamente definen un espacio geográfico, la población asentada en las provincias de Jujuy y Salta puede estar más relacionada con la de países limítrofes que con la de otras provincias.

La distribución y variabilidad del cromosoma Y tiene un alto grado de diferenciación geográfica, lo que lo hace un buen indicador de migraciones y mestizajes tempranos (Rosser et al., 2000). Con los marcadores empleados en este trabajo, el grado de resolución no es absoluto, pero todos son informativos acerca del origen de los componentes masculinos y permiten definir dos grandes grupos: los linajes nativos americanos por un lado y todos los alóctonos por otro, mucho más diversos. Para Azampay, los porcentajes resultaron 12,3% y 87,7%, respectivamente. Dentro de esa porción extranjera se cuenta el haplogrupo F, que registró frecuencias importantes en el este de Asia, especialmente en la península Arábiga (Wells et al., 2001). Por otro lado, R y R1 son haplogrupos característicos de Europa y la región occidental de Eurasia (Balanovsky et al., 2008). En sólo una muestra pudo identificarse el inserto Alu (YAP), característica ancestral común a los haplogrupos D y E, con una distribución actual tanto sub-sahariana como en el este asiático y la cuenca del Mediterráneo. En síntesis, para los 55 linajes analizados en Azampay, 48 tuvieron un origen extra-continental y su presencia en la comunidad hoy es resultado de migraciones. En la historia de Argentina, este fenómeno cobró dimensiones masivas en los siglos XIX y XX.

El atraer contingentes de migrantes europeos fue el instrumento para construir una nación orientada al desarrollo (Quijada, 2003). Instalado el modelo económico agro-exportador, se da un gran crecimiento urbano y una concentración de población en el área pampeana, fundamentalmente en Capital Federal, Buenos Aires y Santa Fe, mientras que el resto del país fue ocupado de manera diferencial.

Para el caso particular de Catamarca, el primer Censo Nacional de 1869 contabiliza 67 extranjeros, residentes en la Capital y en Valle Viejo, Fray Mamerto Esquiú, Belén, Santa María, Tinogasta y Andalgalá. Transcurridos casi treinta años, en el Censo de 1895 la suma asciende a más de medio millar (Trettel de Varela, 1998). Los inmigrantes del Cercano Oriente (provenientes de Líbano, Siria, Israel, Turquía y Armenia) figuraban en tercer lugar, después de italianos y españoles. En la actualidad, ningún habitante de Azampay relaciona su historia familiar con un evento migratorio desde otro continente.

El genoma mitocondrial, dada su herencia uniparental por estricta vía materna, informa sobre la variabilidad de una población, pero puede resultar altamente redundante. Ya que toda la descendencia de una mujer porta las mismas mitocondrias, bastaría con la

secuenciación del ADN mitocondrial de una persona por familia, pero atendiendo ciertas particularidades:

- En la comunidad no se consignaron adopciones, pero si la crianza de nietos por sus abuelos y en algunas familias no fue posible establecer si el menor es hijo de un hijo o de una hija, representa por tanto la probabilidad de más de un linaje mitocondrial en un mismo grupo doméstico.
- Los apellidos se heredan por línea paterna sólo si el progenitor masculino reconoce sus hijos en el Registro Civil, de lo contrario se registran con el nombre de la madre. Una mujer puede tener hijos y estos llevarán el mismo apellido que sus primos, hijos de un hermano varón. Se registraría en esta familia un solo apellido, pero existen dos linajes mitocondriales distintos.
- Contar con las genealogías completas, nucleares y extensas, de todas las personas censadas, facilitó en enorme medida la selección de las muestras de trabajo. La relación madre-hijo se consideró siempre indubitada, secuenciándose las Regiones Hipervariables I y II de 29 muestras consideradas como representativas.

Haplogrupos	n	Haplotipos
A2	10	4
B2	79	9
C1b	36	2
D1	1	1

Tabla 4 — Sub-haplogrupos y haplotipos mitocondriales en Azampay

Este análisis sobre diversidad de ADN mitocondrial arrojó resultados muy diferentes al de linajes del cromosoma Y. Están los cuatro haplogrupos panamericanos detallados en la literatura (Achilli et al., 2008) y absolutamente ausente cualquier otro oriundo de otra región del planeta. Todos los pobladores de Azampay poseen un antepasado femenino natural del continente. El haplogrupo B2 es el más representado y el que exhibe mayor diversidad, le siguen en importancia numérica C1b y A2, aunque es más diverso este último, en tanto sólo un individuo resultó asignable al haplogrupo D1.

En todos los casos, se buscó identificar el nombre de la madre o abuela fundadora, trabajando en base a las entrevistas y las genealogías. Se reconocieron las cuatro líneas femeninas que formaron parte del núcleo fundador de Azampay, incluida aquella cuyo apellido no se encuentra hoy entre los pobladores. De los 16 linajes, 8 son susceptibles de desaparecer del registro, ya sea por estar representados sólo por varones (6 casos) o por mujeres que sólo tuvieron descendencia masculina (2 casos).

	Azampay	Catamarca	Salta	Tucumán	Jujuy
A2	10 (7,9%)	20 (20%)	8 (12,3 %)	9 (12,5%)	8 (20%)
B2	79 (62,7%)	10 (10,1%)	25 (38,5%)	4 (5,5%)	17 (42,5%)
C1	36 (28,6%)	27 (27,3%)	20 (30,8%)	35 (48,6%)	9 (22,5%)
D1	1 (0,8%)	31 (31,3%)	8 (12,3%)	19 (26,4%)	5 (12,5%)
No Americanos	-	11 (11%)	8 (12,6%)	5 (6,9%)	1 (2,5%)
n	126	99	65	72	40

Tabla 5 - Haplogrupos mitocondriales por localidad

Se compararon las frecuencias de los distintos haplogrupos entre las localidades de Catamarca, Salta, Tucumán y Jujuy (Tamm et al., 2007; Santos et al., 2008; Motti et al., 2008 y Motti et al., 2009). Los valores más altos corresponden al haplogrupo B para Azampay, Salta y Jujuy, en San Fernando del Valle de Catamarca sólo representa un 10%, porcentaje que desciende a 5,5% en San Miguel del Tucumán. El componente extra americano es una fracción pequeña en las ciudades capitales y no se encuentra Azampay.

La dispersión de B2 presenta algunas singularidades regionales en Sudamérica. En estudios sobre ADN antiguo (Lalueza et al., 1997) se reportó la total ausencia de este haplogrupo en muestras de poblaciones autóctonas de Tierra del Fuego. Se obtuvieron idénticos resultados en restos de diferentes sitios arqueológicos de Argentina (Demarchi et al., 2001), en tanto investigaciones sobre grupos aborígenes actuales y poblaciones mestizas (Alves-Silva et al., 2000; Rodríguez Delfín et al., 2001; Lewis et al., 2004; García et al., 2006; Lewis et al., 2007; Castro de Guerra, 2009) revelan que B2 tiene mayor desarrollo andino, con frecuencias particularmente elevadas en el Altiplano de Bolivia y el extremo norte de Chile (Bailliet et al., 1994; Merriwether et al., 1995; Moraga et al., 2000; Rocco et al., 2002; Bert et al., 2001) decreciendo hacia el sur. En las muestras analizadas aquí, los mayores porcentajes se presentan en localidades situadas en valles de altura.

CONCLUSIONES

La variabilidad de las poblaciones humanas actuales responde a un número diverso de factores. En el caso de nuestro continente, las variaciones intra e interpoblacionales reflejan sucesos históricos con muy poca profundidad temporal en términos evolutivos. Desde 1492 hasta hoy, las comunidades de cada región geográfica son el resultado de mestizajes poblacionales que involucraron corrientes migratorias de diverso origen. Estos fenómenos fueron en ocasiones drásticos y violentos, con componentes pluriétnicos y aportes diferenciales según el género masculino o femenino.

En el caso de Azampay, esta diferencia ha resultado más que destacada. El componente amerindio es absoluto para los antepasados femeninos (100% de la población), en tanto el 88% de los haplogrupos masculinos tienen procedencia foránea. Dipierrri y colaboradores (1998) también reportaron completa ancestría americana por vía materna en San Salvador de Jujuy y la Quebrada de Humahuaca, en tanto 40,5 % de los linajes masculinos serían introducidos, con frecuencias que disminuyen en relación a la altura sobre el nivel del mar de la población considerada. En el noroeste colombiano se registró la misma tendencia asimétrica, con un 90% de linajes mitocondriales americanos y un 99% de cromosomas Y de procedencia extra continental (Carvajal-Carmona et al. 2000, Bedoya et al., 2006), lo que resulta consistente con registros históricos sobre mestizajes que involucraban mayormente a mujeres americanas y hombres extranjeros. Este fenómeno de sesgo de origen según el sexo sería común a toda América Latina.

Las genealogías y datos censales expuestos en este trabajo no se consideran de ninguna manera como definitivos. Sólo se refieren a un momento breve y perfectamente acotado en la historia poblacional de Azampay, cuya dinámica es profunda y compleja, incluida en un circuito regional de migraciones. Los azampeños desarrollan un estilo de vida muy austero, en un contexto de gran escasez de bienes. Sin inversión tecnológica y con un limitante régimen de aguas, las actividades económicas no pueden generar un excedente que absorba y contenga el crecimiento poblacional. Debido a la imprecisa definición del status jurídico de las tierras, la propiedad no puede dividirse y la migración es una estrategia de reproducción de cada grupo doméstico.

En el Noroeste Argentino, los principales mercados de trabajo y focos de atracción de mano de obra se ubican en zonas agroproductoras o urbanas de promoción industrial, en detrimento de las pequeñas economías regionales de la precordillera y puna (Forni et al., 1993). La posibilidad de utilizar el desplazamiento como alternativa no ha sido igual para todos los grupos sociales (Busso, 2006). En el caso analizado aquí, al carecer de capacitación, el traslado no implica necesariamente la inclusión en un sector laboral más ventajoso.

La migración puede darse como un traslado unidireccional único en la vida de un individuo o una familia. Pero también puede registrar ciclos, aconteciendo más de una vez. Se emplean las expresiones "factores de expulsión" y "factores de atracción" para centrarse precisamente en esos aspectos y estos nuevos actores individuales o familiares se denominan "transmigrantes", cuyo espacio social se entretiene entre diferentes lugares (Falero, 2002). Esta comunidad rural funciona según un modelo centrífugo, expulsando algunos de sus habitantes para insertarse laboralmente fuera de sus límites.

Sin embargo, el circuito de transmigrantes se completa con el establecimiento y la crianza de los nietos por sus abuelos. Es la vía de introducción de nuevos linajes, tanto masculinos como femeninos, incrementando la variabilidad, algo que no siempre tiene como correlato un incremento en la cantidad de apellidos registrados. La condición de semi-aislamiento que se asignaba a esta comunidad es sólo una categoría analítica y ciertamente no poblacional, ya que presenta niveles de diversidad comparables a los de muestras de ciudades con mayores densidades demográficas.

AGRADECIMIENTOS:

A todos los pobladores de Azampay.

Financiación: CONICET, CICPBA y FONCYT

BIBLIOGRAFÍA

- ACHILLI, Alessandro, PEREGO, Ugo, BRAVI, Claudio Marcelo, COBLE, Michael, KONG, Qing-Peng, WOODWARD, Scott, SALAS, Antonio, TORRONI, Antonio y BANDELT, Hans-Jurgen. 2008. "The Phylogeny of the Four Pan-American mtDNA Haplogroups: Implications for Evolutionary and Disease Studies". *PLoS ONE*, 3 (3): e1764.
- ALVES-SILVA, Juliana, DA SILVA SANTOS, Magda, GUIMARAES, Pedro, FERREIRA, Alessandro, BANDELT, Hans-Jurgen, PENA, Sergio y FERREIRA PRADO, Vania. 2000. "The Ancestry of Brazilian mtDNA Lineages". *American Journal of Human Genetics*, 67:444-461.
- ANDERSON, Eric, BANKIER, Alan, BARRELL, Bart, DEBRUIJN, MhI, COULSON, Alan, DROUIN, Jacques, EPERON, Ian, NIERLICH, Dp, ROE, Bruce A, SANGER, Frederick, SCHREIER, Peter H., SMITH, Andrew, STADEN, Rodger y YOUNG, Ian. 1981. "Sequence and organization of the human mitochondrial genome". *Nature*, 290:457-465.
- ANDREWS, Richard, KUBACKA, Iwona, CHINNERY, Patrick, LIGHTOWLERS, Robert, TURNBULL, Douglass y HOWELL, Neil. 1999. "Reanalysis and revision of the Cambridge reference sequence for human mitochondrial DNA". *Nature Genetics*, 23:147.
- BAILLIET, Graciela, ROTHHAMMER, Francisco, CARNESE, Francisco Raúl, BRAVI, Claudio Marcelo y BIANCHI, Néstor. 1994. "Founder Mitochondrial Haplogroups in Amerindian Populations". *American Journal of Human Genetics*, 55:27-33.
- BAILLIET, Graciela, RAMALLO, Virginia, ALFARO, Emma Laura, DIPIERRI, José Edgardo y BIANCHI, Néstor Oscar. 2005. "Linajes holándricos en tres provincias del NOA". *Actas del XXXIV Congreso Argentino de Genética. Revista de la Sociedad Argentina de Genética*, 27:181.
- BAILLIET, Graciela, MUZZIO, Marina, RAMALLO, Virginia, ALFARO, Emma Laura, DIPIERRI, José Edgardo y BIANCHI, Néstor Oscar. 2007. "Linajes paternos y apellidos en genealogías y poblaciones humanas". *Actas de las Octavas Jornadas Nacionales de Antropología Biológica. Revista Argentina de Antropología Biológica*, 9 (1):30.
- BAILLIET, Graciela, RAMALLO, Virginia, MUZZIO, Marina, GARCÍA, Angelina, SANTOS María Rita, ALFARO, Emma Laura, DIPIERRI, José Edgardo, SALCEDA, Susana, CARNESE, Francisco Raúl, BRAVI, Claudio Marcelo, BIANCHI, Néstor Oscar y DEMARCHI, Dario Alfredo. 2009. "Restricted Geographic Distribution for Y-Q* Paragroup in South America". *American Journal of Physical Anthropology*, 140:578-582.

- BALANOVSKY, Oleg, ROOTSI, Siiri, PSHENICHNOV, Andrey, KIVISILD, Toomas, CHURNOSOV, Michail, EVSEEVA, Irina, POCESHKHOVA, Elvira, BOLDYREVA, Margarita, YANKOVSKY, Nikolay, BALANOVSKA, Elena y VILLEMS, Richard. 2008. "Two Sources of the Russian Patrilineal Heritage in Their Eurasian Context". *American Journal of Human Genetics*, 82:236-250.
- BEDOYA, Gabriel, MONTOYA, Patricia, GARCÍA, Jenny, SOTO, Ivan, BOURGEOIS, Stephane, CARVAJAL, Luis, LABUDA, Damian, ÁLVAREZ, Victor, OSPINA, Jorge, HEDRICK, Philip W., y RUIZ-LINARES, Andrés. 2006. "Admixture dynamics in Hispanics: a shift in the nuclear genetic ancestry of a South American population isolate". *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 103:7234-7239.
- BERT, Francesc, CORELLA, Alfons, GENE, Manel, Pérez-Peréz, Alejandro y Turbón, Daniel. 2001. "Major mitochondrial DNA haplotype heterogeneity in highland and lowland Amerindian populations from Bolivia". *Human Biology*, 73:1-16.
- BIANCHI, Néstor Oscar, BAILLIET, Graciela, BRAVI, Claudio Marcelo, PENA, Sergio Dalmiro y ROTHHAMMER, Francisco. 1997. "Origin of American Y-Chromosome as inferred by the analysis of six polymorphic markers". *American Journal of Physical Anthropology*, 102:79-89.
- BIANCHI, Néstor Oscar, CATANESI, Cecilia Inés, BAILLIET, Graciela, MARTINEZ-MARIGNAC, Verónica, BRAVI, Claudio Marcelo, VIDAL-RIOJA, Lidia Beatriz, HERRERA, René y LOPEZ-CAMELO, Jorge Santiago. 1998. "Characterization of ancestral and derived Y-chromosome haplotypes of New World native populations". *American Journal of Human Genetics*, 63:1862—1871.
- BONAVIA, Duccio. 1991. *Perú: hombre e historia. De los orígenes al siglo XV*. Lima. Ediciones Eubanco.
- BOWDEN, Georgina, BALARESQUE, Patricia, KING, Turi, HANSEN, Ziff, LEE, Andrew, PERGL-WILSON, Giles, HURLEY, Emma, ROBERTS, Stephen, WAITE, Patrick, JESCH, Judith, JONES, Abigail, THOMAS, Mark, HARDING, Stephen y JOBLING, Mark. 2007 "Excavating past population structures by surname-based sampling: the genetic legacy of the Vikings in northwest England". *Molecular Biology and Evolution*, 25 (2):301-309.
- BUSSO, Gustavo. 2006. "Migración Interna, Pobreza y Desarrollo Territorial en el Cono Sur de América Latina: Impactos Sociodemográficos de la Migración Interna a nivel de Divisiones Administrativas Mayores en Argentina, Bolivia, Brasil y Chile". *Actas de la I Reunión de Expertos sobre Población y Pobreza en América Latina y el Caribe*. 1:3-38. Comisión Económica para América Latina y el Caribe - Fondo de Población de las Naciones Unidas.
- CARVAJAL-CARMONA, Luis, SOTO, Iván, PINEDA, Nicolás, ORTÍZ-BARRIENTOS, Daniel, DUQUE, Constanza, OSPINA-DUQUE, Jorge, MCCARTHY, Mark, MONTOYA, Patricia, ALVAREZ, Victor, BEDOYA, Gabriel y RUIZ-LINARES, Andrés. 2000. "Strong Amerind/White Sex Bias and a Possible Sephardic Contribution among the Founders of a Population in Northwest Colombia". *American Journal of Human Genetics*, 67:1287-1295.

- CASTRO DE GUERRA, Dinora, FIGUERA PÉREZ, Cristina, IZAGUIRRE, Mary Helen, RODRIGUEZ-LARRALDE, Alvaro, GUERRA CASTRO, Edlin, MARTÍNEZ MÉNDEZ, Dilia y PUJOL, Flor. 2009. "Diversidad mitocondrial en el Noroccidente de Venezuela. Implicaciones para probables rutas migratoria prehispanicas". *Acta Biológica Colombiana*, 14 (1):173-184.
- DEMARCHI, Dario A., PANZETTA DURTARI, Graciela, COLANTONIO, Sonia y MARCELLINO, Alberto. 2001. "Absence of the 9 bp deletion of mitochondrial DNA in pre-hispanic inhabitants of Argentina". *Human Biology*, 73 (4):575-82.
- DIPIERRI, José Edgardo, ALFARO, Emma Laura, MARTINEZ-MARIGNAC, Verónica Lucrecia, BAILLIET, Graciela, BRAVI, Claudio Marcelo, CEJAS, Silvina, BIANCHI, Néstor Oscar. 1998. "Paternal directional mating in two amerindian subpopulations from the northwest of Argentina". *Human Biology*, 70 (6):1001-1010.
- DIPIERRI, José Edgardo. 2004. *Apellidos del Noroeste Argentino: distribución, isonimia, estructura y dinámica poblacional*. Tesis de Maestría. Facultad de Humanidades y Ciencias Sociales, Universidad Nacional de Jujuy, Argentina.
- FALERO, Alfredo. 2002. "Migración laboral: un desafío para la sociedad civil". *Revista de Ciencias Sociales*, 20:50-62.
- FORNI, Floreal, TORT, María Isabel, JIMENEZ, Dora y PESSINA, Leonor. 1993. *Estudios Socio-Antropologicos de la Puna Catamarqueña*. Buenos Aires: CLACSO.
- GARCÍA, Federico, MORAGA, Mauricio, VERA, Soledad, HENRÍQUEZ, Hugo, LLOP, Elena, ASPILLAGA, Eugenio y ROTHHAMMER, Francisco. 2006. "mtDNA microevolution in Southern Chile's archipelagos". *American Journal of Physical Anthropology*, 129 (3):473-481.
- GÓMEZ, Alberto, ÁVILA, Sandra y BRICEÑO, Ignacio. 2008. "De genotipos e isonimias: análisis de correlación entre el apellido y el patrimonio genético heredado en el cromosoma Y en la población de tres departamentos del suroccidente colombiano". *Biomédica*, 28:3.
- HAMMER, Michael. 1994. "A recent insertion of an Alu element on the Y chromosome is a useful marker for human population studies". *Molecular Biology and Evolution*, 11:749-761.
- JOBLING, Mark. 2001. "In the name of the father: surnames and genetics". *Trends Genetics*, 17:353-357.
- JOBLING, Mark, HURLES, Matt y TYLER-SMITH, Chris. 2004. *Human Evolutionary Genetics: Origins, Peoples and Disease*. London/New York: Garland Science Publishing,
- KARAFET, Tatiana, ZEGURA, Stephen, POSUKH, Olga, OSIPOVA, Ludmila, BERGEN, Andrew, LONG, Jie, GOLDMAN, Daniel, KLITZ, William, HARIHARA, Shigeyoshi, DE KNIJFF Peter, WIEBE, Victor, GRIFFITHS, Robert, TEMPLETON, Alan y HAMMER, Michael. 1999. "Ancestral Asian source(s) of New World Y-chromosome founder haplotypes". *American Journal of Human Genetics*, 64:817—831.

- KARAFET, Tatiana, Mendez, Fernando, MEILERMAN, Mónica, UNDERHILL, Peter, ZEGURA, Stephen y HAMMER, Michael. 2008. "New binary polymorphisms reshape and increase resolution of the human Y chromosomal haplogroup tree". *Genome Research*, 18:830-838.
- KING, Turi y JOBLING, Mark. 2009. "Founders, Drift, and Infidelity: The Relationship between Y Chromosome Diversity and Patrilineal Surnames". *Molecular Biology and Evolution*, 26 (5):1093—1102.
- LALUEZA, Carlos, PEREZ-PEREZ, Alejandro, PRATS, Eva, CORNUDELLA, Lluís y TURBON, Daniel. 1997. "Lack of founding Amerindian mitochondrial DNA lineages in extinct aborigines from Tierra del Fuego-Patagonia". *Human Molecular Genetics*, 6:41—46.
- LEWIS, Cecil, TITO, Raúl, LIZÁRRAGA, Beatriz y STONE, Anne. 2004. "Land, Language, and Loci: mtDNA in Native Americans and the Genetic History of Peru". *American Journal of Physical Anthropology*, 127:351—360.
- LEWIS, Cecil, LIZÁRRAGA, Beatriz, TITO, Raúl, LÓPEZ, Paul, IANNACONE, Gian, MEDINA, Angel, MARTÍNEZ, Rolando, POLO, Susan, DE LA CRUZ, Augusto y CÁCERES, Angela. 2007. "Mitochondrial DNA and the Peopling of South America". *Human Biology*, 79 (2):159-78.
- MAFFIA, Marta, ZUBRZYCKI, Bernarda y BALLINA, Sebastián. 2004. "Estrategias metodológicas de abordaje en el estudio del parentesco y la familia". *Actas en CD del II Congreso Nacional de Sociología*. FCS-UBA. ISBN: 950-29-0816-3 Buenos Aires, Argentina.
- MANRUBIA, Susanna, DERRIDA, Bernard y ZANETTE, Damián. 2003. "Genealogy in the Era of Genomics". *American Scientist*, 91 (2):158.
- MASCITTI, Victor, DIPIERRI, José Edgardo y OCAMPO, Susana. 1990. "Sistema ABO, apellidos y miscegenación en poblaciones a diferentes niveles altitudinales." *CUADERNOS FHYCS*, 2: 63-66.
- MERRIWETHER, Andrew, ROTHHAMMER Francisco y FERRELL, Robert. 1995. "Distribution of the four founding lineage haplotypes in native Americans suggest a single wave of migration for the New World". *American Journal of Physical Anthropology*, 98:411-430.
- MORAGA, Mauricio, ROCCO, Paola, MIQUEL, Juan, NERVI, Flavio, LLOP, Elena, CHAKRABORTY, Ranajit, ROTHHAMMER, Francisco y CARVALLO, Pilar. 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: 19-29.
- MOTTI, Josefina María Brenda, MUZZIO, Marina, RAMALLO, Virginia, GARCÍA, Angelina, ALFARO, Emma Laura, DIPIERRI, José Edgardo, BAILLIET, Graciela y BRAVI, Claudio Marcelo. 2008. "Haplogrupos mitocondriales en muestras hospitalarias del Noroeste y Centro-Oeste de Argentina". *Actas en CD del X Congreso de la Asociación Latinoamericana de Antropología Biológica* La Plata, Buenos Aires. <http://www.xalab.fcnym.unlp.edu.ar/index.php?action=posGENEDEPO.htm>

- MOTTI, Josefina María Brenda, RODENAK, Boris, MUZZIO, Marina, RAMALLO, Virginia, SANTOS, María Rita, CASTRO, Cecilia, ALFARO, Emma Laura, DIPIERRI, José Edgardo, SCHEIBLE, Melissa, SAUNIER, Jessica, IRWIN, Jodi, COBLE, Michael, BAILLIET, Graciela y BRAVI, Claudio Marcelo. 2009. "The genetic composition of Argentina prior to the massive immigration era: insights from matrilineages of extant criollos in central-western Argentina". *Forensic Science International: Genetics Supplement Series*, 2 (1):342-343.
- MUZZIO, Marina, RAMALLO, Virginia, ALFARO, Emma Laura, DIPIERRI, José Edgardo, BIANCHI, Néstor y BAILLIET, Graciela. 2006. "Correlación entre apellidos y linajes del cromosoma Y". *Actas del XXXV Congreso Argentino de Genética. Revista de la Sociedad Argentina de Genética*, XVII (II): 81
- PALERMO, Miguel Angel. 2000. "A través de la frontera. Economía y sociedad indígena desde el tiempo colonial hasta el siglo XIX" En: M. Tarragó (Ed.), *Nueva Historia Argentina Tomo I - Los pueblos originarios y la conquista*. Buenos Aires: Editorial Sudamericana. pp. 343-382.
- QUIJADA, Mónica. 2003. "¿Qué nación? Dinámicas y dicotomías de la nación en el imaginario hispanoamericano del siglo XIX". En A. Von Dusek y F. X. Guerra (Eds.), *Inventando la historia: Iberoamérica siglo XIX*. Buenos Aires: Fondo de Cultura Económica.
- RAMALLO, Virginia, ALFARO, Emma Laura, DIPIERRI José Edgardo, BIANCHI, Néstor Oscar y BAILLIET, Graciela. 2005. "Caracterización de linajes paternos en muestras provenientes de tres provincias del NOA". *Actas de las Séptimas Jornadas Nacionales de Antropología Biológica. Revista Argentina de Antropología Biológica*, 7 (1):65.
- ROCCO, Paola, MORALES, Carmen, MORAGA, Mauricio, MIQUEL, Juan, NERVI, Flavio, LLOP, Elena, CARVALLO, Pilar y ROTHHAMMER, Francisco. 2002. "Composición genética de la población chilena. Distribución de polimorfismos de DNA mitocondrial en grupos originarios y en la población mixta de Santiago". *Revista Médica de Chile*, 130 (2):125-131
- RODRÍGUEZ-DELFIN, Luis, RUBIN-DE-CELIS, Verónica y ZAGO, Marcos. 2001. "Genetic Diversity in an Andean Population from Peru and Regional Migration Patterns of Amerindians in South America: Data from Y Chromosome and Mitochondrial DNA". *Human Heredity*, 51:97—106.
- ROSSER, Zoe, ZERJAL, Tatiana, HURLES, Matthew, ADOJAAN, Maarja, ALAVANTIC Dragan, AMORIM, Antonio, AMOS, William, ARMENTEROS, Manuel, ARROYO, Eduardo, BARBUJANI, Guido, BECKMAN, Gunhild, BECKMAN, Lars, BERTRANPETIT, Jaume, BOSCH, Elena y colaboradores. 2000. "Y-Chromosomal diversity in Europe is clinal and influenced primarily by geography, rather than by language". *American Journal of Human Genetics*, 67:1526—1543.
- SANTOS, María Rita, RAMALLO, Virginia, POLETTA, Fernando, LÓPEZ-CAMELO, Jorge Santiago, ORIOLI, Ieda, CASTILLA, Eduardo y BAILLIET, Graciela. 2008. "Análisis de linajes uniparentales en familias de niños con labio leporino". *Actas en CD del X Congreso de la Asociación Latinoamericana de Antropología Biológica*. La Plata, Buenos Aires. Argentina. <http://www.xalab.fcnym.unlp.edu.ar/index.php-action=clGENEPOBII.htm>

- SEIELSTAD, Mark, YULDASHEVA, Nadira, SINGH, Nadia, UNDERHILL, Peter, OEFNER, Peter, SHEN, Peidong y WELLS, Spencer. 2003. "A novel Y-Chromosome variant puts an upper limit on the timing of first entry into the Americas". *American Journal of Human Genetics*, 73:000.
- STONEKING, Mark, SHERRY, Stephen y VIGILANT, Linda. 1992. "Geographic origin of human mtDNA revisited". *Systematic Biologists*, 41:384-391.
- SYKES, Bryan e IRVEN, Catherine. 2000. "Surnames and the Y Chromosome". *American Journal of Human Genetics*, 66:1417-1419.
- TAMM, Erika, KIVISILD, Toomas, REIDLA, Maere, METSPALU, Mait, GLENN SMITH, David, MULLIGAN, Connie, BRAVI, Claudio, RICKARDS, Ooga, MARTINEZ-LABARGA, Cristina, KHUSNUTDINOVA, Elsa, FEDOROVA, Sardana, GOLUBENKO, María, STEPANOV, Vadim, GUBINA, Marina, ZHADANOV, Sergei, OSSIPOVA, Ludmila, DAMBA, Larisa, VOEVODA, Mikhail, DIPIERRI, José Edgardo, VILLEMS, Richard y MALHI, Ripan. 2007. "Beringian standstill and spread of Native American founders". *PLoS ONE*, 2(9): e829.
- TARAZONA-SANTOS, Eduardo, CARVALHO-SILVA, Denise, PETTENER, Davide, LUISELLI, Donata, DE STEFANO, Gian Franco, MARTINEZ LABARGA, Cristina, RICKARDS, Olga, TYLER-SMITH, Chris, PENA Sergio y SANTOS, Fabricio. 2001. "Genetic differentiation in South Amerindians is related to environmental and cultural diversity: evidence from the Y Chromosome". *American Journal of Human Genetics*, 68: 1485-1496.
- TORRONI, Antonio, SCHURR, Theodore, CABELL, Margaret, BROWN, Michael, NEEL, James, LARSEN, Merethe, SMITH, David, VULLO, Carlos y WALLACE, Douglas. 1993. "Asian affinities and continental radiation of the four founding Native American mtDNAs". *American Journal of Human Genetics*, 53:563—590.
- TRETTEL DE VARELA, Norha, VIAN, Mario Alberto, BAZÁN DE BLAS, María Isabel, ALVAREZ, Silvana Beatriz, GERSANIS Y OVIEDO, Marcelo Ariel. 1998. "Lazos y permanencia: estrategias conyugales de tres grupos extranjeros en dos departamentos catamarqueños (1890-1940)". *Actas del Congreso de Desarrollo Regional*. Tomo II:1-7 Catamarca: Secretaría de Ciencia y Tecnología, Universidad Nacional de Catamarca.
- UNDERHILL, Peter, JIN, Li, ZEMANS, Rachel, OEFNER, Peter y CAVALLI-SFORZA, Luca. 1996. "A pre-Columbian Y chromosome-specific transition and its implications for human evolutionary history". *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 93:196—200.
- UNDERHILL, Peter, JIN, Li, LIN, Alice, MEHDI, Qasim, JENKINS, Trefor, VOLLRATH, Douglas y DAVIS, Ronald. 1997. "Detection of numerous Y chromosome biallelic polymorphisms by denaturing high-performance liquid chromatography". *Genome Research*, 7:996-1005.
- UNDERHILL, Peter, PASSARINO, Giuseppe, LIN, Alice, SHEN, Peidong, MIRAZON LAHR, Marta, FOLEY, Robert, OEFNER, Peter y CAVALLI-SFORZA, Luca. 2001. "The phylogeography of Y chromosome binary haplotypes and the origins of modern human populations". *Annals of Human Genetic*, 65:43-62.

- UNDERHILL, Peter y KIVISILD, Toomas. 2007. "Use of Y Chromosome and Mitochondrial DNA Population Structure in Tracing Human Migrations". *Annual Reviews Genetics*, 41:539-64.
- WELLS, Spencer, YULDASHEVA, Nadira, RUZIBAKIEV, Ruslan, UNDERHILL, Peter, EVSEEVA, Irina, BLUE-SMITH, Jason, JIN, Li, SU, Bing, PITCHAPPAN, Ramasamy, SHANMUGAL-AKSHMI, Sadagopal, BALAKRISHNAN, Karuppiah, READ, Mark, PEARSON, Nathaniel, ZERJAL, Tatiana, WEBSTER, Matthew, ZHOLOSHVILI, Irakli, JAMARJASHVILI, Elena, GAMBAROV, Spartak, NIKBIN, Behrouz, DOSTIEV, Ashur, AKNAZAROV, Ogonazar, ZALLOUA, Pierre, TSOY, Igor, KITAEV, Mikhail, MIRRAKHIMOV, Mirsaid, CHARIEV, Ashir y BODMER, Walter. 2001. "The Eurasian Heartland: A continental perspective on Y-chromosome diversity". *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 98:10244-10249.
- Y CHROMOSOME CONSORTIUM. 2002. "A nomenclature system for the tree of human Y-chromosomal binary haplogroups". *Genome Research*, 12:339-348.
- ZEI, Gianna, LISA, Antonella, FIORANI, Ornella, MAGRI, Chiara, QUINTANA-MURCI, Lluís, SEMINO, Ornella y SANTACHIARA-BENERECETTI, Silvana. 2003. "From surnames to the history of Y chromosomes: the Sardinian population as a paradigm". *European Journal of Human Genetics*, 11:802-807.
- ZUBRZYCKI, Bernarda. 2003. "Herederos, dueños y 'Derechosos': Propiedad y herencia de la tierra en Asampay, Argentina". *Sociedades Rurales, Producción y Medio Ambiente*, 4 (1):19-27.
- ZUBRZYCKI, Bernarda. 2008. *Campos comuneros y relaciones de parentesco en el distrito La Ciénaga (Belén Catamarca)*. Tesis de Doctorado. Universidad Nacional de La Plata. Argentina.