

An illustration of a DNA double helix structure. The strands are represented by thick, curved lines in shades of teal, purple, and yellow. Several hands of different colors (purple, teal, yellow) are shown grasping the strands, symbolizing genetic inheritance and diversity. A small blue square with the letters 'CS' is located in the upper right corner of the illustration.

CS

El mestizaje en la Argentina

Indígenas, europeos y africanos. Una mirada desde la antropología biológica

Francisco Raúl Carnese



FILO:UBA
Facultad de Filosofía y Letras

El mestizaje en la Argentina

El mestizaje en la Argentina

Indígenas, europeos y africanos. Una mirada desde la antropología biológica

Francisco Raúl Carnese



Editorial de la Facultad de Filosofía y Letras
Universidad de Buenos Aires

Decana
Graciela Morgade

Vicedecano
Américo Cristófolo

Secretario General
Jorge Gugliotta

Secretaria Académica
Sofía Thisted

Secretaria de Hacienda
y Administración
Marcela Lamelza

Secretaria de Extensión
Universitaria y Bienestar
Estudiantil
Ivanna Petz

Secretario de Investigación
Marcelo Campagno

Secretario de Posgrado
Alejandro Balazote

Subsecretaria de Bibliotecas
María Rosa Mostaccio

Subsecretario
de Transferencia
y Desarrollo
Alejandro Valitutti

Subsecretaria de Relaciones
Institucionales e
Internacionales
Silvana Campanini

Subsecretario
de Publicaciones
Matias Cordo

Consejo Editor
Virginia Manzano
Flora Hilert
Marcelo Topuzian
María Marta García Negroni
Fernando Rodriguez
Gustavo Daujotas
Hernán Inverso
Raúl Illescas
Matias Verdecchia
Jimena Pautasso
Grisel Azcuy
Silvia Gattafoni
Rosa Gómez
Rosa Graciela Palmas
Sergio Castelo
Aylén Suárez
Directora de Imprenta
Rosa Gómez

Editorial de la Facultad de Filosofía y Letras
Colección Saberes



ISBN 978-987-4923-74-5

© Facultad de Filosofía y Letras (UBA) 2019

Subsecretaría de Publicaciones

Puan 480 - Ciudad Autónoma de Buenos Aires - República Argentina

Tel.: 5287-2732 - info.publicaciones@filo.uba.ar

www.filo.uba.ar

Carnese, Raúl

El mestizaje en la Argentina: indígenas, europeos y africanos: una mirada desde la antropología biológica / Raúl Carnese. - 1a ed. - Ciudad Autónoma de Buenos Aires: Editorial de la Facultad de Filosofía y Letras Universidad de Buenos Aires, 2019.

244 p. ; 20 x 14 cm. - (Saberes)

ISBN 978-987-4923-74-5

1. Antropología. 2. Biología. I. Título.
CDD 301

Índice

Agradecimientos	11
Prólogo <i>Sergio A. Avena</i>	13
Introducción	17
Capítulo 1 Mestizaje y mestizo. Definiciones y críticas	21
Capítulo 2 El mestizaje entre los pueblos originarios antes y después de la llegada de los europeos	43
Capítulo 3 El concepto de razas humanas. Críticas	55
Capítulo 4 El mestizaje biológico en poblaciones indígenas de la Argentina. Un análisis descriptivo y cronológico	77

Capítulo 5	
El mestizaje en poblaciones urbanas de la Argentina	129
Capítulo 6	
Aclarando algunos conceptos y definiciones	187
Bibliografía	207
Glosario	235
El autor	241

A mi compañera de la vida, Alicia.

*A mis hijos Francisco y Ana Eva, por su rectitud,
coherencia ideológica, solidaridad y por ser buenas personas.*

A mis nietos Valentina, Emiliano y Lolita, que alegran mi vida.

Agradecimientos

A los Dres. Alberto Rex González y Miguel Ángel Etcheverry que inicialmente, a mediados de la década de 1960, aportaron a la consolidación de las investigaciones en genética de poblaciones humanas, dentro de los marcos conceptuales de la Antropología Biológica.

Al Dr. Marcos Palatnik, Director de mi Tesis Doctoral, que con su rigurosidad científica contribuyó a mi formación como investigador en genética de poblaciones humanas, tarea que desarrollé en la Facultad de Química y Farmacia, hoy Facultad de Ciencias Exactas de la Universidad Nacional de La Plata.

A los Dres. Nilda Fink y Héctor Caferra, compañeros y amigos, que me ayudaron a transitar mis primeros pasos en el trabajo de laboratorio.

Al Dr. Manuel G. Escalante, en ese entonces, Director del Departamento de Ciencias Biológicas de la Facultad de Ciencias Exactas, quien impulsó el desarrollo de esta línea de investigación.

Al Dr. Carlos Herrán, Director del Departamento de Ciencias Antropológicas y a la Dra. Ana María Lorandi,

Directora del Instituto de Ciencias Antropológicas de la Facultad de Filosofía y Letras de la UBA, quienes apoyaron el desarrollo de estos estudios.

Al Dr. Héctor M. Pucciarelli, compañero de estudio y entrañable amigo, con quien compartí mi vida estudiantil, científica y familiar.

A los Dres. Francisco M. Salzano y Sidia Callegari-Jacques del Departamento de Biología de la Universidad Federal de Rio Grande do Sur, Brasil, quienes apoyaron, desinteresadamente, el desarrollo de mis investigaciones.

Me pareció justo hacer esta breve y seguramente incompleta revisión temporal, porque considero que la consecución de cualquier actividad tiene siempre una explicación histórica.

A los amigos del Equipo Argentino de Antropología Forense por su encomiable labor desde hace 35 años por la Verdad y la Justicia.

Por último, deseo expresar mi más profundo agradecimiento a mis colegas: Sergio A. Avena, Cristina B. Dejean, Roxana Boixados y Susana S. Margulies quienes tuvieron la paciencia de leer críticamente este libro. Todos/as han aportado sugerencias y modificaciones que mejoraron tanto la forma como el contenido del mismo. A María Fernanda Torres y Cristina Muñe por realizar las correcciones finales.

Un reconocimiento especial merece María Victoria Lois, Secretaria de la Sección de Antropología Biológica del Instituto de Ciencias Antropológicas, quien colaboró en la organización de las diez tablas y dos figuras que presenta el libro.

Por supuesto que todos los errores y/u omisiones de este libro son de mi exclusiva responsabilidad.

Prólogo

Sergio A. Avena

¿Qué es el mestizaje? ¿Cómo se dio este proceso y entre quiénes? ¿Qué relación guarda con la clasificación racial? ¿Hay un mestizaje biológico y otro cultural? ¿El mestizaje es homogéneo? ¿Qué nos dice la información genética? ¿Cómo está compuesta la población de nuestro país? ¿Venimos “todos de los barcos”?

El lector encontrará respuestas a estos y otros interrogantes clave, de sumo interés tanto para el ámbito disciplinar como para comprender aspectos identitarios de la historia de nuestro país.

Un objetivo primordial de este libro es analizar críticamente las concepciones del mestizaje, comenzando por el origen del término —ya que este se ha aplicado desde los albores de la humanidad— y sus sucesivos empleos históricos para comprender su relación con el presente. El autor analiza las *ideologías del mestizaje* en Latinoamérica, que van desde la concepción que lo retrata como un símbolo de la *democracia racial* hasta la que lo concibe como una resultante de la opresión iniciada en la conquista, que nos recuerda las relaciones de poder, incluidas las sexuales, ejercidas

desde la llegada de los conquistadores españoles. Si bien las ideologías del mestizaje varían según los países, Carnese señala acertadamente de acuerdo con otros autores, que “un denominador común parece atravesarlas en América, dado que, en general, se inscribe como privilegio la descendencia europea y con ambivalencia la indígena” y que, además, “muchas ideologías nacionalistas latinoamericanas, que hacen del mestizaje un tropo maestro de la nación, tienden a minimizar —cuando no abiertamente a borrar— la negritud del panorama nacional”. Otro tópico no menos interesante es que la construcción de la narrativa dominante acerca de la proveniencia de los argentinos “de los barcos” no deja espacio para que el mestizaje forme parte del acervo identitario nacional.

Por otra parte, ante las inconsistencias que diversos investigadores observaron acerca del concepto de mestizaje, el autor propone redefinir esa noción, aclarando expresamente que no deberían incluirse en su definición los términos raza y mezcla.

Además, logra explicar de forma clara, amena y concisa los problemas que atañen a las clasificaciones raciales. Propone pensarlas críticamente, ver sus límites e inexactitudes. En ese sentido, señala que “la imposibilidad de sistematizar a nuestra especie, independientemente de las variables utilizadas para alcanzar ese objetivo, está indicando que el problema no es de naturaleza técnico-metodológica, sino teórico-conceptual, porque lo que se intenta discriminar —las razas humanas— parece no tener una existencia biológica real”. En efecto, el conocimiento del genoma humano ratifica esta aseveración, que se viene enunciando desde los trabajos señeros de Richard Lewontin en la década del 70. En definitiva, la información genética cuestiona el concepto de raza y amplía el conocimiento sobre el mestizaje biológico.

La obra incorpora una detallada descripción de las investigaciones antropogenéticas de nuestro país, las que demuestran la importante participación autóctona y africana en su acervo génico, mientras que el predominio de linajes paternos europeos se explica como consecuencia de una relación asimétrica entre los sexos, debido a que el mestizaje se produjo, principalmente, en la época colonial o poscolonial temprana entre el varón español y la mujer indígena.

No debe soslayarse un punto fundamental, que consiste en la toma de posición del autor respecto a la discusión entre lo que se denomina “identidad genética” e “identidad étnica”. Señala que la identidad debe explicarse desde la cultura y no a partir de la biología, aclarando que ese concepto no es estático sino dinámico, producto de intercambios culturales, influenciado e influenciante del contexto social e inmerso en una red de relaciones simbólicas.

Finalmente, este libro es una obra de referencia para la disciplina pero también, dado que su temática incluye elementos que se entroncan en tópicos fundamentales de las narrativas de la nacionalidad, se constituye en una fuente de consultas para el resto de las ciencias sociales y humanas.

Introducción

En este libro nos proponemos analizar el mestizaje en la Argentina a partir de los principales componentes que han intervenido en ese proceso: los pueblos originarios, los europeos y los africanos subsaharianos. El tema será evaluado desde la perspectiva de la antropología biológica, empleando como herramienta fundamental de análisis los conocimientos aportados por la genética de poblaciones.

Esta obra está dirigida a estudiantes y graduados de las carreras de antropología, sociología, historia, etnohistoria y biología y a todos aquellos que, provenientes de otras áreas del conocimiento, estén interesados en esta temática.

En el primer capítulo, comentaremos las contribuciones realizadas por investigadores procedentes de disciplinas como la historia, la etnohistoria y la antropología que evaluaron críticamente la noción de mestizaje, así como también, la de mestizo que fue introducida en Iberoamérica por los conquistadores europeos. Dentro de ese marco, y desde una concepción antropogenética, cuestionaremos la utilización de los términos “raza” y “mezcla” en la definición de mestizaje, por entender que estos vocablos han contribuido a aumentar la confusión ya existente sobre el mismo.

En el segundo capítulo, y desde un enfoque etnohistórico e histórico, examinaremos los contactos interétnicos que se establecieron, inicialmente, entre los pueblos originarios y, con posterioridad, con los conquistadores europeos y los africanos subsaharianos.

En el tercer capítulo, discutiremos el concepto de raza y procederemos a analizar esa categoría y su significado, así como también, el origen del término y las clasificaciones raciales.¹

Hemos considerado necesario plantear esta cuestión porque sostenemos que la raza no es una realidad biológica sino una construcción social históricamente determinada y porque, además, el lector entenderá la razón por la cual no utilizaremos esa categoría en nuestra propuesta de redefinición de la noción de mestizaje.

En el cuarto capítulo, describiremos los resultados de las investigaciones genético-poblacionales realizadas en comunidades indígenas con la finalidad de conocer sus estructuras genéticas y estimar el grado de participación de los componentes europeo y subsahariano en su composición genética. Para cumplir con esa finalidad, analizaremos los aportes provenientes de la genética serológica y de la biología molecular.

El capítulo quinto versará sobre el mestizaje en poblaciones urbanas de distintas regiones del país y tendrá como objetivo valorar la contribución de los componentes indígena, europeo y subsahariano en sus acervos génicos.

Además, a partir de las mismas muestras urbanas estudiadas por nuestro equipo de investigación, presentaremos un estudio comparativo de los porcentajes de flujo génico estimados a partir de los datos serológicos y moleculares.

1 Parte de estos comentarios han sido publicados en el libro *Introducción a la Antropología Biológica*, editado por Lorena Madrigal Díaz y Rolando González-José, y publicado en enero de 2016 bajo los auspicios de la Asociación Latinoamericana de Antropología Biológica (ALAB).

Este análisis tendrá por finalidad evaluar si se han registrado diferencias entre ambos tipos de determinaciones.

En relación con los capítulos cuarto y quinto, hemos creído conveniente revisar y describir brevemente los aportes más relevantes realizados por autores que han investigado el proceso de mestizaje en nuestro país. Lo mismo hemos hecho con los estudios llevados adelante por nuestro equipo de trabajo. Estas investigaciones fueron analizadas siguiendo un criterio histórico, geográfico y cronológico. Finalmente, discutiremos las probables causas determinantes de las diferencias observadas en esos estudios, tanto a nivel local como regional. A pesar del esfuerzo realizado para cumplir con los objetivos planteados en estos dos capítulos, es probable que algunos trabajos hayan sido omitidos involuntariamente. Sin embargo, tenemos la seguridad de que todos los equipos de investigación que han desarrollado estos temas están representados en este libro.

En el último capítulo, remarcaremos que las diferencias biológicas observadas entre las poblaciones analizadas no son de naturaleza racial, sino producto de la acción aislada o combinada de los mecanismos microevolutivos que actúan sobre ellas. Además, incluiremos temas que refieren a los conceptos de cultura, identidad, etnicidad y a las ideologías del mestizaje que se expresaron y expresan en la Argentina y en distintos países de Latinoamérica.

Por otra parte, tratamos de evitar una excesiva utilización de términos técnicos. Para los casos en que estos debieron ser empleados necesariamente, decidimos elaborar un glosario para no especialistas, con el objetivo de brindar sus respectivos significados.

Por último, el lector observará que no describimos las técnicas empleadas en las determinaciones serológicas y moleculares y en los soportes estadísticos para valorar las relaciones biológicas de las poblaciones estudiadas y su grado de

mestizaje. No nos pareció necesario cumplir con ese requisito, porque el objetivo del libro es proporcionar información sobre el mestizaje en la Argentina y no analizar las técnicas y métodos utilizados para su obtención.

Capítulo 1

Mestizaje y mestizo

Definiciones y críticas

En general, el mestizaje es definido como la mezcla entre individuos que pertenecen a diferentes razas y culturas. Según la Real Academia Española, “el mestizaje es el cruzamiento de diferentes razas que da origen a un conjunto de individuos que resultan de ese cruzamiento, los mestizos, y a la mezcla de culturas distintas, que da origen a una nueva” (*Diccionario de la Lengua Española*, 2001). De manera similar, el *Diccionario Enciclopédico Gran Espasa Ilustrado* (1999) define al mestizo como “la persona nacida de padre y madre de raza diferente y especialmente del hijo de hombre blanco e india, o de indio y mujer blanca. Se dice del animal o vegetal que resulta de haberse cruzado dos razas distintas”. En esta definición, el concepto se extiende a todo aquel que descende de la cruce de razas de especies no humanas.

En la Península Ibérica, antes de la conquista americana, el término mestizo fue utilizado dentro del campo de la zoología y no para referir a la especie humana. Dicho término se aplicó a los descendientes de españoles e indígenas recién a partir de las primeras tres o cuatro décadas posteriores a la conquista europea; con anterioridad a esa época

se usaban las expresiones “hijo de español habido en una india” o “hijos de españoles habidos en indias” (Olaechea Labayen, 1992: 269).¹ Según este autor, un ejemplo de ese mismo enunciado se retrotrae a 1513, cuando en una Real Cédula dirigida al almirante y jueces de la Española, se decía: “A Juan García Caballero consentiréis traer a educar a Castilla dos hijos suyos que tuvo en una india, según él nos pide”. Más adelante, en el encabezamiento de una Real Cédula de fecha 3 de octubre de 1533, dirigida al Presidente de la Audiencia de México, se registra la misma expresión: “Los hijos de españoles habidos en indias sean recogidos”. En ese texto se suplica atender a

[...] los hijos de españoles que han habido de indias, los cuales andan perdidos entre los indios [...] y que anduvieren fuera de su poder en esa tierra entre los indios della, se recojan y alberguen todos en esa dicha ciudad y en los otros pueblos de españoles cristianos. (Olaechea Labayen, 1992: 270)

El término mestizo parece haber sido introducido por los dominicos en la Nueva Española, recién a partir de la cuarta década del siglo XVI, dado que apareció en documentos escritos de esa época. Según Olaechea Labayen (1992: 272):

En 1535 dichos frailes erigieron la provincia religiosa de Santiago de México, desmembrando la de la Santa Cruz de la Isla Española y en el capítulo provincial que celebraron ese año bajo la autoridad de Fray Domingo de Betanzos decidieron no admitir al hábito a *indios*

1 Estos términos son expresiones prejuiciosas y discriminatorias de la mujer indígena, ya que esta parece haber sido solo un receptáculo necesario para que el colonizador pudiera engendrar a sus descendientes.

y *mestizos* ni tampoco a los estudios que tenían organizado en su convento a donde solían acudir también estudiantes que no aspiraban a ingresar a la orden.
(Las cursivas son nuestras)

En cambio, los obispos de la Nueva Española que no pensaban lo mismo también mencionan el término mestizo en el capítulo primero de la Junta Eclesiástica de México de 1539, donde acuerdan que para “...el servicio de las parroquias o ayuda de los tales curas se ordenen de las cuatro órdenes menores de la Iglesia algunos *mestizos e indios*...” (las cursivas son nuestras). En ese sentido, Olaechea Labayen (1992: 272) señala con acierto que “Después de esa que podríamos llamar legitimación canónica del vocablo mestizo, los reparos en la utilización del mismo no tenían ya demasiado sentido” a pesar de su origen peyorativo, no solo por su connotación zoológica, sino también, por su vinculación con la ilegitimidad. Catelli (2010), siguiendo a Irigoyen García, consideró que

[...] se ha incorporado en las colonias un lenguaje racial zootécnico que es una de las principales connotaciones negativas de “mestizo” corroborándose, además, “la centralidad del traslado de vocablos ibéricos al Nuevo Mundo, o sea, dentro del espacio imperial/colonial transatlántico.

En síntesis, en todos los casos analizados, el concepto de mestizaje fue definido como cruza o *mezcla* de individuos de diferentes razas, siendo sus descendientes mestizos. Más adelante nos referiremos a la inconsistencia que implica emplear los términos raza y mezcla para definir ese enunciado.

Con respecto al término mestizo, se evidencia que tiene un origen peyorativo por sus implicaciones zoológicas. Otros vocablos utilizados por los conquistadores tuvieron,

también, connotaciones despectivas; por ejemplo, el término mulato —producto de la unión entre españoles y subsaharianos— es de origen zootécnico, el mulato sería el representante humano de lo que era la mula, una cruce entre una yegua y un burro o asno. En definitiva el colonialismo no solo se impuso militar y económicamente en el continente americano, sino que logró que perduraran desde el período Colonial Temprano hasta la actualidad conceptos que, por inercia o hábito, se siguen empleando sin reflexionar sobre las connotaciones negativas que conllevan.

1. Qué rol ocupaban los mestizos en el Período Colonial Temprano. Cómo se los definía

No se puede ahondar en la definición de mestizo sin tener en cuenta la tradición hispánica en la cual se origina. En ese sentido Bernard (2001: 107) se preguntaba: ¿qué se entiende por mestizo en el siglo XVI? ¿Cómo se conceptualizan la raza, el linaje y la casta?

En el Nuevo Reino de Granada (actual Colombia), las autoridades judiciales y los testigos de elite eran los que juzgaban el lugar que ocupaban los mestizos en la sociedad, lo cual dependía del género, el estatus social, el lugar de residencia y si habían sido reconocidos por un padre español. (Rappaport, 2012: 21-22)

Según Bernard, se los consideraba como “desnaturados” y despertaban mucha desconfianza, porque podían servir tanto al rey de España como al señor indígena. Con respecto al lugar de residencia, se les impedía acceder a tierras comunitarias y, también, ejercer cargos administrativos importantes.

Otro estereotipo negativo estaba asociado a la familia, dado que, “lo que domina en la generación no es la ‘castidad’ de los padres ni la ‘virtud’ sino el acto sexual como manifestación de lujuria”. Heredaban de sus madres las “malas costumbres mamadas de la leche” y se les asignaba la responsabilidad de transmitir enfermedades como la sífilis, entre otras.

Por otra parte, en ese período, parece que la vestimenta definía socialmente al individuo más que la coloración de la piel; una clara demostración de ello la verificamos cuando Pedro Pizarro al hablar del Inca Sayri Tupac dijo que su mujer “era blanca, de color trigueño y entre los señores y señoras era más blanco como españoles” (Bernard, 2001: 116-117; 122-125, las comillas en estos tres últimos párrafos son de la autora).

En general, los significados asociados al término mestizo eran inconsistentes y ambiguos. Tan fue así que Sebastián de Covarrubias le dedica una sola oración al “mestizo”: “el que es engendrado de diversas especies” (1995 [1611]).

Rappaport (2015: 13) señala que esta escueta definición no está vinculada a una categoría sociorracial; solo alude a la noción general de mezcla, como lo demuestra el hecho de que descendientes de nativos también fueron considerados mestizos, a pesar de no pertenecer a categorías sociorraciales distintas.² Esta situación parece darse en casos en que los

2 Rappaport afirma que “la fluidez de la etiqueta ‘mestizo’ surge de la ausencia de un grupo sociológico de mestizos al cual pertenecer: es simplemente una categoría a la que eran asignados”. Más adelante, la autora continúa señalando que “el rango de personas que podían ser asignadas al grupo de mestizos era amplio y difuso: los hijos ilegítimos y no reconocidos de españoles con mujeres nativas, que se mezclaban entre la población indígena; los habitantes de los barrios plebeyos de Santafé (hoy Bogotá) y Tunja (localidad ubicada en el Departamento de Boyacá en Colombia). En el período colonial ese distrito estaba habitado por los indígenas muisca quienes, al parecer, aceptaron su designación como mestizos sin más problemas; los hijos mestizos de los españoles de elite, quienes vivían en el corazón de la sociedad urbana refinada y muchas veces se deslizaban entre los pliegos españoles”. Finalmente, Rappaport, citando a Schwartz y Salomon (1999: 444), menciona que: “las personas de nacimiento mixto formaban, no tanto una categoría, sino un desafío a la categorización misma” (2015: 13-14).

ancestros ocupaban posiciones sociales diferentes dentro de una comunidad. En ese sentido, Felipe Guaman Poma de Ayala (1980 [1615: 192]) cuenta que al casarse un cacique con una india plebeya, sus descendientes se convertían en mestizos (ver Rappaport, 2015: 13-14).

Por el contrario, a diferencia del mestizo, los estratos “indio”³ y “español”⁴ eran mucho más específicos, funcionaban como categorías adscriptivas y como términos generales para grupos con derechos y obligaciones determinados. Sin embargo, estas adscripciones no eran totalmente estables u homogéneas, y sus límites no eran fijos o estaban delimitados claramente (*ibidem*: 13-14).

En relación con el estatus social, es interesante mencionar el estudio realizado por Rappaport (2012: 21-22 y 25) quien analizó dos casos especiales, el de Don Diego de Torres cacique de Turmequé y el de Don Alonso de Silva cacique de Tibasosa,⁵ que sirven de ejemplo para comprender la situación de los mestizos en la colonia y la visión que de ellos tenían los encomenderos y la jerarquía colonial. Ambos hombres tenían padres conquistadores y descendían de líneas de sucesión a los cacicazgos por parte de sus madres, lo que les permitió competir por posiciones de mando que entre los indígenas muisca se heredaban por línea materna. En estos casos defendieron sus condiciones de mestizos como algo deseable y desafiaron los estereotipos negativos que sobre el mestizaje se tenían en el período colonial.

3 “Indio” era una categoría adscriptiva cuyos componentes estaban obligados a pagar tributo a la Corona, pero estaban exentos de otras instituciones coloniales como la Inquisición. Cuando escapaban de sus obligaciones tributarias a Santafé o Tunja, los indios seguían unidos, aunque fuera marginalmente, a una colectividad (Rappaport, 2015: 13).

4 Los españoles recibían el estatus de “vecino” que les permitía ocupar cargos públicos, usar ciertos tipos de vestimentas y de joyas. Participaban de determinados rituales públicos, promulgaciones ceremoniales y mantenían las nociones cristianas de jerarquía (Herzog, 2003).

5 Turmequé y Tibasosa son dos municipios colombianos ubicados en el Departamento de Boyacá.

Como eran hombres letrados y cosmopolitas conocían las complejidades del sistema legal y consideraron que estas condiciones les permitían luchar por los cacicazgos entre los muisca, ayudar a su comunidad nativa y enfrentar la explotación a que eran sometidos sus súbditos por parte de los encomenderos. Estos a su vez, se oponían a que asumieran los cacicazgos y apoyaban a los postulantes nativos.

En otras ocasiones, tanto Don Diego de Torres como Don Alonso de Silva, evitaban usar para sí el término mestizo, y se definían como “hijos de español y cristiano”. Esta ambivalencia del mestizaje se manifestó, también, en individuos que pertenecían a otros estratos sociales (ibídem: 30). Debido a esta ambigüedad, se vieron “obligados a ubicarse aparte de sus súbditos, haciendo énfasis en su estatus de nobleza, pero, simultáneamente, fueron forzados a distanciarse de aquellos plebeyos no indígenas, ya se tratara de mestizos o españoles” (ibídem: 31).

Esta reivindicación como europeos y *muisca* nobles al mismo tiempo era precaria. Su desarraigo les impidió situarse en algún campo étnico, de modo que ponían en riesgo su autenticidad cuando sus cacicazgos eran amenazados (ibídem: 31).

Además, “[...] en la visión del mundo de los encomenderos de Tunja, su noble árbol familiar ibérico podía juzgarse como manchado por la sangre de su madre muisca”, al considerarse que “potencialmente, las mezclas podían manchar los linajes y condenar a sus miembros a la ignominia, tal como ocurría cuando se descubrían judíos, musulmanes o ancestros heréticos en las líneas de sangre” (Rappaport, 2012: 40).

En otro sentido, Zúñiga (1999: 449-450) mencionaba que en algunos de los textos de los siglos XVI y XVII, se planteaba que la sangre noble lavaba los defectos naturales de los nativos, del mismo modo que el mercurio purifica la plata. Es decir, se disolvería en los descendientes uno de sus

componentes, quedando los mismos incorporados a la hispanidad, lo cual demostraría la inconsistencia de mantener una adscripción grupal de mestizo. Dentro de ese contexto, ambos caciques ensalzaban a sus ancestros españoles que mejoraban sus líneas de sangre muisca, sesgando sus genealogías hacia el lado de sus padres e ignorando las de sus madres. Comúnmente, los mestizos que se autodenominaban “hijos de españoles”, como los de este caso, adoptaron la cultura española, en contraposición a los mestizos rurales que eran vistos como ilegítimos (Rappaport, 2012: 41).

En definitiva, como los mestizos eran definidos por las autoridades judiciales y los testigos de elite, se constituían en una categoría que fluctuaba según la percepción que de ellos tenían los que los clasificaban y, además, como señalamos en párrafos anteriores, esa situación fue una de las causas que impidió que se identificaran como pertenecientes a un grupo sociológico determinado.

2. Interpretaciones acerca del concepto de mestizaje. Críticas

Para Esteva Fabregat (1981: 102-103) el mestizaje es un proceso abierto que se dio entre diferentes grupos raciales de nuestra especie y en la América Prehispánica entre las primeras poblaciones que arribaron a nuestro continente. Como ejemplo, este autor señala los intercambios tanto culturales como biológicos que se produjeron entre los habitantes de las tierras altas y selváticas y entre mayas, toltecas y mexicanos.

En su trabajo, Esteva Fabregat emplea los términos “intercambio” y/o “recombinación” cuando se refiere a que poblaciones diferentes recombinaron sus formas de vida con las de otras, en el sentido que tanto la recombinación cultural

como la biológica constituyeron una condición intrínseca del mestizaje y de sus procesos fundacionales. Al incorporar esos dos términos, el autor expresa con mayor certeza lo que realmente acontece en esas uniones biológicas, dado que el mestizaje da origen a nuevas recombinaciones génicas entre los descendientes de esos cruzamientos.

Dichos términos son más apropiados que la palabra mezcla a la hora de definir mestizaje biológico, ya que los genes no se mezclan en la descendencia, sino que mantienen su integridad y se transmiten de generación en generación sin modificaciones, salvo que se produzca algún evento mutacional. Durante ese proceso se observan cambios en las poblaciones con tendencia a la heterogeneidad y no a la homogeneidad biológica como ocurriría si los caracteres genéticos se mezclaran, fusionando las diferencias originales e invisibilizando las características biológicas de aquellos que participaron del mestizaje.

Como ese proceso es dinámico, se producirán cambios de generación en generación y, como consecuencia de ello, las poblaciones “mestizadas” presentarán una mayor diversidad biológica que las de los ancestros que les dieron origen.

Un ejemplo muy claro de esos acontecimientos fue y es América donde confluyeron poblaciones humanas provenientes, principalmente, de Europa, Medio Oriente y África que, junto con los pueblos originarios, dieron lugar a un intercambio biológico que modificó las estructuras genéticas de los grupos humanos involucrados en esos hechos. Más adelante, a partir de la información genética obtenida en poblaciones de diversas regiones de nuestro país, analizaremos cómo se fueron produciendo esos cambios.

Retomando la discusión acerca de la utilización del vocablo mezcla y del concepto de mestizaje, Gruzinski en el capítulo de su libro dedicado a las incertidumbres y ambigüedades del lenguaje, señaló que:

[...] a la mezcla de seres y de imaginarios se la llama mestizaje, sin que sepamos qué encubre este término y sin que nos interroguemos sobre las dinámicas que designa. Juntar, mezclar, cruzar, enfrentar, superponer, yuxtaponer, interponer, traslapar, pegar, fundir, etc., son palabras que se aplican al mestizaje y que cubren con una profusión de vocablos la imprecisión de las descripciones y la vaguedad del pensamiento. (Gruzinski, 2000: 42)

En estos párrafos el autor parece cuestionar no solo la categoría de mestizaje sino, también, la aplicación del término mezcla en su definición. En general, este vocablo no ha sido cuestionado por otros investigadores, por ejemplo, Amselle (1990: 248) considera al mestizaje como “una mezcla cuyos componentes no se pueden separar”. En consonancia con ese pensamiento, Aguirre Beltrán (1970) planteó, refiriéndose a México, que la cultura mestiza es “la lucha de los contrarios (cultura indígena y europea), que el encuentro de culturas diferentes genera una lucha entre elementos opuestos que se oponen unos a otros, pero que al mismo tiempo tienden a la fusión, a la *conjugación* y a la creación de una nueva cultura, la cultura mestiza” (la cursiva es nuestra).

Por el contrario, Laplantine y Nouss (1997: 8-10) sostienen que el mestizaje “es una composición cuyos componentes mantienen su integridad”, es decir, no es “la fusión, la cohesión, la ósmosis, sino la confrontación y el diálogo”.

Desde un punto de vista genético, si consideramos que esos componentes son los genes, la definición propuesta por Laplantine y Nouss armoniza con la del mestizaje biológico dado que, como ya señalamos, en ese proceso los genes mantienen su integridad, no se fusionan, son entidades discretas que no “se mezclan” en los portadores ni en sus descendientes.

Por esa razón, la utilización de la palabra mezcla en el sentido de fusión de caracteres lleva a confusión cuando se intenta explicar el proceso de mestizaje, oscureciendo la comprensión del mismo. Si bien ese término ha sido funcional en otra etapa del conocimiento científico —y tenía cierto poder explicativo— creemos que su empleo en la actualidad, junto con el concepto de raza, se convierte en un obstáculo a la hora de abordar e intentar proponer una redefinición del concepto de mestizaje. Esta cuestión es un tema que está interpelando a investigadores de diversas disciplinas como la historia, la etnohistoria, la antropología y la genética de poblaciones.

Las palabras, los términos, los conceptos pierden sentido cuando nuevos conocimientos los impugnan. Por esa razón, nos parece oportuno mencionar el comentario que Stolcke (2008) hace sobre la conferencia dictada por Cortázar en el Centro Cultural de Madrid, en marzo de 1981, en la cual el escritor decía:

[...] las palabras pueden cansarse y enfermarse, como se cansan y enferman los hombres y los caballos. A fuerza de ser repetidas, y muchas veces mal empleadas, terminan por agotarse. En lugar de brotar de las bocas o de la escritura como lo que fueron alguna vez, flechas de comunicación, pájaros del pensamiento y de la sensibilidad empezamos a sentir las como monedas gastadas y servinos de ellas como pañuelos de bolsillo, como zapatos usados. (Stolcke, 2008)

Nosotros agregaríamos al respecto las palabras de Larrain cuando señala que:

Para su aceptación todo término requiere previamente un análisis de su contenido etimológico, así como

de su carga sentimental, social, política o religiosa. Este último aspecto es insoslayable, ya que los términos o conceptos se van cargando de sentidos de acuerdo con el uso que se ha hecho de ellos a lo largo de la historia. (Larrain, 1993: 30)

3. Otras críticas al concepto de mestizaje

Si bien esta primera parte del capítulo tuvo como finalidad discutir el concepto de mestizaje y, principalmente, el término mezcla empleado en su definición, no podemos dejar de mencionar las críticas formuladas a ciertas interpretaciones que sugieren que en la consumación de ese proceso se borrarían o invisibilizarían los actores que intervinieron en el mismo. Por consiguiente, si se aceptara que el mestizaje es la mezcla entre personas que pertenecen a diferentes razas y culturas, en ese proceso se eliminarían esas diferencias conformándose un nuevo corpus biológico y sociocultural.

Refiriéndose críticamente a esa concepción, pero en relación al mestizaje cultural en México, Zermeño-Padilla (2008: 82) se interroga acerca de por qué a pesar de su ambigüedad y de sus debilidades teóricas y científicas, se sigue recurriendo a la noción de mestizaje para dar cuenta de los intercambios culturales entre grupos y comunidades diversas. Según el autor, la respuesta a esa pregunta tiene una base ideológico-política al proponer como día del mestizaje o mezcla entre la raza indígena y española la festividad del IV Centenario del Descubrimiento de América, celebrada en México en 1892, acontecimiento que fue considerado como el encuentro de dos culturas y el nacimiento de una incipiente raza latinoamericana. Esta nueva “raza mestiza” niega entonces los límites de los componentes que la determinaron: el hispano-criollo y el

indígena. Esta absorción daría lugar al concepto de mestizaje formulado por Vasconcelos, en 1917.

Según la concepción de Zermeño-Padilla (2008: 83-85), este cruzamiento se dio entre grupos raciales que tenían diferentes grados de evolución, los españoles —en tanto conquistadores más avanzados— y los indígenas conquistados —los más atrasados—; el mestizo sería entonces el elemento de integración y superación de la disgregación. Estas ideas se expresaron dentro de un contexto histórico en el cual predominaban las concepciones positivistas, con el mestizo absorbiendo ambos componentes —el hispano-criollo y el indígena— y convirtiéndose en representante de la Modernidad.

Desde otro enfoque, el término mestizaje está siendo discutido por la utilización política e ideológica que efectúan de ese concepto los que argumentan que el mestizaje practicado en Latinoamérica fue y es una clara demostración de la inexistencia de discriminación racial en la región.

Dulitzky (2001: 85), por el contrario, considera que dichas concepciones intentan negar y ocultar que esa discriminación existe en Latinoamérica y sostiene que serían tres los tipos de segregación racial que son negados en la región: 1) negación literal, 2) negación interpretativa y 3) negación justificatoria. La negación literal de la discriminación racial se corresponde con la idea de que nada ha sucedido al respecto, tanto en el pasado como en el presente. Se argumenta que en varias regiones las autoridades no solo han rechazado el concepto de raza sino que, también, las poblaciones, como consecuencia de una intensa y profunda mezcla racial, han generado sociedades mestizas que demuestran la existencia de una verdadera “democracia racial”. Por esa razón, se considera que en esta parte del continente existiría casi exclusivamente una “raza mestiza” y, en menor medida, aquellos componentes que le dieron origen (para más detalle

sobre este tema, ver Dulitzky, 1994: 91-92 y Stolcke, 2008). Adicionalmente, al declarar ilegales el racismo y la discriminación racial, se impide por ley que esas concepciones se expresen en estas regiones (Dulitzky, 2001: 93).

La crítica de Dulitzky es acertada, dado que efectivamente en el pasado colonial el mestizaje no fue, en general, un hecho pacífico sino producto de la sumisión de las mujeres indígenas al arbitrio del colonizador. Por esa razón, pierde sustento la idea de que ese proceso fue una clara demostración de la existencia de una verdadera “democracia racial”.

Además, el mestizaje garantizaba mano de obra indígena para los conquistadores. Lucaioli (2010: 33), citando a Cañedo-Argüelles (1988: 75) y Fradkin y Garavaglia (2009: 18), señala que en el actual territorio de Paraguay los españoles llegaron a acumular sesenta mujeres guaraníes, con un promedio de diez mujeres para cada español asunceño. Sin embargo, esas relaciones nunca fueron armónicas sino de sometimiento y explotación de la mano de obra indígena. (Para analizar con más profundidad las relaciones asimétricas que se establecieron entre indígenas y españoles, ver Lucaioli, 2010: 33-35).

Siguiendo la discusión sobre el racismo planteada por Dulitzky, creemos que la actual negación del concepto de raza y las disposiciones legales vigentes contra la discriminación racial no impiden necesariamente la manifestación de expresiones racistas. Más adelante veremos, cuando tratemos el tema del mestizaje en la Argentina, cómo esa práctica discriminatoria se extendió hasta la época actual, al igual que en otros países del continente americano.

Volviendo a Dulitzky en relación al mestizaje, la autora sostiene que ese concepto debilitaría la lucha contra la discriminación racial, dado que impide desarrollar e identificar el concepto específico de grupo racial y concluye señalando que *“In reality, more than a democratizing force behind society, the*

mixing of races or mestizaje constitutes, for the more part, one of the most masterful forms of racism in Latin America. In order to climb the social ladder, one must be as white as possible and the blending of races is the way to become so" (Dulitzky, 2001: 99).

En cambio, nosotros creemos que el problema radica en la propia definición del concepto, dado que aceptar dicho enunciado implica admitir la existencia de razas humanas y por añadidura poder identificar a grupos raciales, cuando en realidad no se han observado entidades discretas que permitan caracterizarlas. Si enfatizamos que la raza es en realidad un concepto socialmente construido, se le quitaría argumentos biológicos a la discriminación racial. Sin embargo, debemos admitir que ese razonamiento es insuficiente, porque dicha categoría se sigue aplicando en diversas disciplinas científicas, en los medios de comunicación y en otros estamentos de la sociedad, sin que se haya reflexionado en torno a su inconsistencia y a la carga negativa que conlleva. Es importante insistir en este aspecto, porque pensamos que la discusión debe centrarse, en principio, sobre el concepto de raza y no específicamente sobre el de mestizaje, porque al definir al primero como inconsistente pierde sentido el debate en torno a este último, desde una perspectiva biológica.

Según datos proporcionados por la genética de poblaciones, el intercambio genético entre los grupos humanos fue una práctica permanente desde los inicios de la humanidad. Por consiguiente, tanto en la América prehispánica como en la época colonial el mestizaje se dio entre pueblos ya mestizados y no entre las llamadas "razas humanas".

4. La prehistoria del mestizaje

Recientes hallazgos parecen demostrar que el *Homo sapiens* salió de África hace, aproximadamente, 177.000-194.000 años,

luego se expandió por Eurasia, Europa y Australia y posteriormente llegó a América unos 30.000-15.000 años antes del presente.⁶ Durante ese peregrinaje el mestizaje parece haber sido importante entre las diversas poblaciones humanas. El escaso tiempo transcurrido entre la salida de África y su distribución por el resto de los continentes, asociado al cruzamiento biológico que se dio entre esas poblaciones impidieron su aislamiento y por consiguiente su diferenciación en razas humanas. Que ese proceso se ha dado está certificado por un número significativo de estudios genéticos, cuyos resultados permitieron constatar que la variación genética interpoblacional es mínima entre las poblaciones que habitan los distintos continentes, mientras que, inversamente, la variación genética intrapoblacional es la que realmente explica la mayor parte de la variabilidad genética total de la especie humana (ver Lewontin, 1984: 123; Barbujani, 2005: 3).⁷

El mestizaje se remontaría a las etapas más profundas de la prehistoria y esta parece ser la carta de identidad o un denominador común de la especie humana. Así, por ejemplo,

6 En un artículo recientemente publicado en la revista *Science*, un equipo de investigadores, dirigido por el Dr. Israel Hershkovist, informó que había hallado un resto fósil de *Homo sapiens* en Monte Carmelo (Israel) que tiene una antigüedad que va de 177.000 a 194.000 años. Por consiguiente se considera que la salida de África de los humanos modernos se remontaría a épocas anteriores a las admitidas hasta ahora (Hershkovist *et al.*, 2018).

7 Cada individuo es genéticamente único, por esa razón la diferencia entre individuos dentro de una población es elevada y eso explica, en parte, por qué la variabilidad genética intrapoblacional es mayor que la que se da entre poblaciones dentro de un mismo continente o entre aquellas que habitan en distintos continentes. Cabe aclarar aun más esta cuestión. Las poblaciones humanas comparten el 99,9% de sus genomas, es decir, poseen un acervo génico común, por consiguiente, las variaciones interpoblacionales se deben a la acumulación de mutaciones en cada una de ellas que, en general, no son compartidas con otras, dado que, la probabilidad de uniones biológicas entre los miembros de una población es casi siempre mayor que entre individuos que pertenecen a distintas poblaciones. Por lo tanto, las variaciones observadas entre los grupos humanos se deben, principalmente, a las distancias geográficas y/o culturales, no a diferencias raciales. Son los procesos migratorios los que rompen con estas barreras, facilitando el intercambio genético entre poblaciones de diversos orígenes geográficos.

los neandertales, que surgieron hace aproximadamente 400.000 años y se extendieron por Eurasia y Europa, extinguiéndose hace 30.000 años, no fueron una excepción, dado que, probablemente, se mezclaron con los humanos modernos. En un trabajo reciente, el equipo de investigación del Instituto Max Planck de Antropología Evolutiva de Leipzig, encabezado por el Dr. Svante Pääbo, observó que 1-4% de los genomas de los euroasiáticos deriva de los neandertales (Green *et al.*, 2010: 721). En ese estudio se comparó el genoma de tres neandertales de la cueva de Vindija en Croacia con los genomas de cinco personas de diferentes regiones del mundo, una san de África del Sur, una yoruba de África Occidental, una papúa de Nueva Guinea, una han de China y una francesa del oeste de Europa. La mayoría de las divergencias de los neandertales se solaparon con las cinco referencias humanas, lo cual indica que dichas divergencias caen dentro de la variación de los humanos modernos. Asimismo, las secuencias del ADN nuclear de los neandertales fueron más parecidas a las europeas que a las africanas porque, probablemente, esa hibridación se produjo en Medio Oriente, donde ambas variedades estuvieron en contacto desde hace, aproximadamente, 80.000 años. Nuevos estudios están corroborando que los neandertales no fueron sustituidos totalmente por los ancestros del hombre moderno, sino que hubo inicialmente cierto proceso de hibridación, lo cual corroboraría la tesis hibridación-asimilación propuesta por algunos investigadores que han sostenido y sostiene esta hipótesis (para ampliar esta información puede consultarse el trabajo de revisión realizado por Dejean, 2016).

Además el grupo de Pääbo analizó la secuencia del ADN mitocondrial de un resto de 40.000 años hallado en la cueva de Denisova, en el macizo siberiano de Altai, y pudo demostrar que pertenecía a un grupo próximo a los neandertales. Cuando comparó esa secuencia con poblaciones

modernas detectó que los denisovanos habían contribuido entre un 1% y un 6% al genoma actual de los melanesios, aborígenes australianos, polinesios y otras poblaciones del Pacífico Occidental. Estas similitudes no se observaron en las poblaciones africanas y eurasiáticas. En definitiva, el mestizaje entre *Homo sapiens* y neandertales se habría producido en Europa y posteriormente con los denisovanos, cuando se desplazaron hacia el sudeste de Asia y se mezclaron con poblaciones relacionadas con la variedad de Denisova (Hammer, 2013: 79-80; Dejean, 2016: 502-508).

Actualmente, nuevos estudios han contribuido a conocer con mayor precisión estos movimientos migratorios y de mestizaje. En el trabajo de revisión realizado por Dejean se presenta más información sobre dichos acontecimientos.

En síntesis, los datos que nos proporcionan los estudios genético-moleculares están indicando que el *Homo sapiens* ha tenido y tiene una gran capacidad migratoria, estimulada por la búsqueda de nuevos territorios de caza y recolección, por cuestiones demográficas (fisión y fusión de las poblaciones) y ambientales o por otras diversas razones. Sean cuales fueren las causas que determinaron esa predisposición migratoria, aquellos hombres y mujeres que se atrevieron a salir de África y poblar el resto de los continentes practicaron el mestizaje desde los comienzos de la aventura humana.

5. Mestizaje o miscegenación

Debido a las confusiones y ambigüedades que el concepto de mestizaje arrastra y que da lugar a discusiones y a diferentes interpretaciones, Mörner propuso reemplazar dicho término por el de miscegenación. El autor ya en 1969 planteaba aplicar ese reemplazo, cuando señaló que “[...] en este libro

utilizo la palabra con su estricto sentido técnico de miscegenación” (1969: 15).

Esta palabra de origen estadounidense, procede de *miscegenation* y se la traduce al español como “miscegenación”, aunque este término no aparece en el *Diccionario de la Lengua Española*. *The American Heritage Dictionary of the English Language* define el concepto como “*Cohabitation, sexual relations, marriage, or interbreeding involving persons of different races, especially in historical context as a transgression of the law*”. En Estados Unidos se lo empleó inicialmente para describir las uniones biológicas entre “blancos” y “negros”, y en la época colonial se generaron leyes para prohibir esas relaciones.

Por el contrario, Martínez-Echazábal (1998: 38) propone continuar empleando el término mestizaje y obviar el de miscegenación, porque en el contexto anglo-americano este último se refiere exclusivamente a la unión sexual de personas de dos razas diferentes (principalmente europeos y africanos), mientras que en el contexto iberoamericano, el mestizaje define a dos tipos de mezcla interracial, la biológica y la cultural. La autora define al mestizaje como “[...] *the process of interracial and/or intercultural mixing, is a foundational theme in the Americas, particularly, in those areas colonized by the Spanish*”.

Sin embargo, como podemos observar, tanto en la definición de miscegenación como en la de mestizaje de Martínez-Echazábal, se sigue empleando el concepto de raza que es, a nuestro criterio, una de las causas determinantes de la imprecisión que presenta dicho concepto, particularmente, cuando se lo emplea para referirse al mestizaje cultural.

6. Mestizaje biológico y mestizaje cultural

Mörner (1969: 19) sostiene que deben distinguirse los conceptos de mestizaje y aculturación, el primero solo debe

utilizarse para designar el cruzamiento de razas, porque el “término mestizaje utilizado sin precisión es especialmente responsable de esta ambigüedad y vaguedad”. A su vez, agrega que “por razones analíticas y para evitar confusiones, los procesos paralelos pero no precisamente idénticos de la mezcla biológica y cultural deben mantenerse aparte. Son varios los autores que analizaron críticamente la utilización de ese término para referirse a los intercambios culturales que se produjeron y producen entre pueblos de origen diverso”.

En la sección introductoria de la revista *Memoria Americana*, De Jong y Rodríguez (2005: 16) no solo critican el empleo del concepto de mestizaje cuando es traspasado a aspectos sociales y culturales sino también, porque genera la idea de homogeneidad, como consecuencia de la mezcla. Las autoras agregan que esa supuesta homogeneidad “no solo esconde y bloquea las diferencias y desigualdades sino que se transforma en un concepto poco operativo que no caracteriza a los espacios intermedios”.

Desde la antropología biológica, Comas (1961) también sostuvo que era inapropiado emplear el término mestizaje para referirse a los fenómenos propios de la antropología cultural y propuso hacer uso de la noción de “aculturación”, dado que la cultura no se hereda, se aprende.

Según Esteva Fabregat, “el sincretismo cultural sería la manifestación intelectual más completa del mestizaje cultural y aparece como fenómeno históricamente más definido que el mestizaje biológico, precisamente porque las variables del mestizaje cultural pueden reducirse a formas visibles con más facilidad de la que lo hacen las variables propias del mestizaje biológico”. Siguiendo ese pensamiento, consideró que en algunos países —como la Argentina y Uruguay— los valores culturales y biológicos serían asimilables dado que sus poblaciones son de “origen

homogéneo” o de “predominio európedo”, donde “sus masas indígena y africana fueron históricamente absorbidas desde los primeros inicios, por la mayor masa europea” (Esteva Fabregat, 1981: 101, 118 y 121, las comillas son nuestras).

Esta concepción vuelve a estar relacionada con la idea de que el mestizaje es una mezcla de caracteres de los ancestros con tendencia a la homogeneidad biológica y cultural de las poblaciones. Por el contrario, en estudios recientes, realizados con un enfoque genético poblacional, no se observó tal homogeneidad entre las poblaciones de las diferentes regiones de la Argentina, ni tampoco entre las de Uruguay.⁸ Este tema lo expondremos más adelante en los capítulos V y VI.

Para Gruzinski (2000: 48-51) “[...] las distinciones que introducimos de ordinario entre ‘mestizaje biológico’ y ‘mestizaje cultural’ no hacen más que acrecentar nuestro malestar. El mestizaje biológico presupone la existencia de grupos humanos puros, físicamente distintos y separados por fronteras que la mezcla de los cuerpos, bajo el deseo y de la sexualidad, vendría a pulverizar”. Además, agrega que el término mestizaje está cargado de ambigüedades ligadas a la noción misma de cultura, dado que este concepto alimenta la creencia en que existiría un conjunto complejo, una *totalidad coherente, estable, de contornos tangibles* denominada cultura o civilización y que los mestizajes alterarían de repente esos conjuntos impecablemente estructurados y auténticos. Esta concepción de la cultura minimiza la parte de contaminaciones extranjeras, de influencias y préstamos procedentes de otros horizontes” (las cursivas son nuestras).

8 En la Argentina, por ejemplo, constatamos que el grado de mestizaje biológico varía según las regiones, de tal modo que en algunos grupos hay mayor aporte del componente europeo y en otros del indígena. Como veremos más adelante, tanto en el norte como en el sur, fue y es importante la contribución indígena, la cual disminuye a medida que nos dirigimos hacia el centro del país. En cambio, la presencia del componente africano, salvo algunas excepciones, no presenta variaciones significativas entre las distintas regiones estudiadas.

No vamos a debatir en este apartado el concepto de cultura, nos referiremos solo a la relación que esa noción tiene con el de raza. Gruzinski, al tratar el concepto de cultura, utiliza críticamente las palabras “contornos tangibles” y “entidades estables” términos que, en general, se emplean con el mismo sentido en cualquier definición tipológica de las razas humanas. Su uso responde a la idea de que los grupos humanos pueden permanecer inalterables en el tiempo y en el espacio y que solo sufrirán modificaciones como consecuencia de los contactos que eventualmente pueden establecerse entre ellos. Estas concepciones tipológicas y conceptualmente hiperdifusionistas tuvieron una influencia considerable en nuestra disciplina, la antropología biológica.

Por último, la utilización de los términos mestizaje biológico y cultural conlleva también otra confusión, porque al asociar el término cultural al de mestizaje se incurre en una clara contradicción, determinada por la incorporación del concepto biológico de raza en esa definición.

Capítulo 2

El mestizaje entre los pueblos originarios antes y después de la llegada de los europeos

Ya hemos señalado que el mestizaje es un hecho que caracterizó y caracteriza a nuestra especie *Homo sapiens*. Ese proceso tuvo su expresión, también, entre los pueblos originarios americanos, aun antes de la llegada de los europeos. La idea errónea del “indio puro” se enmarca dentro de concepciones tipológicas que consideraban que los grupos indígenas formaban parte de comunidades, cuyas identidades culturales y características biológicas se mantuvieron estables, sin cambios, tanto en el tiempo como en el espacio.

Uno de los procesos más conocidos de mestizaje en la Argentina se dio en el área panarauca. Ratto (2003: 120-121) presenta varios ejemplos de procesos de etnogénesis¹ como la llamada “araucanización de la pampa”,² consecuencia de la intensidad de circulación de elementos culturales

-
- 1 Son cambios profundos que se producen en poblaciones humanas que dan lugar a la conformación de nuevos grupos étnicos. Sin embargo, es necesario aclarar que es un concepto controvertido y que puede dar lugar a distintos tipos de definiciones.
 - 2 Este término puede confundir, dado que el intercambio cultural y biológico se produjo entre poblaciones que habitaban en ambos lados de los Andes, hay datos arqueológicos que lo ratifican (ver Balazote, 2015: 45).

mapuches entre ambos lados de los Andes que, seguramente, favorecieron las alianzas político-matrimoniales. La autora señala, también, la formación de la etnia de los ranqueles del sur de Mendoza y San Luis “que no son ni araucanos de pura cepa ni oriundos de las pampas sino que aparentemente surgieron de un primer mestizaje entre indios andinos de los alrededores de Neuquén con los autóctonos de mamülmapu³ y que hicieron su aparición en la pampa central en el último cuarto del siglo XVIII”.

Finalmente, Ratto plantea que la etnogénesis mapuche fue “producto del surgimiento de una nueva entidad sociocultural cuya estructura social e identidad poco tenían que ver con las de los grupos de su origen (los *reche* centrales⁴)”. Adicionalmente, el aumento del contacto comercial entre diferentes grupos indígenas los llevó a la necesidad de establecer acuerdos entre esas distintas parcialidades. Estas negociaciones pudieron dar lugar a la concertación de matrimonios interétnicos y, en casos extremos, a la conformación de grupos étnicamente mixtos (ver Ratto, 2003).

Otra clara situación de mestizaje la protagonizaron los guaraníes y los chanés. Los primeros migraron desde el actual territorio de Brasil a Paraguay y luego a Bolivia. Estas migraciones comenzaron en el siglo XIV y se produjeron en sucesivas oleadas. En Bolivia, se contactaron con los chanés de origen lingüístico arawak, dando lugar a un proceso conflictivo, de avasallamiento del pueblo chané. Los guaraníes tomaron como esposas a las mujeres chanés y de esas uniones biológicas surgieron los chiriguanos. Los guaraníes adoptaron, también, la agricultura, los tejidos y la cerámica de los chanés. Estos grupos

3 Significa “territorio de leña o de los montes”.

4 *Re* = “solo”, “puro”, “sin mezcla”; *che* = “gente”. Por lo tanto, *reche* significa “persona mapuche no mezclada con otra raza”.

habitan en la actualidad en el nordeste de Salta, Argentina (Hirsch, 2004: 70).

En el noroeste argentino no existen registros confiables sobre el mestizaje entre los diferentes grupos étnicos indígenas que poblaban esa región; sin embargo, la presencia de los mitmakunas cuzqueños que participaban del control de las comunidades integradas al Tawantinsuyu⁵ indica que debieron, seguramente, haber participado del mestizaje. Incluso durante la época de la conquista española iniciada por Diego de Almagro en 1536 y continuada posteriormente por Diego de Rojas en 1543-1545, se siguieron produciendo las uniones biológicas entre las distintas entidades indias. Según Lorandi, el valle Calchaquí se convirtió, debido a la resistencia de los calchaquíes a integrarse al Tawantinsuyu, en un lugar de refugio para indígenas de otros grupos étnicos, lo que continuó luego durante la ocupación española; hacia allí escapaban de la presión tributaria de los encomenderos del Tucumán colonial y del sur y oeste de Catamarca. Debido a ello, hubo uniones biológicas entre personas de distintas etnias como los cafayates que se casaban con mujeres quilmes. Otros grupos también imitaron esa práctica, de tal forma que cuando culminó la resistencia, el valle estaba poblado por un mosaico multiétnico, integrado por los originarios, los mitmakunas, y los refugiados del período colonial (Lorandi, 1992: 148-149).

Estos ejemplos nos muestran que el intercambio biológico y cultural se dio entre indígenas que ocuparon lo que es el actual territorio argentino.

Por otra parte, los españoles que llegaron a América también eran producto del mestizaje entre íberos, celtas, fenicios,

5 Palabra de origen quechua: *tawa* = "cuatro"; *suyu* = "región". El Tawantinsuyu se componía de cuatro regiones: Chinchaysuyu (provincia del norte), Antisuyu (provincia del oriente), Cuntisuyu (provincia del oeste) y Cullasuyu (provincia del sur).

griegos, cartagineses, romanos, visigodos, judíos, árabes, beréberes, gitanos y esclavos medievales de orígenes diferentes. Hubo siete siglos de coexistencia entre musulmanes y cristianos hasta la caída de Granada en 1492, que testimonian una aculturación y un “cruzamiento racial” extraordinarios (Mörner, 1969: 25-28, las comillas son nuestras).

Por consiguiente, estas evidencias contradicen la definición de mestizaje al sostener que “la mezcla se da entre razas diferentes”, cuando en realidad en ese proceso participan pueblos ya mestizados en sus lugares de origen.

1. El mestizaje desde los inicios de la conquista

A partir de fines del siglo XV y comienzos del XVI, se establecieron los primeros contactos entre los conquistadores europeos y los pueblos originarios de América. La emigración española a Latinoamérica provenía, principalmente, de Extremadura y Andalucía, y estaba constituida mayoritariamente por solteros, a diferencia de la angloamericana que estuvo constituida por familias. En el período inicial de 1509 a 1539, aproximadamente, solo el 10% de las licencias fueron emitidas a favor de mujeres españolas (Mörner, 1969: 28). Por lo tanto, dada la elevada proporción sexual a favor de varones españoles, el mestizaje biológico se dio, desde los inicios de la época colonial, principalmente, entre mujeres indígenas y varones españoles.

Entre los esclavos negros la relación porcentual entre los sexos también fue desequilibrada. Según Mörner (1969: 40, 46 y 48) habría habido tres veces más varones que mujeres. Las uniones conocidas se daban preferentemente con indias, aunque su estatus de esclavas impedía muchas veces que se concretaran esas situaciones. No obstante, las mujeres indias a veces las preferían a tener esposos indígenas,

dado que los negros estaban asociados con los españoles y eso les proporcionaba un estatus social superior al de los indios derrotados.

Estas informaciones fueron constatadas en la investigación que realizó Ares Queija (2005: 125) a partir de los Registros del Primer Libro de Bautismos de la Parroquia del Sagrario en Lima (1538-1547). De un total de 1.299 partidas de bautismos identificó en 833 de ellas la filiación étnica de los progenitores: 347 de esos bautismos fueron de niños mestizos producto de uniones entre españoles e indias y de estos hubo solo tres casos en los cuales el padre era indígena y la madre española. En veinte casos, el padre era español y la madre negra o mulata, y en otras ciento veinte partidas, aparentemente, eran todos hijos de españoles. Del resto de las uniones solo se conocía el origen étnico de uno de los cónyuges.

Este estudio demuestra que el mestizaje entre indígenas, españoles y africanos se dio desde los inicios de la conquista europea y de manera asimétrica entre los sexos, a pesar de que la Corona Española se oponía, principalmente, a las uniones de africanos con los otros componentes de la sociedad colonial; su objetivo era impedir que los esclavos obtuvieran la libertad de sus hijos o la propia.

2. Contactos interétnicos en el centro y sur de la provincia de Buenos Aires

En lo que es el actual territorio argentino, esas relaciones matrimoniales fueron analizadas en la región pampeano-patagónica, a partir de los registros parroquiales de Azul, Tandil, Bahía Blanca y otras fuentes como las comandancias de frontera y los expedientes de justicia de paz y criminal de primera instancia del juzgado de Dolores (Bjerg, 2007: 76).

Según Bjerg (2007: 78-80) la frontera no era un límite muy preciso, sino más bien volátil; en ese entorno se establecieron uniones sexuales ocasionales, matrimonios entre indias y cristianos y el desarrollo de redes mestizas de parientes y compadres. Tanto fue así que hubo una marcada preocupación de las autoridades de los fuertes por controlar las relaciones sexuales que los miembros de las tropas tenían con las mujeres indígenas quienes, junto con sus comunidades, moraban temporalmente en las cercanías.

En su trabajo, Bjerg menciona una carta enviada por el sargento mayor Clemente López al Virrey en 1758, donde manifestaba, entre otras cuestiones, su preocupación por el hecho de que las chinas —así se las llamaba también a las indias—

dan mucha inquietud en los soldados [...] que en la noche se escapan a los toldos que están como a media cuadra de nosotros a beber y hacer sus impudicias y no puedo estar en continuo velándolos, que como cada uno vive en un ranchillo por estar el cuartel caído no puedo tenerlos juntos y se van con los indios y las chinas que están causando mucho perjuicio en esta Guardia...

A su vez, López sugería que dado que había “como setenta o más, casi la mayoría muchachotes y chinas jóvenes” lo mejor era alejarlos del fuerte y repartir “a toda esa chusma en las estancias y como criadas a las chinas” (Bjerg, 2007: 80).

Este tipo de relaciones se daba con los “indígenas amigos” aunque, tanto en tiempos de paz como en épocas de guerra, la maternidad/paternidad o el padrinozgo lograron sostener una dinámica propia. El casamiento entre indias y españoles se dio también porque dichas alianzas matrimoniales cimentaban los vínculos sociales entre indios y co-

merciantes europeos beneficiando el intercambio entre ambos grupos poblacionales (Bjerg, 2007: 74).⁶

Además, esta característica se potenciaba porque los españoles en toda Latinoamérica practicaron la poligamia y eran frecuentes los abusos sexuales de las mujeres indígenas; estas, a su vez, intentaban, como defensa, relacionarse sexualmente con los españoles a los efectos de obtener algunos beneficios para sí y para sus hijos mestizos (Assadourian *et al.*, 2005: 78-79; Mandrini, 2008: 186).

La encomienda era otra forma de obtener mujeres indígenas; mediante este sistema los encomenderos solían pedir criadas que en gran medida se convertían en concubinas. La Iglesia y la Corona se oponían al concubinato. Sin embargo, hacia el siglo XVIII, según “Antonio de Ulloa, en el Virreinato del Perú, el concubinato era tan frecuente que se lo consideraba completamente normal, también los monjes y sacerdotes tenían por lo general concubinas, sin tratar siquiera de ocultarlo”. (Para una mayor información ver Mörner, 1969: 34-35 y 48.)

3. Contactos interétnicos en el noroeste argentino

En el noroeste argentino, la población del Tucumán estaba constituida por las Intendencias de Salta, Córdoba, Catamarca, Tucumán, La Rioja, Santiago y Jujuy y registraba —según el Padrón de 1776— un total de 125.914 habitantes, de los cuales 27.681 vivían en el medio urbano (21,9%) y 98.233 (78,1%) en el área rural.⁷ En el Censo de 1778

6 Para una mayor información sobre las relaciones que establecieron en la frontera los hispanocriollos y los indígenas, que dieron origen a redes de parentesco que incluían mestizos, padrinos, ahijados y otras relaciones parentales, ver el trabajo de Bjerg (2007).

7 No es nuestro objetivo hacer una revisión de las investigaciones históricas y etnohistóricas que se han desarrollado sobre el mestizaje en distintas regiones del país. Para el caso del noroeste,

(Larrouy, 1927, citado por Zacca, 1997: 247), la población urbana estaba discriminada según el origen étnico de sus habitantes; de un total de 27.801 individuos, 8.365 (30%) y 3.440 (12,4%) eran españoles e indios, respectivamente, mientras que los mulatos, zambos y negros libres y esclavos estaban representados por 15.996 personas (57,5%).

La proporción de estos dos últimos grupos era muy elevada, aunque habría que discriminar el peso que tendrían en ese conjunto los zambos, lo que de alguna manera nos estaría sugiriendo una mayor presencia de ancestros indígenas.

Si analizamos los datos demográficos de la ciudad de Salta,⁸ siempre según el Censo de 1778, había un total de 4.289 habitantes representados por 1.929 (44,9%) españoles, 298 (7,0%) indígenas y 2.071 (48%) mulatos, zambos y negros libres y esclavos. Según Zacca (1997: 248), la alta presencia de africanos se explica por el rol mercantil de la ciudad, que era una plaza para la venta de esclavos.

Si bien en el medio urbano el número de indígenas era muy bajo, en la zona rural habitaban 2.700 individuos más, lo que conformaría un total de 3.000 indígenas para toda la jurisdicción de Salta; por lo tanto, si esta tenía un total de 11.565 habitantes —según el Censo de 1776— el porcentaje de indios representaba el 26% de ese total poblacional. Además, a partir de 1778, se produjo un ingreso importante de indígenas y mestizos que fueron detectados a partir de

nos hemos basado en el trabajo de Zacca (1997), porque nos proporcionó suficiente información para comprender dicho proceso en esa región. No obstante, para ampliar el conocimiento sobre los temas de mestizaje en el NOA es recomendable el libro de Guzmán (2010) quien, además, presenta una exhaustiva revisión bibliográfica sobre dicha temática. Asimismo, para conocer el crecimiento de la sociedad urbana de Salta hacia finales del período colonial, así como también su importancia comercial y su dinámica social, ver el artículo publicado por Mata de López *et al.* (1996).

- 8 Nos interesa esta ciudad porque fue estudiada por nosotros, mediante la determinación de marcadores genéticos serológicos y moleculares. Más adelante, en la segunda parte de este libro, comentaremos la información obtenida y analizaremos las similitudes y los cambios que se produjeron con el correr del tiempo, tanto en su composición genética como en relación a sus ancestrías.

los registros de matrimonios. Dicho aporte parece haber sido significativo, dado que en 1806 se registraron dos *ayllus* en el curato rectoral, categoría que hasta ese momento no existía en el registro parroquial. Además, los indígenas capturados en las entradas al Chaco aportaron un número importante de mujeres como se observó en los registros de bautismos y matrimonios, siendo su número mayor que el de los hombres. En los registros parroquiales de la década de 1750-1760, esos grupos aparecían con la denominación de “toba” o “mocoví” y se añadían los términos “recién traído”, lo que significaba que eran botín de guerra y, en estos casos, no eran considerados indios sino esclavos. Estos grupos, junto a los negros y afroestizos esclavos pasaron a ser los criados domésticos de los hogares de las principales familias de la ciudad (Zacca, 1997: 247-248).

En relación a las uniones biológicas, los negros y los pertenecientes a castas afroestizas libres fueron los que más participaron en el mestizaje con indígenas y otros grupos étnicos, sin los prejuicios que manifestaron los españoles y los indios que eran altamente endogámicos (Zacca, 1997: 249). En este mismo artículo, la autora presenta información acerca de los matrimonios de la Iglesia Matriz (1766-1800) de la ciudad de Salta, obtenidos de los libros 2, 3 y 4 de la Parroquia de La Merced. En esos libros se registraron uniones en las que participaron indios, mestizos, negros y castas afroestizas, pero no se consignaron los matrimonios de españoles con integrantes de estos grupos, probablemente, “porque no fueron uniones que se legitimaran, porque se trataba de uniones casuales y temporarias o simplemente clandestinas” (Zacca, 1997: 258). Las combinaciones étnicas de los contrayentes muestran una acentuada endogamia así, por ejemplo, de los 615 matrimonios en los que participaron varones indígenas, 467 (76%) fueron intraétnicos. Los varones africanos también se unieron mayoritariamente con mujeres

del mismo origen en una proporción de 80/137 (58%), aunque un porcentaje elevado de hombres lo hicieron con mujeres indias 35/137 (25%). En cambio, los hombres mulatos se unieron con mulatas e indias en la misma proporción 55/131 (42%). A su vez, los matrimonios interétnicos de las mujeres negras, mestizas y mulatas se canalizaron preferentemente hacia los varones indígenas. Las preferencias matrimoniales extraétnicas de los/as negros/as y mulatos/as con las/os indias/os tendrían como objetivo, como anteriormente señalamos, el “blanqueamiento” y la libertad que esos grupos aspiraban a conseguir.

En síntesis, el mestizaje en América y en la Argentina fue un hecho incuestionable y demostrativo del fracaso de la Corona española cuyo objetivo inicial fue separar a sus súbditos indios de los restantes, para constituir dos Repúblicas, la de los españoles y la de los indios. Este objetivo fue socavado rápidamente por el mestizaje (Mörner, 1969: 53).

En ese sentido, es importante remarcar que las relaciones sexuales mantuvieron en la mayoría de los casos una marcada asimetría, con mayor participación en las uniones biológicas de la mujer indígena que del varón del mismo origen. Con respecto al componente africano, si bien la tendencia en el norte argentino fue relativamente endogámica hubo, también, significativas preferencias matrimoniales de las mujeres africanas hacia varones nativos, por los motivos ya mencionados en párrafos anteriores.

Como veremos más adelante, los estudios genéticos uniparentales (análisis del ADN mitocondrial y cromosoma Y) confirman los datos etnohistóricos, dado que los linajes mitocondriales maternos amerindios son los que mayoritariamente participaron en el mestizaje, mientras que la presencia de linajes paternos de ese origen fue irrelevante, tanto en la Argentina como en toda Latinoamérica.

En conclusión, en estas primeras páginas hemos analizado y criticado el concepto de mestizaje, las distintas inter-

pretaciones que hubo y hay acerca de ese enunciado, así como también, las características que asumió ese proceso antes y después de la llegada de los europeos a América.

A su vez, hemos evaluado críticamente el empleo de los términos mezcla y raza en su definición. Este último término, desde una perspectiva biológica, será analizado y discutido en el siguiente capítulo.

Capítulo 3

El concepto de razas humanas

Críticas

En los apartados anteriores hemos comentado que algunos investigadores criticaban los conceptos de mestizaje y de mestizo por la connotación peyorativa que conlleva este último término. Además, varios de ellos consideraron confuso el concepto de mestizaje cuando se lo utilizó indistintamente para caracterizar al mestizaje biológico y al cultural, mientras que otros referían que por su propia definición podía interpretarse que la “mezcla” borraría las diferencias raciales y que los componentes que habían intervenido en la misma —los hispano-criollos y los indígenas— tenderían a invisibilizarse con el tiempo. Consecuente con esa idea, el mestizaje en América sería una clara demostración de la inexistencia de discriminación racial y que, por lo tanto, estaríamos en presencia de una verdadera “democracia racial”.

Debido a estas y otras críticas, producto de la ambigüedad y de la confusión del término, Mörner propuso reemplazarlo por el de miscegenación. Sin embargo, este nuevo concepto seguía incluyendo la categoría de raza en su definición, por lo cual, su empleo no resolvía las

incongruencias mencionadas precedentemente, en particular cuando dicho término es utilizado para definir el mestizaje cultural.

Por esta razón creemos conveniente, para una mejor comprensión de nuestra crítica al concepto de raza, discutir y analizar el significado y la definición de esa categoría, así como también, el origen del término y las clasificaciones raciales que distintos autores han intentado confeccionar desde el siglo XVIII al presente.

1. Breve síntesis sobre el significado del concepto de raza en el Medioevo y en la Edad Moderna Temprana

En Europa, tanto en la Edad Media como en la Edad Moderna, regía una sociedad jerárquica, estamental. Dentro de ese marco, la fama y el honor que se derivaban del linaje, del oficio y del estamento determinaban la inclusión; en cambio, los excluidos eran percibidos como deshonrados y dentro de ese orden se incluía a los criminales, vagabundos, magos, sepultureros, prostitutas, herejes y judíos. Estos últimos estaban condenados al infierno y eran considerados como un pueblo deicida (Hering Torres, 2011: 36). Para este autor el término raza “significaba, en la segunda mitad del siglo XV, ‘linaje’ y, también, ‘defecto’” y señalaba que “de la mano de lo anterior, se puede observar una simbiosis conceptual entre impureza y raza, porque el concepto de ‘impureza’ solo podía existir si existía un defecto en el linaje, heredable genealógicamente” (ibídem: 39).

Algunos autores consideraron que el racismo estaba asociado al pensamiento español de la limpieza de sangre. Roth (1940) lo definió como un “antisemitismo racial”, Sicroff (1985) como “un sentimiento racista” y Domínguez Ortiz (1993) como “puro racismo”. En cambio, Márquez

Villanueva (1965) sostuvo que el concepto racial no tuvo fundamento en la Edad Media y criticó el significado racista de esa concepción, dado que no se basaba en biologismos indelebles sino en criterios sociales y religiosos (ver Hering Torres, 2011: 33-34).

En América, el poder colonial, al igual que en la Península Ibérica, mantuvo la idea discriminante de la impureza de sangre para referirse a las personas que se convirtieron al cristianismo pero, también, esa impureza la percibió entre los nativos plebeyos y los esclavos y consideró negativa cualquier mezcla entre ellos, incluyendo a los españoles. Esta concepción no se aplicó a la nobleza indígena que la equiparaba con los cristianos viejos. Sin embargo, “La invisibilidad de la impureza en el contexto ibérico se comenzó a visibilizar en las colonias a través del cuerpo” (ibídem: 42-43), de tal forma que la limpieza de sangre se articuló con el color de la piel y significaba, al igual que en España, linaje, lo cual implicaba tener un defecto, una tacha (ibídem: 44).

Por consiguiente, “la limpieza de sangre había sido un mecanismo contra la asimilación cultural, perpetuando el origen religioso a partir de la antinomia pureza/impureza”. Sin embargo, cuando comenzó a “intensificarse el mestizaje, las divisiones genealógicas y fenotípicas se volvieron obsoletas y por lo tanto se optó por blanquear, pero bajo la condición del progreso y la civilización” (ibídem: 47-48).

2. La Ilustración

El significado contemporáneo de raza fue construido primariamente en los siglos XVII y XVIII, como resultado del conocimiento y contacto con culturas transoceánicas, que eran casi desconocidas en Europa. En esa época se comenzó

a clasificar a la humanidad en diferentes grupos, a partir de las características fenotípicas. El concepto de raza basado en las variaciones morfológicas adquirió entonces un nuevo significado y fue aplicado, por primera vez, por François Bernier (1620-1688) (ver Hering Torres, 2007: 20).

Por otra parte, Hering Torres remarca la ambigüedad de varios pensadores de la Ilustración que, por un lado, propiciaban la igualdad, los derechos humanos y la tolerancia entre los hombres pero que, por el otro, contaban con representantes como Kant (1724-1804), uno de los filósofos más representativo de esa época, quien enfatizó como un “beneficio científico” la utilidad de la categoría de “raza”, ya que ese concepto radicaba en poder entrever las diferencias entre una misma especie, asignándole a esas variedades un carácter hereditario, como lo expresó en su ensayo publicado en 1775¹ (las comillas son del autor).

Posteriormente, en 1808, en sus lecciones sobre Geografía Física, estableció un orden jerárquico de la especie humana señalando que en “La humanidad existe en su mayor perfección en la raza blanca. Los hindúes amarillos poseen una menor cantidad de talento. Los negros son inferiores y en el fondo se encuentra una parte de los pueblos americanos” (Kant, 1968 [1808]: 316). Por consiguiente la ambivalencia de la “desigualdad en la igualdad” de la Ilustración se manifiesta claramente a través del discurso racista desarrollado por Kant al introducir fronteras simbólicas, ideológicas y parcialmente imaginadas entre las

1 En ese ensayo Kant (1996 [1775]) afirmó que “solo es necesario presuponer cuatro razas para poder derivar de ellas todas las diferencias reconocibles que se perpetúan en los pueblos: 1) la raza blanca, 2) la raza negra, 3) la raza de los hunos (mongólica o kalmúnica), 4) la raza hindú o hinduística [...] De estas cuatro razas creo que pueden derivarse todas las características hereditarias de los pueblos, sea como [formas] mestizas o puras”. Más adelante, Kant introduce en su clasificación a los indios americanos a los que anteriormente había considerado como una variante de la raza mongólica (ver Hering Torres, 2007: 22, traducción de Castro-Gómez, 2005: 40).

diferentes “razas” (Hering Torres, 2007: 22, las comillas son del autor).

3. El racismo en el siglo XIX

Las consideraciones pseudocientíficas de la Ilustración sustentaron el “racismo científico” del siglo XIX que “...se fundaba en el monopolio de la verdad del empirismo y en la observación; de hecho, en mediciones, tablas, cuantificaciones, exámenes y en planteamientos derivados de la teoría de la recapitulación” (Hering Torres, 2007: 23).

Dentro de ese marco Robert Knox (1791-1862) clasificó a los africanos y a los judíos como razas inferiores, mientras que el Conde Arthur de Gobineau en el *Ensayo sobre la Desigualdad de las Razas Humanas* (1853-1855) sostenía que las razas eran desiguales y que, por lo tanto, debía crearse una nueva sociedad en estamentos raciales.²

A su vez, el poligenismo impulsado por el naturalista Louis Agassiz (1807-1873) sustentó esa premisa al sostener que cada raza tiene padres fundacionales diferentes que explican las desigualdades raciales.³ Esta idea contradecía la postura monogenista del cristianismo; por esa razón, Agassiz intentó evitar ese conflicto al afirmar que el relato de Adán solo se refería a la “raza caucásica”. En definitiva estas ideas, que sostenían la jerarquización de las razas humanas en superiores e inferiores, justificaban la conquista y la explotación del indígena, del africano y del asiático, sin crear paradojas éticas con la moral de Occidente (Hering Torres, 2007: 23-24, las comillas son del autor).

2 Además, Gobineau afirmaba que el mestizaje daría lugar a la degeneración de las razas y a la muerte de la civilización (Hering Torres, 2007: 23).

3 Las ideas poligenistas tuvieron predecesores como el médico John Atkins (1685-1757) y los filósofos David Hume (1711-1776) y Voltaire (1694-1778) (Hering Torres, 2007: 23).

4. Algunas definiciones. Siglo XIX. Las primeras críticas

En este apartado analizaremos el significado del concepto de raza desde el siglo XIX al presente. Los enunciados sobre la categoría raza han variado de acuerdo con las concepciones teóricas de los investigadores, de los paradigmas predominantes de la época en que se formularon y de los rasgos morfológicos y/o genéticos que se emplearon para su definición.

En general, se consideró que la raza está constituida por individuos que comparten determinados rasgos que difieren de los existentes en otros conjuntos humanos, que se transmiten de generación en generación y que se mantienen estables en el tiempo y en el espacio. Para cumplir con esos requisitos era necesario admitir, también, la existencia de cruzamientos estrictamente endogámicos. Estas ideas respondían a las concepciones tipológicas que predominaron durante gran parte de los siglos XIX y XX, tanto en la Argentina como en Europa continental.

Más recientemente, Cavalli-Sforza (1999: 246), siguiendo el *Diccionario etimológico* de Cortelazzo y Zolli, definió la raza como “...un conjunto de individuos de una especie animal o vegetal que se diferencian de otros grupos de la misma especie en uno o más caracteres constantes y transmisibles a la descendencia”.

Dobzhansky (1969: 103), desde una perspectiva genética, consideró a la raza como una población que difiere de todas las demás en la frecuencia de sus genes. En esta enunciación, el autor parece equiparar ambos conceptos: raza y población. La definición de Dobzhansky es consistente, porque responde a la realidad biológica, ya que efectivamente los grupos humanos presentan variaciones en sus frecuencias génicas. No obstante, si aceptamos esta explicación habría que crear un número significativo de razas humanas, dado que todas las poblaciones difieren

genéticamente, aun las que pertenecen al mismo grupo étnico o geográfico.

Una definición similar a la de Dobzhansky fue propuesta por Mayr (1978: 9) quien define las razas como “Poblaciones variables que difieren de otras análogas, de la misma especie, por sus valores medios y por la frecuencia de ciertos caracteres y genes”.

Mörner propuso que el término raza debe reservarse para designar a cada una de las grandes divisiones de la humanidad, cuyos miembros comparten ciertos rasgos fenotípicos y la frecuencia de determinados genes (Mörner, 1969: 17). Sin embargo, el autor dudaba de la posibilidad de establecer clasificaciones raciales, debido a que el mestizaje logró que las distinciones raciales fueran de carácter vago.

Una de las primeras críticas al concepto de raza fue formulada por Darwin quien consideraba que era difícil encontrar características distintivas evidentes entre las razas, ya que estas no eran discontinuas. Darwin había percibido que ciertos autores planteaban diferencias acerca del número de razas: Jacquinot y Kant (4), Blumenbach (5), Buffon (6), Hunter (7), Aggassiz (8), Pikerling (11), Boris Saint Vincent (15), Desmoulins (16), Morton (22), Crawford (60) y Burke (63). A partir de esa observación concluyó que “esa diversidad de pareceres... demuestra que están en gradación continua, siendo casi imposible distinguir entre ellas caracteres distintivos bien determinados” (Darwin, 1939 [1871]: 32). A su vez, añadía que “Aunque las razas humanas actuales difieren bajo muchos aspectos, tales como el color, los cabellos, la forma del cráneo, las proporciones del cuerpo, etc., si se las considera en el conjunto de la organización, se ve que se parecen en alto grado por una multitud de puntos” (Darwin, 1939 [1871]: 134). Además, sostenía que estas variaciones morfológicas podrían explicarse en parte por la acción de la selección sexual y con respecto a la capacidad

cognitiva mencionaba que “las razas diversas tienen fuerzas inventivas y mentales parecidas” (Darwin, 1939 [1871]: 135).

Más adelante veremos cómo la genética de poblaciones pudo demostrar lo acertado del enunciado de Darwin, al corroborar que no era posible detectar discontinuidades entre las razas humanas.

5. Origen del término raza. Clasificaciones raciales

Con respecto al origen del término se discute si proviene del latín *generatio* o de *ratio* en el sentido de naturaleza, cualidad, casta o calidad del origen o linaje (Cavalli Sforza, 1999: 246) y, también, en qué momento comenzó a utilizarse dicha categoría para clasificar a la especie humana.

En la Antigüedad griega a los grupos humanos que poseían cultura y religión diferentes se los designaba empleando el término “ethnos” que significaba “los gentiles”, “los paganos”: (*ta éthne*). “Ethnos” viene del griego *etho* que quiere decir “acostumbrar” y del participio *éthon* que significa “según su costumbre”. Por lo tanto, se concluye que los diferentes “ethnos” se diferenciaban por sus costumbres. Además, utilizaban el término “bárbaros” para referirse al extranjero, sin considerar sus condiciones culturales, raciales o religiosas (Larrain, 1993: 30).

Los egipcios, los fenicios, los griegos y, posteriormente, los romanos observaron la existencia de variaciones fenotípicas entre los habitantes de los países del Mediterráneo, Asia y África subsahariana; sin embargo, no utilizaron la categoría de raza para caracterizarlos. Este concepto también está ausente en la tradición judeo-cristiana, en la cual se empleaban los términos bárbaros o infieles para referir a otros pueblos. No se sabe con exactitud cuándo comenzó a utilizarse dicho término, algunos autores consideran

que el origen de la palabra data probablemente del siglo XV, mientras que otros sostienen que puede ser anterior a esa fecha. Hemos comentado anteriormente que el concepto se utilizó durante las Edades Media y Moderna Temprana asociado a cuestiones religiosas y sociales, con la excepción de Bernier que, en el siglo XVII, vinculó el término con el fenotipo, es decir, con la biología. No obstante, en la actualidad hay, aún, disidencias en torno al momento histórico en que fue introducido este vocablo.

En cambio, hay coincidencias en que el concepto de raza acompañó la expansión colonial europea y que Buffon lo empleó por primera vez en la literatura científica en Francia, en 1749 (Malgesini y Giménez, 2000).

Sin embargo, es llamativo que dicha categoría no haya sido incorporada por Carl von Linné (1707-1778) en su *Systema Naturae*, que fue la primera clasificación jerárquica del mundo natural, publicada en 1735. Linné dividió al mundo natural en tres reinos: Reino Animal (*Regnum animale*), Reino Vegetal (*Regnum vegetabile*) y Reino Mineral (*Regnum lapideum*). Dentro del Reino Animal colocó a los seres humanos junto con otros primates. En su décima edición de 1758, incorporó la nomenclatura binomial que consistió en definir a las especies con dos nombres: el primero designaba al género y el segundo a la especie: en el caso del hombre empleó la palabra *Homo* para definir al género y variedades para referirse a las variaciones fenotípicas observadas en los grupos humanos, pero no introdujo el concepto de raza.⁴ En conclusión, aún a mediados del siglo XVIII, la categoría raza no formaba parte de lo que fue la primera clasificación jerárquica del mundo natural. Más tarde,

4 En esta clasificación Linné consideró que había cinco variedades humanas. A una de ellas la denominó *Homo sapiens monstruosus*, y comprendía a las personas afectadas por enfermedades congénitas. Para las otras cuatro tuvo en cuenta la coloración de la piel y la distribución geográfica de las poblaciones y las denominó: *Homo europeus*, *Homo americanus*, *Homo asiaticus* y *Homo afer*.

dicho concepto fue empleado en las clasificaciones raciales elaboradas por el naturalista Johann Friedrich Blumenbach (1752-1840) en 1776,⁵ quien dividió a la humanidad en cinco razas, según la coloración de la piel: caucásica o blanca, mongólica o amarilla, etíope o negra, americana o roja y malaya o parda. Como se puede observar, Blumenbach enfatizó para esta sistematización las regiones geográficas de origen de las poblaciones humanas.

Es interesante señalar que tanto en la clasificación de Linneo como en la de Blumenbach, la cultura tuvo una importante influencia a la hora de establecer algunas de las categorías taxonómicas. Linneo definió la clase mamífero por una de las características que todos sus miembros compartían, la lactancia; pero la decisión de introducir esa categoría fue política, porque la idea que Linneo defendía era que la función natural de las madres era la alimentación de sus propios hijos y no la de enviarlos al campo, como hacían muchos ricos y burgueses, para que fueran amamantados por nodrizas, costumbre que había comenzado a ser criticada en esa época y que, por lo tanto, debía ser revertida (Marks, 1997: 1046). A su vez, el nombre dado a la variedad caucásica fue tomado por Blumenbach del monte Cáucaso, especialmente de su vertiente sur porque consideraba que allí habitaba la raza de hombres más hermosa que, con alta probabilidad, constituía la forma original de la humanidad (Gould, 1994).

Más adelante, en 1840, el anatomista sueco Anders Retzius (1796-1860) utilizó medidas craneométricas para la elaboración de su clasificación racial. Estos estudios, en base a

5 Blumenbach es considerado el padre de la antropología biológica. Aún en la actualidad se sigue empleando, aunque a nuestro criterio erróneamente, la coloración de la piel como rasgo distintivo de la especie humana. Más adelante veremos que esa variable no es informativa para realizar estimaciones acerca de las relaciones filogeográficas entre las poblaciones humanas.

esos criterios, continuaron realizándose hasta mediados del siglo XX. Hoy se sabe que las variaciones fenotípicas observadas en las poblaciones humanas son consecuencia de procesos adaptativos a medios ambientes particulares. Podemos observar que los individuos de coloración de piel oscura se hallan en la zona del Ecuador, mientras que las variedades más claras aparecen gradualmente hacia los polos, donde alcanzan su máxima expresión (aunque hoy, con el desarrollo tecnológico, cualquier miembro de la especie puede vivir en diferentes ambientes).

La coloración de la piel, que ha sido empleada sistemáticamente en las clasificaciones raciales, está en realidad íntimamente relacionada con la producción de vitamina D. Esta vitamina regula los niveles de calcio y fósforo en la sangre, posibilitando que los huesos se calcifiquen adecuadamente. Las dietas ricas en huevos, leche y sus derivados y pescado, junto con la incidencia de los rayos ultravioleta favorecen su producción en la piel. La deficiencia de esta vitamina produce raquitismo. Sin embargo, un exceso de exposición a los rayos ultravioleta en personas de piel clara puede alterar la molécula de ácido fólico, necesario para la síntesis, reparación y metilación del ADN. Además, la degradación de los folatos provoca infertilidad masculina y defectos en el tubo neural de los niños. Todo esto tiene un claro efecto evolutivo, por eso las poblaciones constituidas por personas de piel oscura, que viven en zonas de alta radiación solar como la región ecuatorial, poseen una elevada concentración de melanina que filtra los rayos ultravioleta y las protege de esos procesos degenerativos. Se considera, también, que la piel oscura estaría más adaptada a zonas cálidas, porque los melanocitos que contienen melanina actúan en defensa de los individuos frente a microorganismos patógenos que son muy frecuentes en esas regiones.

En cambio, en zonas de menor radiación solar, las poblaciones de piel clara están mejor adaptadas que las de piel oscura para sintetizar vitamina D, dado que esta última requiere seis veces más radiación ultravioleta que la piel clara para producir una cantidad adecuada de vitamina D.

Existen otras hipótesis que intentan explicar las variaciones del color de la piel en las poblaciones humanas, como la selección sexual y parental o la deriva genética que sostiene que el color de la piel tiene efecto selectivo solo en el Ecuador pero no en las poblaciones que se alejan de esas regiones, las cuales adquirieron la coloración clara por mutaciones producidas durante cierto período de tiempo. El surgimiento de la agricultura pudo también haber jugado un rol destacado, porque la dieta de los agricultores es más pobre en vitamina D que la de los cazadores recolectores, lo que pudo haber determinado un mayor aclaramiento de la piel, particularmente en las zonas más septentrionales donde la radiación solar es más tenue. Los comentarios arriba desarrollados los hemos tomado de Jablonski y Chaplin (2000: 60-63) y, también, de una versión *online* de Pérez Iglesias (2010), cuyo artículo se basó en el estudio realizado por Juzeniene *et al.* (2009).

A pesar de estas observaciones, llamativamente, la coloración de la piel se sigue empleando como variable biológica para determinar diferencias raciales y/o caracterizar a grupos humanos para su incorporación, por ejemplo, a proyectos de investigación clínica.

En la Tabla 1, se muestran algunas de las clasificaciones raciales que, desde los siglos XVIII, XIX y XX, fueron elaboradas en base a caracteres morfológicos y genéticos. El número variable de razas, allí señaladas, es una clara indicación de la dificultad que existe para definir las, dado que los grupos humanos no presentan discontinuidades que posibiliten separarlos en entidades claramente discretas.

Tabla 1.
Clasificaciones raciales

Autor	Nº de razas	Razas propuestas
Linnaeus (1735)	6	Europaeus, Asiaticus, Afer, Americanus, Ferus, Monstruosus
Buffon (1749)	6	Laplander, Tartar, South Asian, European, Ethiopian, American
Blumenbach (1795)	5	Caucasian, Mongolian, Ethiopian, American, Malay
Cuvier (1828)	3	Caucasoid, Negroid, Mongoloid
Deniker (1900)	29	
Weinert (1935)	17	
Von Eickstedt (1937)	38	
Biasuti (1959)	53	
Coon (1962)	5	Congoid, Capoid, Caucasoid, Mongoloid, Australoid
US Office of Management and Budget (1997)	5	African-American, White, American Indian or Alaska Native, Asian, Native Hawaiian or Pacific Islander
Risch <i>et al.</i> (2002). Figura 1	5	African, Caucasian, Pacific Islander, East Asian, Native American
Risch <i>et al.</i> (2002) Table 3	5	African Americans, Caucasians, Hispanic American, East Asian, Native Americans

Fuente: Barbujani (2005).

No obstante, puede argumentarse que esa imposibilidad se debería a que los caracteres morfológicos empleados para caracterizar a las razas son de variación continua; por lo tanto, no serían adecuados para demostrar eventuales segregaciones entre las poblaciones. Además, esos caracteres pueden variar por la acción de factores medioambientales, lo cual sumaría otro inconveniente a la hora de intentar clasificarlas.

Una solución a este dilema pareció obtenerse en las primeras décadas del siglo XX cuando comenzaron a desarrollarse investigaciones genético-serológicas que tuvieron un fuerte impacto en los estudios raciológicos. Los grupos sanguíneos se habían constituido en una herramienta sumamente útil para la sistematización racial, dado que permanecen estables durante la vida de sus portadores, se transmiten siguiendo las leyes mendelianas, no se modifican por la acción de factores medioambientales como los rasgos morfológicos y tienen una distribución diferencial entre las poblaciones. Debido a ello, las variaciones observadas entre los grupos humanos, tanto a nivel regional como continental, podrían atribuirse a diferencias de carácter racial. Imbelloni (1937: 49) apoyó esas proposiciones e incluso publicó otros trabajos remarcando la importancia de las técnicas serológicas en los estudios raciológicos (ver Carnese *et al.*, 1991-1992: 42).

La primera clasificación racial de la especie humana, mediante la utilización de marcadores grupales sanguíneos, fue realizada por el inmunólogo Boyd (1952: 259-260) quien siguió para su elaboración, al igual que otros investigadores, un criterio geográfico, dividiendo a la humanidad en seis grupos raciales continentales: 1) grupo europeo primitivo (hipotético), 2) grupo europeo caucasoide, 3) grupo africano (negroide), 4) grupo asiático (mongoloide), 5) grupo amerindio y 6) grupo australoide.

Sin embargo, con la utilización de estos marcadores genético-serológicos y, posteriormente, con los provenientes de la biología molecular introducidos a mediados de la década de 1980, tampoco fue posible delimitar las poblaciones humanas en entidades particulares. Por consiguiente, el grado de incertidumbre que habían alcanzado las sistematizaciones raciales en base a rasgos morfológicos continuó existiendo hasta nuestros días, a pesar de

la incorporación de esas modernas herramientas técnico-metodológicas.⁶

Estos resultados indican que el problema no es de naturaleza técnico-metodológica, sino teórico-conceptual, porque lo que se intenta discriminar —las razas humanas— parece no tener una existencia biológica real.

6. Nueva información que cuestiona el concepto de raza

El conocimiento del genoma humano permitió demostrar que la especie humana comparte el 99,9% de sus genomas, por consiguiente, nuestras diferencias se encuentran solo en el orden del 0,1%, pero, el 86-90% de ese 0,1% consiste en la diversidad genética que hay entre los miembros de una misma población, mientras que el 10-14% restante es la diferencia que se da entre las poblaciones que habitan en un mismo continente (4%) o en diferentes continentes (10%). Por lo tanto, la divergencia que presentan los grupos humanos a nivel intercontinental es el 10% de ese 0,1%, es decir, 0,01%. Si admitimos que existen 2.500 millones de sitios nucleotídicos, las diferencias implican a solo 250.000 de esos sitios (Barbujani, 2003).

Cabría preguntarnos ¿por qué las diferencias genéticas entre las poblaciones humanas no son suficientes para detectar discontinuidades significativas entre ellas? Una respuesta a esa pregunta, aunque no la única, es porque nuestra especie *Homo sapiens*, como señalamos en páginas

6 Las técnicas serológicas permiten la tipificación de los grupos sanguíneos, el sistema HLA, las enzimas eritrocitarias y séricas, entre otras; las moleculares habilitan la determinación del ADN mitocondrial y nuclear. Estos sistemas son muy polimórficos y, por lo tanto, muy informativos. El análisis multivariado combina las informaciones proporcionadas por estos marcadores genéticos y permite analizar, por un lado, las similitudes y diferencias existentes entre las poblaciones y, por el otro, sus historias evolutivas (ver Piazza, 1997: 1054).

anteriores, desciende de una población que emigró de África, según datos recientes, hace aproximadamente 177.000-194.000 años, tiempo relativamente escaso para que la humanidad se diferencie en entidades discretas, raciales. A su vez, el mestizaje contribuyó a diluir las diferencias que presentaban las poblaciones. Seguramente esas son las razones por las que compartimos la casi totalidad de nuestros polimorfismos genéticos.

Debemos agregar, además, que en la actualidad, o más específicamente a partir de los años 60 del siglo pasado, se aceptó, en general, que tanto los rasgos físicos como los genéticos se encuentran distribuidos en gradaciones geográficas llamadas clines. Casi todos estos rasgos no co-varían y son discordantes, lo cual llevó a Livingstone a plantear que “no hay razas, sino solo clines” (Livingstone y Dobzhansky, 1962: 279). Estos datos son robustos y explican la causa por la cual es inviable determinar o definir entidades discretas en nuestra especie.

7. ¿La consanguinidad habría jugado algún papel en la relativamente escasa variación genética entre las poblaciones humanas?

En la historia de la humanidad debe haber existido, también, un marcado proceso de consanguinidad que contribuyó a morigerar las diferencias genéticas entre las poblaciones. Veamos al respecto el sugestivo análisis de Beiguelman (1995: 254) cuando estimó el número de ancestros que nos debieron preceder en el tiempo, suponiendo que no hubieran existido uniones biológicas consanguíneas. Beiguelman partió del hecho de que un individuo tiene dos padres, 4 abuelos, 8 bisabuelos, 16 trisabuelos, 32 tatarabuelos, etc., y que, en general, esa sucesión se pue-

de expresar como 2^n ancestros, siendo n el número de generaciones que anteceden a cada persona. Además, dijo que si se asignaran 25 años a una generación, tendríamos 4 generaciones por siglo y 40 en un milenio, por lo tanto, el número de ancestros de un individuo de la época actual sería igual a 2 al exponente 40, es decir: 1.099.511.627.776. Este es un número extremadamente alto para una población que hace mil años era escasa. Por consiguiente, tendríamos que admitir que desde los albores de la humanidad hubo una marcada pérdida de ancestros y, consecuentemente, la existencia de una elevada proporción de uniones biológicas consanguíneas. Beiguelman concluyó este análisis con estas expresivas palabras: “*O fenómeno da perda dos ancestrais no leva, pois, a concluir com Stern que, do ponto de vista evolutivo, a fraternidade da espécie humana não é um conceito espiritual, mas uma realidade genética*” (1995).

8. Las poblaciones humanas

Si admitimos que las razas humanas no tienen una existencia biológica real, sino que son construcciones sociales determinadas históricamente, ¿qué término deberíamos utilizar para su reemplazo? De acuerdo con Marks (1997: 1051), consideramos que el concepto de raza es un problema conceptual no semántico, entendiendo que no se puede resolver esta cuestión reemplazando dicho concepto por el de “región étnica”, como figuraba en la leyenda de la cubierta de *Historia y Geografía de los Genes Humanos*, del Proyecto Genoma Humano.

Etnia es un término de origen cultural y una etnia puede estar constituida por personas originarias de la misma o de distintas regiones geográficas y, también, por individuos que, pertenecientes a un grupo étnico determinado,

se adscriben a otro voluntariamente, como sucede en países que han recibido un importante número de inmigrantes como, por ejemplo, Argentina, Brasil o Estados Unidos.

Estos grupos humanos conforman poblaciones más o menos endogámicas o exogámicas y pueden presentar características particulares que las diferencian de otras, de acuerdo con las pautas culturales y con la historia demográfica de las mismas.

En base a estas apreciaciones, el concepto de población es el más adecuado para reemplazar al de raza, porque es en las poblaciones donde operan los factores microevolutivos que originan cambios direccionales o azarosos, dependiendo de la estructura demográfico-genética de las mismas. Las variaciones observables no se deben entonces a diferencias raciales sino que son consecuencia del accionar de dichos factores que modifican, tanto en el tiempo como en el espacio, la composición genética de los grupos humanos. En la actualidad los antropólogos biólogos aceptan que la especie humana se encuentra organizada en poblaciones locales, que estas entidades reales constituyen las unidades operativas de estudio, que no son estáticas sino que varían espacial y temporalmente, que entre ellas existen relaciones de parentesco susceptibles de ser estimadas y que la evolución se produce por selección, deriva genética y migración (Carnese *et al.*, 1991-1992: 56).

9. La raza como categoría simbólica

Otros autores como, por ejemplo, Marks (1997: 1049) y Wade (1997: 18) consideran que si bien la raza no existe en tanto entidad biológica, sí existe como categoría simbólica y social, lo cual la convierte en un concepto más real e importante que si fuera biológico. Además, dentro de esa línea

de pensamiento, se considera que su empleo puede ser un elemento aglutinador de grupos humanos discriminados históricamente, que reivindican su identidad y luchan por obtener mejores condiciones de vida en sociedades que los han sumidos en la exclusión social. Sin embargo, ante estos argumentos cabe preguntarse cuál es la utilidad teórica y práctica de seguir empleando un término que tiene su origen en la biología que, además, es cuestionado por no reflejar ninguna realidad biológica y que tiene connotaciones negativas como lo demuestra la historia del racismo en el mundo.

En ese sentido nos parece oportuno comentar las palabras de Gilroy que decía:

...to abandon race means to sever a long-standing historical chain by breaking one link: on the one hand, the beneficiaries of racial hierarchy do not want to give up their privileges. On the other hand, people who have been subordinated by race-thinking and its distinctive social structures...have for centuries employed the concept and categories of their rulers, owners, and persecutors to resist the destiny that race has allocated to them. (2000: 12)

Además, ante los adelantos genéticos producidos en la actualidad, Gilroy señalaba: *“We need to ask, for example, whether there should be any place in this new paradigm of life for the idea of specifically racial difference”* (ibídem: 20).

En conclusión, creemos que este tema merece una discusión más profunda y debería ser motivo de otro libro. No obstante, para el desarrollo de esta obra basta con acordar que las razas humanas no son entidades biológicas reales, sino construcciones sociales históricamente determinadas.

10. Propuesta de redefinición del concepto de mestizaje

Volviendo a nuestra discusión acerca del concepto de mestizaje y al cuestionamiento a la categoría raza y al término mezcla, Viqueira (2010) planteó que si en realidad las razas no existen pierde sentido el concepto de mestizaje y, por lo tanto, debería ser eliminado. Sin embargo, nosotros creemos que, debido a su instalación y perduración tanto en los medios académicos como a nivel popular, el concepto debería preservarse, pero redefinirse teniendo en consideración los conocimientos actuales proporcionados por la genética de poblaciones y la antropología biológica.

En párrafos anteriores hemos señalado que, en general, hay consenso entre los antropólogos biólogos en reemplazar el concepto de raza por el de población. Este cambio queda claramente expresado en los artículos que los investigadores del país y gran parte de los latinoamericanos publican en diversas revistas de la especialidad.

Sin embargo, no hay debate en la comunidad científica en torno a la utilización del término “mezcla”, que lo seguimos aplicando por inercia, costumbre o hábito, sin preguntarnos si su uso es o no correcto. Este vocablo deriva de la traducción del inglés *admixture* que, acompañado de *genetic* (*genetic admixture*) se emplea en todos los artículos científicos publicados en ese idioma. En español lo expresamos como “mezcla génica” o “mezcla genética”.

En capítulos anteriores hemos señalado por qué, a nuestro criterio, esos términos, al igual que el de raza, deberían ser sustituidos por otros más adecuados, que expresen lo que realmente sucede en todo proceso de mestizaje biológico.

En principio, reflexionamos acerca de si el vocablo “mezcla” podría reemplazarse por “recombinación”⁷ o

7 “Recombinación” significa aparición en la descendencia de combinaciones de genes que no estaban presentes en los progenitores.

“intercambio”; ante estas dos alternativas, optamos por el segundo término porque, al ser sinónimo de cambio, refleja justamente lo que acontece en las poblaciones que participan del mestizaje. Sin embargo, su utilización, al igual que la de recombinación, también resulta confusa, porque se la puede relacionar con el “entrecruzamiento” o el *crossing over* que se da entre segmentos de cromosomas homólogos durante la división celular meiótica.

En el mestizaje biológico lo que en realidad se produce es una combinación y no una mezcla de genes. Ya hemos comentado en páginas anteriores que los genes mantienen su individualidad, no se mezclan en la descendencia.

Por esta razón, creemos, que el término “combinación” explica mejor lo que sucede en ese proceso; por consiguiente, entendemos que debería ser empleado en la redefinición del concepto de mestizaje, reemplazando al de “mezcla”. Otra alternativa posible es la utilización de la expresión “flujo” porque, además de otras acepciones, significa movimiento y es un vocablo que en antropología implica la idea de traslado, desplazamiento y posibilidad de contactos entre pueblos de diferentes orígenes geográfico y/o étnico.

El “flujo génico” lo entenderíamos, entonces, como el desplazamiento de genes desde una población hacia otra y/o viceversa. Esta denominación tendría, además, la ventaja de coincidir con uno de los factores microevolutivos que actúan en las poblaciones humanas, producto de las migraciones de los pueblos. Sin embargo, nos pareció más conveniente emplear este término para referirnos a los valores porcentuales que se obtienen en las estimaciones del mestizaje entre poblaciones, y utilizar la palabra combinación para la definición de ese concepto.

Teniendo en cuenta estas consideraciones, la noción de mestizaje biológico podría redefinirse diciendo que es “el

producto del cruzamiento entre personas pertenecientes a poblaciones humanas de diferentes orígenes geográficos y/o étnicos y que, como consecuencia de ese proceso, sus descendientes exhibirán combinaciones génicas que diferirán de las ancestrales que les dieron origen”.

Como puede observarse en esta redefinición, reemplazamos el concepto de raza por el de población y, a su vez, sustituimos el término “mezcla génica” por el de “combinación génica”.

Por supuesto que esta proposición es tentativa y deberá ser sometida a debate y consideración de la comunidad científica antropológica. Sin embargo, si bien entendemos que dicha definición puede formularse o plantearse de diferentes maneras, sostenemos que los vocablos raza y mezcla no deberían incluirse en el enunciado de cualquier otra nueva propuesta.

Dentro de este marco conceptual abordaremos, en los próximos capítulos, las particularidades del mestizaje biológico en la Argentina, como producto del cruzamiento entre indígenas, europeos, euroasiáticos y subsaharianos.

Capítulo 4

El mestizaje biológico en poblaciones indígenas de la Argentina

Un análisis descriptivo y cronológico

Para arribar a alguna conclusión acerca del mestizaje biológico en la Argentina, así como en cualquier otra región del mundo, es preciso conocer las estructuras genéticas de las poblaciones involucradas en el mismo. En nuestro país participaron de ese fenómeno los pueblos originarios, los europeos desde la conquista americana y los africanos subsaharianos que en esa época llegaron compulsivamente a nuestras tierras como esclavos. Las uniones biológicas entre esos tres componentes, más la contribución de los que provenían de Medio Oriente, cambiaron sustancialmente la composición genética original de las poblaciones involucradas en ese proceso.

Cuando los españoles llegaron a lo que es hoy el territorio argentino, este estaba habitado por grupos indígenas distribuidos en distintas áreas del país, pero, con una mayor concentración demográfica en la región andina.¹

1 Las estimaciones sobre la población indígena en lo que es hoy el territorio argentino varían según los autores. En general, se estima que el total habría llegado a 300.000 personas. Con la mayor concentración en el Noroeste, Sierras Centrales y Cuyo y en menor proporción en las regiones del Litoral y el extremo sur patagónico (ver Martínez Sarasola, 1992: 90-91).

¿Cuál era, entonces, la composición genética de estas poblaciones? Obviamente, no se pueden estudiar las poblaciones indígenas de aquella época,² sin embargo, fue posible obtener suficiente información a partir de investigaciones realizadas en poblaciones nativas actuales.

Estos estudios comenzaron a desarrollarse por primera vez en la Argentina y Sudamérica en la década de 1920 con los primeros trabajos de Mazza y Franke (1927: 408-409), sobre la distribución de los antígenos del sistema ABO en aborígenes del Chaco argentino. A partir de esa época, se fueron incorporando en estas investigaciones nuevos sistemas grupales sanguíneos: Rh, Diego, Duffy, P, MNSs, Lewis, Kell-Cellano y Kidd. También se tipificaron, entre otros marcadores genéticos, los antígenos del sistema leucocitario humano (HLA), las enzimas eritrocitarias y séricas y las inmunoglobulinas Gm/Km (ver Glosario). Mediante el empleo de esos marcadores se estudiaron poblaciones aborígenes de distintas regiones del país como las del Chaco, del Noroeste y del Noreste: chulupi, chorote, wichi, toba, pilagá, chané-chiriguana, macá, colla, puneña de Jujuy, quechua de la quebrada de Humahuaca y guaraní de Misiones. Recién en las décadas de los 60, 80 y 90 comenzaron a estudiarse grupos poblacionales de origen mapuche y tehuelche. Se publicó una revisión de estas investigaciones en las revistas *RUNA* y *Relaciones de la Sociedad Argentina de Antropología* (Carnese *et al.*, 1991-1992; Carnese y Pucciarelli, 2007).

Esos trabajos, realizados mediante la aplicación de técnicas serológicas, ofrecieron sustanciales contribuciones al conocimiento de la composición genética de los indígenas del país. Se pudo comprobar que esas poblaciones

2 Aunque en la actualidad, a partir de la obtención de ADN en material óseo y momificado prehispánico, se están determinando marcadores genéticos moleculares uni y biparentales con la finalidad de reconstruir la composición genética de los pueblos originarios.

presentaban frecuencias cercanas al 100% de los grupos sanguíneos O y Rh positivo, elevada frecuencia del antígeno Duffy A y porcentajes variables, según los grupos estudiados, del factor grupal sanguíneo Diego A, con la particularidad de que este antígeno se detectó solo en poblaciones asiáticas y amerindias. Similares resultados fueron obtenidos en otras poblaciones nativas de América (ver Salzano y Callegari-Jacques, 1988: 142; Crawford, 1992: 145).

A partir de estas observaciones se sostuvo que la presencia de los antígenos A y B del sistema ABO en indígenas sería producto del mestizaje con poblaciones de origen europeo.

1. Los estudios paleoserológicos

Para dilucidar si efectivamente la presencia de esos factores grupales sanguíneos en amerindios fue o no resultado de su introducción por parte de los europeos, se llevaron a cabo investigaciones con la finalidad de intentar, mediante técnicas serológicas específicas,³ determinar dichos antígenos en material momificado precolombino. A partir de una revisión realizada por nosotros hasta 1999 (Carnese, 2011: 36) pudimos constatar que de 687 restos de momias precolombinas, procedentes de distintas regiones de Sudamérica, 86%, 9%, 3% y 4% presentaban los antígenos O, A, B y AB, respectivamente.

En su momento, estos estudios fueron criticados por Thieme y Otten (1957: 392-393), quienes sostenían que la presencia en la naturaleza de antígenos similares a los grupos

3 Los grupos sanguíneos ABO se distribuyen universalmente en el organismo humano, por ejemplo, un individuo de grupo sanguíneo A tiene en sus tejidos y órganos la misma sustancia grupospecífica que la detectada en la superficie de los glóbulos rojos. Lo mismo sucede con los otros antígenos B y O. En momias de la localidad de Los Morrillos, provincia de San Juan (4.410 +/-150 años) y en las de Pampa Grande, provincia de Salta (1.310 +/- 40 años AP), se logró detectar antígenos de grupos sanguíneos A (Carnese y Palatnik, 1972: 202; Salaberry *et al.*, 1999: 277).

sanguíneos podría actuar como contaminante y dar lugar a reacciones falsas positivas. Además, consideraron que otros factores influían sobre la reproductibilidad de estas determinaciones, como la acción enzimática de las bacterias *Clostridium tertium*, *Bacillus fulminans* y *Bacillus cereus*, que descomponen o transforman las sustancias grupoespecíficas ABO.

No obstante, la pregunta a responder refiere a si la presencia en restos precolombinos de los antígenos A y B puede ser explicada, exclusivamente, por la acción de factores contaminantes. Lin *et al.* (1996: 336) estudiaron nueve momias del desierto de Taklamakan, en Asia Central, y demostraron que la genotipación del sistema ABO a nivel molecular fue consistente con las determinaciones serológicas realizadas en las mismas muestras, cuando se aplicó el método de absorción-elución.⁴ Por el contrario, en América, el trabajo de Georges *et al.* (2012: 245-246) contradice los datos serológicos obtenidos en momias prehispánicas, dado que, a partir de la obtención de ADN en restos óseos de esa época, los autores demostraron que los antígenos A y B no estaban presentes en las muestras analizadas. Esta investigación pareciera ser el acta de defunción de la hipótesis alternativa que sostenía la presencia de esos antígenos en restos precolombinos; no obstante, creemos que se necesitarán más investigaciones y un número mayor de muestras para ratificar estos resultados.

En definitiva, sea cual fuere la respuesta a este interrogante, es evidente que la frecuencia de los alelos ABO*O y RH*D de los sistemas ABO y Rh, respectivamente, presentan valores cercanos al 100% en los amerindios actuales. Por consiguiente, estos sistemas son muy informativos

4 Para más información sobre este tema se puede consultar el artículo que hemos publicado en la revista *Antípodas* (Carnese, 2011: 34-36).

para los estudios de mestizaje porque la prevalencia de esos alelos difiere respecto de la observada en poblaciones europeas y africanas.

2. Análisis del mestizaje mediante la determinación de marcadores serológicos

Una primera etapa para llegar a estimar los porcentajes de flujo génico, tanto en una población indígena argentina —que es lo que nos interesa— como en cualquier otra de diferente origen, consiste en conocer su composición mediante la determinación de un número significativo de marcadores genéticos.

Si, además, queremos saber si esa población reúne características similares o diferentes respecto de sus antecesoras, tenemos que estimar cuáles eran las estructuras genéticas de estas últimas. Para realizar esa estimación debemos calcular las frecuencias génicas de las poblaciones indígenas que están o estarían emparentadas con las del estudio⁵ y que, de acuerdo con los datos biológicos, históricos, etnohistóricos y demográficos, registren el menor grado de mestizaje con no amerindios. Si en la población a investigar determinamos marcadores serológicos clásicos como los grupos sanguíneos ABO y Rh que, a su vez, han sido tipificados tempranamente en las poblaciones antecesoras —hecho que ocurrió en la Argentina desde los comienzos de la década de 1920— estas serían las más apropiadas para emplearlas como poblaciones parentales. Si le asignamos a cada generación 20-25 años, habría una distancia temporal

5 Por ejemplo, si en una de las poblaciones parentales la frecuencia del alelo ABO*O es de 0,90 y en la otra es de 0,99, se puede obtener un promedio ponderado de esas frecuencias si conocemos el número de individuos estudiados en cada una de las muestras.

de por lo menos cuatro generaciones entre la parental y la del estudio, tiempo relativamente suficiente para evaluar si hubo o no diferencias significativas entre ellas. Si en efecto se detectan variaciones, estas podrían explicarse por la acción aislada o combinada de la selección natural, la deriva genética⁶ o el mestizaje como consecuencia de las migraciones y los contactos que pudieron establecerse entre pueblos de orígenes diversos.

En América, desde la época colonial, intervinieron en este proceso tres componentes poblacionales: indígenas, europeos y africanos subsaharianos.

En los párrafos anteriores hemos definido cómo se determina la parental de un grupo indígena que será estudiada para valorar el grado de participación en su acervo génico de poblaciones de otros orígenes geográfico y/o étnico, que arribaron a lo que es hoy la Argentina. Por consiguiente, para calcular el mestizaje de la población amerindia receptora con las provenientes de esos contingentes migratorios, es necesario, también, valorar la composición genética de las parentales europea y africana.

Para ello, se estiman los promedios ponderados de las frecuencias alélicas de los marcadores genéticos que se emplearán en la estimación del mestizaje. Para la parental europea, esos promedios se calculan a partir de las poblaciones españolas e italianas que habitan actualmente en las regiones que aportaron migrantes a la Argentina y para la africana se tienen en cuenta los datos genéticos de las poblaciones actuales de Senegal, Nigeria, Angola y Mozambique, que son los principales territorios de donde provinieron los esclavos africanos que arribaron a Sudamérica.⁷

6 En el Glosario se definen esos conceptos.

7 Los datos de las parentales amerindia, europea y africana fueron estimados a partir de la información proporcionada por Valls (1975); Salzano y Callegari-Jacques (1988); Roychoudhury y Nei (1988). Ver, también, Avena *et al.* (2006: 114).

En la Tabla 2, se muestran las frecuencias génicas de las parentales europea, africana y amerindia; a esta última se le atribuye una frecuencia del 100% para el alelo ABO*O y similar porcentaje se le asignó, también, a todos los haplotipos del sistema RH que tienen el alelo D en diferentes combinaciones (0,99%). Todas las personas portadoras de ese alelo son Rh positivas, en cambio, son Rh negativas cuando dicho alelo no está presente. En la Tabla se puede observar para este y otros sistemas las diferentes frecuencias génicas que presentan las poblaciones parentales.

Tabla 2.
Marcadores genéticos proteicos. Parentales africana, aborigen y europea

Africana	Aborigen	Europea	Alelos/haplotipos	Sistemas
0,156	0,000	0,292	ABO*A	ABO
0,142	0,000	0,065	ABO*B	
0,702	1,000	0,643	ABO*O	
0,001	0,055	0,048	RH*CDE- RH*RZ	RH
0,037	0,570	0,419	RH*CDe- RH*R1	
0,000	0,001	0,002	RH*CdE- RH*ry	
0,004	0,000	0,011	RH*Cde- RH*r'	
0,070	0,339	0,090	RH*cDE- RH*R2	
0,674	0,025	0,049	RH*cDe- RH*R0	
0,000	0,001	0,001	RH*cdE- RH*r''	
0,214	0,009	0,380	RH*cde- RH*r	
0,091	0,220	0,179	L*MS	
0,423	0,499	0,350	L*Ms	
0,140	0,064	0,160	L*NS	
0,346	0,217	0,311	L*Ns	

Africana	Aborigen	Europea	Alelos/haplotipos	Sistemas
0,003	0,692	0,341	FY*A	DUFFY
0,005	0,308	0,659	FY*B	
0,992	0,000	0,000	FY* null	
0,640	0,443	0,461	Jka	KIDD
0,360	0,557	0,539	Jkb	
0,000	0,099	0,000	DI*A	DIEGO
1,000	0,901	1,000	DI*B	
0,034	0,002	0,034	Lua	LUTHERAN
0,966	0,998	0,966	Lub	
0,003	0,003	0,038	K	KELL
0,997	0,997	0,962	K	
0,691	0,449	0,586	P*1	P
0,221	0,001	0,000	A	G6PD
0,168	0,000	0,000	A-	
0,611	0,993	0,992	B	
0,000	0,006	0,080	B-	
0,960	0,995	0,984	A	PGD
0,040	0,005	0,016	C	
0,812	0,850	0,755	1	PGM1
0,188	0,150	0,245	2	
0,995	0,997	1,000	1	PGM2
0,005	0,000	0,000	2	
0,000	0,003	0,000	VAR	
0,999	1,000	0,963	1	AK
0,001	0,000	0,037	2	
0,164	0,114	0,324	A	ACP
0,821	0,886	0,624	B	
0,001	0,000	0,052	C	
0,014	0,000	0,000	R	
0,938	0,727	0,879	ESD*1	ESD
0,062	0,273	0,121	ESD*2	

Africana	Aborigen	Europea	Alelos/haplotipos	Sistemas
0,938	0,727	0,879	ESD*1	ESD
0,062	0,273	0,121	ESD*2	
0,895	1,000	1,000	HB*A	HBA
0,022	0,000	0,000	HB*C	
0,083	0,000	0,000	HB*S	
0,075	0,000	0,000	A	CP
0,921	1,000	1,000	B	
0,004	0,000	0,000	C	
0,658	0,636	0,394	HP*1	HP
0,320	0,364	0,606	HP*2	
0,022	0,000	0,000	HP*2M	
0,000	0,000	0,005	TF*B	TF
0,968	1,000	0,995	TF*C	
0,032	0,000	0,000	TF*D	
0,741	0,749	0,577	GLO*2	GLO

Si volvemos a analizar dicha Tabla, los alelos se expresan con el nombre del sistema, un asterisco y el alelo correspondiente, por ejemplo, ABO*O. En el sistema RH se presentan dos nomenclaturas —la de Fisher/Race que propone que existen tres genes estrechamente ligados en el mismo cromosoma y la de Wiener que propone múltiples alelos en un mismo *locus*—. En la actualidad se utilizan ambas nomenclaturas, de tal forma que el haplotipo RH*CDE se corresponde al RH*Z, el RH*CDe al RH*RI y así sucesivamente. La letra R mayúscula indica que el alelo D se expresa como antígeno en la superficie de los hematíes y se usa la d minúscula cuando no lo hace, por ejemplo, RH*ry que se corresponde a RH*CdE, RH*r' a RH*Cde, RH*r'' a RH*cdE y RH*r a RH*cde. Nosotros emplearemos en este libro la nomenclatura de Fisher/Race.

Otro marcador de grupo sanguíneo importante es el alelo DI*A que registra una frecuencia promedio en poblaciones aborígenes actuales del 10%⁸ y está ausente en europeos y africanos. Estas diferencias junto con otras, como la alta frecuencia del alelo FY*A del sistema Duffy en indígenas, son muy informativas para valorar los procesos de mestizaje.

Si admitimos, como ya lo hemos mencionado anteriormente, pero ahora de acuerdo con la confirmación aportada por los datos moleculares, que los alelos ABO*A y ABO*B no estaban presentes en los nativos americanos (Georges et al., 2012: 245-246), así como tampoco el alelo/haplotipo RH*cde⁹, podemos sostener que todas las poblaciones indígenas antes de la llegada de los españoles eran de grupo sanguíneo O y Rh positivo. Por lo tanto la presencia de ABO*A, ABO*B y RH*cde se debe al mestizaje con europeos y/o africanos.

Si seguimos analizando la Tabla podemos comprobar, siempre en relación a las poblaciones nativas, que otros sistemas de grupos sanguíneos, enzimas eritrocitarias y séricas, también presentan frecuencias cercanas al 100% como los alelos Lu*B, Kell*K-, PGD*A, PGM2*1, AK*1,TF*C, HB*A.¹⁰

8 De todas maneras hay que recordar que ese es un promedio ponderado porque en poblaciones nativas de la Argentina las frecuencias de ese alelo varían del 2-3% al 4% entre los mapuches y tehuelches (Carnese *et al.*, 2002: 130), mientras que en la región chaqueña esas proporciones son más elevadas: 12%, 15%, 18% y 19% entre los tobas, choroties, wichis y chulupies, respectivamente (Carnese, 1995: 654; Goicoechea *et al.*, 2001: 137). Hay que recordar que este alelo solo está presente en poblaciones asiáticas y amerindias, lo cual prueba la relación genética entre ambos grupos humanos.

9 En la Tabla 2 se puede ver en la parental indígena, si bien en muy baja frecuencia, la presencia de ese alelo, seguramente por intercambio génico con europeos o africanos. Este aporte extra es muy escaso, no influye en los resultados de mestizaje y es válido, entonces, considerar a la población indígena como parental.

10 Con la excepción de la hemoglobina A (HB*A), el resto de los alelos presenta frecuencias génicas similares en los tres componentes: nativos americanos, europeos y subsaharianos. Por esa razón, en estos casos, dichos sistemas no son adecuados para los estudios de mestizaje.

A su vez, se observaron relativas altas frecuencias de FY*A, ACP*B, ESD*1, GLO*2, G6PD*B y HP*1 que, en general, difieren con una o con las dos parentales europea y africana. También se detectaron diferencias relativas con respecto a las frecuencias alélicas de otros sistemas de grupos sanguíneos: MNSs, P, Kidd y la enzima Fosfoglucomutasa 1 (ver Tabla 2 y Glosario).

La mayoría de estos marcadores genéticos son útiles en los estudios de mestizaje pero, además, para arribar a resultados consistentes, se requiere contextualizar la información biológica con los datos socioculturales, históricos, económicos y de salud de las comunidades en estudio. Adicionalmente, los relevamientos genealógicos y demográficos de interés genético permiten valorar el accionar de los factores microevolutivos que actúan en las poblaciones, los cuales pueden causar modificaciones de sus estructuras genéticas.¹¹

3. Las primeras investigaciones

Como ya hemos señalado, los estudios genético-serológicos en poblaciones indígenas del país comenzaron con el trabajo de Mazza y Franke (1927) sobre autóctonos del norte argentino; posteriormente se realizaron más estudios, principalmente, en el Noroeste y Noreste, mediante la determinación de diversos sistemas grupales sanguíneos. Una revisión de estas investigaciones fue realizada por Palatnik (1966) y Carnese *et al.* (1991-1992). El objetivo de esos trabajos consistió en analizar la distribución geográfica y la frecuencia de esos marcadores serológicos en dichos grupos humanos.

11 Para ello se toman datos sobre el tamaño poblacional, distribución por edad y sexo, lugar de nacimiento de los miembros de la comunidad, tipo de matrimonios, lugar de nacimiento de los cónyuges, datos migratorios y relevamientos genealógicos.

En cambio, hasta donde nosotros tenemos conocimiento, los estudios cuyo objetivo fue cuantificar el mestizaje en poblaciones nativas, comenzaron con el trabajo de Palatnik (1968: 57), quien analizó los grupos sanguíneos ABO y Rh en ranqueles de Coliqueo y de La Barrancosa de la localidad de Los Toldos, provincia de Buenos Aires, y constató un flujo génico con españoles del 31% y 35%, respectivamente. Estos resultados fueron concordantes con la información genealógica que indicaba mestizaje con no aborígenes.

Esos altos valores de flujo génico fueron similares a los observados en Chile por Etcheverry *et al.* (1967) en mapuches que habitaban en los alrededores de las grandes ciudades de ese país.

Posteriormente, Fink de Cabutti y Palatnik (1975: 59-62) realizaron estudios en una comunidad toba de Fortín Lavalle, provincia del Chaco. A partir de un análisis histórico de esa comunidad, pudieron constatar que la población había sufrido en la década de 1920 una elevada mortalidad por una epidemia de viruela y entre 1940 y 1947 sus pobladores realizaron dos migraciones a Orán (Salta), localidad que está a 520 km de distancia, para la zafra azucarera; la primera la hicieron a pie y la segunda parcialmente en tren; estas migraciones causaron, también, una elevada mortandad. Los dos acontecimientos produjeron una dramática disminución del número poblacional de la comunidad, lo que provocó una significativa reducción de su tamaño efectivo, y en la cual la deriva genética tiene una especial acción sobre la composición genética de la misma. La reducida diversidad genética que los autores hallaron en la población sería consecuencia de la probable acción de ese mecanismo microevolutivo.

Otro aporte proveniente de la información demográfica que les permitió explicar los cambios que se produjeron a nivel genético, lo proporcionó el análisis de los 39 tipos de matrimonios registrados, de los cuales 33 eran entre indígenas

y los 6 restantes fueron uniones biológicas entre mujeres indígenas y hombres mestizos.

Adicionalmente, de los diez inmigrantes a la comunidad ocho eran tobas y dos mestizos, uno de estos últimos fue el que introdujo el alelo de origen alóctono, que codifica para el antígeno A del sistema ABO y dio como resultado un 2% de flujo génico. Por lo tanto, el mestizaje con no aborígenes fue bajo y concordante con los datos genéticos, dado que predominaban significativamente los individuos de grupos sanguíneos ABO*O (99%), Rh positivos (100%) y la elevada presencia del alelo DI*A (12%)¹² (ver las Tablas 4 y 5). Es evidente que en Fortín Lavalle intervinieron conjuntamente dos factores microevolutivos que accionaron sobre su estructura genética, la deriva genética debida a los acontecimientos históricos mencionados que determinaron una reducción de la variabilidad genética y, en menor medida, el flujo génico por la migración de individuos de origen no amerindio.

Estos estudios constituyen claros ejemplos acerca de la necesidad de articular los datos genéticos y socioculturales, para una mejor comprensión de los procesos biológicos que se dan en las poblaciones humanas.¹³

Esta línea de trabajo que se desarrollaba en la Facultad de Ciencias Exactas de la Universidad Nacional de La Plata fue interrumpida, a partir del 8 de octubre de 1974, por la intervención política de la Misión Ivanisevich del Gobierno de Isabel Perón y por la dictadura cívico-militar-eclesiástica

12 En la Tabla 3 se presentan los datos de las frecuencias génicas de la población de Fortín Lavalle y, también, de las comunidades de la Patagonia argentina. Más adelante comentaremos las investigaciones realizadas en las poblaciones de esta última región. En la Tabla 4 se registran los porcentajes de flujo génico en las poblaciones estudiadas.

13 Con el mismo enfoque, Goicoechea *et al.* (2001a) realizaron estudios genético-serológicos comparativos entre ayoreos, lenguas, tobas, wichis, choroties y un grupo ache de Paraguay. Sin embargo, este trabajo tuvo como objetivo evaluar las distancias genéticas entre esos grupos humanos, pero no estimar el grado de mestizaje con poblaciones alóctonas.

Tabla 3.
Frecuencias génicas de poblaciones indígenas de la Patagonia y del Chaco argentino

Alelos	Mapuche*			Tehuelche*		Toba**
	Anecón Grande (N = 61)	Blancura Centro (N = 95)	Cerro Policía (N = 62)	Aguada Guzmán (N = 57)	El Chaliá (N = 63)	Fortín Lavalle (N = 101)
ABO*O	0,932	0,951	0,837	0,842	0,968	0,995
ABO*A	0,050	0,043	0,102	0,148	0,024	0,005
ABO*B	0,017	0,005	0,060	0,010	0,008	0,000
FY*A	0,638	0,709	0,534	0,438	0,671	0,546
JK*A	0,317	0,347	0,458	0,421	0,589	0,366
DI*A	0,025	0,032	0,000	0,017	0,044	0,120
P*1	0,276	0,246	0,306	0,275	0,276	0,120
LU*A	0,031	0,032	0,029	0,031	0,031	
KELL*K	0,000	0,000	0,000	0,009	0,002	
RH*CDE	0,041	0,029	0,012	0,009	0,023	0,320
RH*CDe	0,475	0,518	0,439	0,353	0,447	0,238
RH*cDE	0,385	0,339	0,365	0,368	0,500	0,420
RH*cDe	0,098	0,113	0,183	0,070	0,030	0,021
L*MS	0,071	0,058	0,113	0,109	0,173	0,224
L*Ms	0,537	0,568	0,412	0,399	0,389	0,496
L*NS	0,054	0,016	0,082	0,075	0,119	0,099
L*Ns	0,337	0,357	0,393	0,416	0,319	0,180

* Datos de Carnese *et al.*, 1993, 1996, 2002; Goicoechea *et al.*, 2000.

** Datos de Cabutti y Palatnik, 1975.

Tabla 4.

Flujo génico en poblaciones indígenas del Chaco, del noroeste argentino y de la Patagonia argentina. Marcadores genético-serológicos

AUTORES	AÑO	POBLACIONES INDÍGENAS	N	FLUJO GÉNICO %		SISTEMAS GENÉTICOS
				EUROPEOS	AFRICANOS	
Palatnik	1968	Ranqueles. Los Toldos. Provincia de Buenos Aires	103	31,3-35,8	No se estimó	Grupos sanguíneos (1)
Fink de Cabutti y Palatnik	1975	Tobas. Fortín Lavalle. Provincia del Chaco	102	2,0	No se estimó	Grupos sanguíneos (2)
Carnese <i>et al.</i>	1993	Mapuches. Blancura Centro. Provincia de Río Negro	95	6,3	No se estimó(*)	Grupos sanguíneos (3)
Carnese <i>et al.</i>	1995	Tobas, Chorotés, Wichis, Chanés, Chiriguano (**) Mapuches	1298 376	2,0-6,0 7,0-9,0	No se estimó No se estimó	Grupos sanguíneos. Hemoglobina. Haptoglobinas y Transferrinas (4)
Carnese <i>et al.</i>	1996	Mapuches. Blancura Centro. Provincia de Río Negro	211	7,0	No se estimó	Grupos sanguíneos. Enzimas eritrocitarias. Proteínas no enzimáticas y proteínas séricas. (5)
Dipierri <i>et al.</i>	2000	San Salvador de Jujuy	53	0,11	3,4	Gm, GC, PI y TF
		Tilcara	53	0,07	3,3	
		Abra Pampa	48	0,03	0,0	

AUTORES	AÑO	POBLACIONES INDÍGENAS	N	FLUJO GÉNICO %		SISTEMAS GENÉTICOS
				EUROPEOS	AFRICANOS	
Goicoechea <i>et al.</i>	2000	Mapuches:				Se emplearon los mismos grupos sanguíneos que en (3)
		Aneón Grande (AG)	74	7,0	No se estimó	
		Blancura Centro (BC)	211	6,0	No se estimó	
		Cerro Policia (CP)	188	12,0	No se estimó	
		Aguada Guzmán (AGu)	108	13,0	No se estimó	
		Mapuches	97	11,0	7,0	
Goicoechea <i>et al.</i>	2001	Tehuelches	29	7,0	0,0	Grupos sanguíneos, Proteínas no enzimáticas. Enzimas eritrocitarias y séricas (6)
		Choroties	20	2,0	0,0	
		Wichis	72	3,0	0,0	
		Tobas	9	4,0	0,0	
		Mapuches (AG, BC, CP y AGu).	195	27,0	0,8	
Carnese <i>et al.</i>	2003	Tehuelches. El Chaliá. Provincia de Chubut	66	10,0	0,3	Sistemas Gm/Km

(1) Se determinaron los grupos sanguíneos ABO, Rh, MINSs, Duffy, Diego, Kell-Cellano. Para la estimación de mezcla génica se emplearon solo los alelos ABO* A y RH* cde, con resultados similares: 31,3% y 35,8%, respectivamente.

(2) Se determinaron todos los grupos sanguíneos señalados en (1) y se agregó la tipificación de los sistemas P y Kidd. Para la estimación de mezcla génica se empleó el alelo ABO* A.

- (3) Se determinaron nueve sistemas grupales sanguíneos: ABO, Rh, MNSs, Duffy, Diego, Kell-Cellano, Lutheran, Kidd y P.
- (4) Se determinaron seis sistemas grupales sanguíneos: ABO, Rh, MNSs, P, Diego y Duffy. Además, se tipificaron la hemoglobina, las haptoglobinas y las transferrinas.
- (5) Se determinaron nueve sistemas de grupos sanguíneos como los indicados en (3), además, ocho enzimas eritrocitarias: glucosa-6-fosfato deshidrogenasa, fosfogluconato deshidrogenasa, fosfoglucomutasa 1 y 2, adenilato kinasa, fosfatasa ácida, fosfatasa fosfogluconato, esterasa D y glioxalasa. Cuatro proteínas séricas: albúmina, ceruloplasmina, transferrinas y haptoglobinas. Se tipificó también la hemoglobina.
- (6) Se determinaron los mismos marcadores genéticos que los señalados en (4), más la tipificación de fosfogluconato fosfatasa.
- (*) Si bien no se estimó el porcentaje de mestizaje con africanos, la elevada frecuencia del alelo cDe (11%) del sistema grupal sanguíneo Rh sugirió flujo génico con subsaharianos (Carnese *et al.*, 1993: 36). Posteriormente el porcentaje de participación africana fue estimado en 7% (Goicoechea *et al.*, 2001). Datos tomados de los siguientes autores; Matson *et al.*, 1969; Cabutti y Palatnik, 1975; Pagés Larraya *et al.*, 1978; Haas *et al.*, 1985; Carnese *et al.*

Tabla 5.
Matrimonios y datos migratorios de poblaciones indígenas de Patagonia y Chaco

Tipos de matrimonio y datos migratorios	MAPUCHE*								TEHUELCHE*		TOBA**	
	Blancura Centro		Anecón Grande		Cerro Policia		Aguada Guzmán		El Chalia		Fortín Lavalle	
	N	%	N	%	N	%	N	%	N	%	N	%
Clasificados por lugar de nacimiento												
Ambos del mismo poblado	38	68	8	42	6	14	3	14	18	82	67	85
Uno de otra población	14	25	8	42	9	22	7	32	4	18	12	15
Ambos de otra población	4	7	3	16	27	64	10	54	--	--	--	--
Número total de matrimonios	56	100	19	100	42	100	20	100	22	100	79	100
Número de localidades que contribuyen con inmigrantes	13		9		25		9		4		--	--

Tipos de matrimonio y datos migratorios	MAPUCHE*								TEHUELCHÉ*		TOBA**	
	Blancura Centro		Anecón Grande		Cerro Policía		Aguada Guzmán		El Chalía		Fortín Lavalle	
	N	%	N	%	N	%	N	%	N	%	N	%
Clasificados por grupo étnico												
Indígena x indígena	49	87	13	72	7	19	4	21	11	50	33	85
Indígena x mestizo	7	13	1	6	10	26	5	26	9	41	6	15
Mestizo x mestizo	0	0	4	22	21	55	10	53	2	9	0	0
Total	56	100	18	100	38	100	19	100	22	100	39	100
Immigrantes												
Hombres	10	50	6	46	31	49	14	52	2	50	4	40
Mujeres	10	50	7	54	32	51	13	48	2	50	6	60
Migrantes												
Hombres	20	40	24	51	38	59	19	63	16	36	7	77
Mujeres	30	60	23	49	26	41	11	37	28	64	4	33
Tamaño efectivo de la población (Ne)	51		29		44		41		27		57	
Tasa de migración (m)	0,32		0,58		0,85		0,85		0,18		0,151	
Índice de aislamiento reproductivo (Nem)	16		16		37		35		5		8,6	

Tamaño total de la población: Blancura Centro, 211; Anecón Grande, 74; Cerro Policía, 188; Aguada Guzmán, 108; El Chalía, 95; Fortín Lavalle, 214.

* Datos de Carnese *et al.* 1996.

** Datos de Fink de Cabutti y Palatnik, 1975.

que significó, entre otras acciones represivas, el desmembramiento de la Unidad de Genética Serológica que dirigía el Dr. Marcos Palatnik y la expulsión de la Facultad de la mayoría de los investigadores que formaban parte de ese equipo de trabajo.

4. Segunda etapa

Con el advenimiento de la democracia, el enfoque dado por esa Unidad de Genética Serológica fue seguido por nuestro equipo de investigación. Con esa misma perspectiva, también, se desarrollaron estudios en la Universidad Nacional de Salta, a través del grupo de trabajo liderado por Noemí Acreche.¹⁴ Hacia finales de la década de 1980 se retomaron los estudios genético-poblacionales en comunidades indígenas de la Argentina con esa orientación.

Una población qom¹⁵ que migró desde distintas localidades del Chaco argentino¹⁶, a Villa Iapi, Quilmes, provincia de Buenos Aires, fue estudiada de manera integral, tanto para cubrir las necesidades de salud mediante estudios de nutrición, clínicos y de laboratorio, como para evaluar las características demográfico-genéticas de la comunidad.¹⁷

14 Mutchinick y Castilla (1970) también realizaron un estudio sobre grupos sanguíneos y genealogías entre los mapuches de Chiquillihuín, provincia de Neuquén, pero, posteriormente los autores desarrollaron otras líneas de investigación.

15 En otras partes del texto aparece como toba, respetando el término que emplearon otros autores en sus artículos.

16 La mayor parte de los migrantes provenía de Roque Sáenz Peña, Quitilipi, Machagai, Makallé, Laguna Blanca, Puerto Tirol y Resistencia, todas localidades de la provincia del Chaco. Esta investigación se realizó en colaboración con los Hospitales de Quilmes e Italiano de Buenos Aires.

17 Estos trabajos fueron publicados en la *Revista Argentina de Transfusión* (Carnese y Goicoechea, 1990); en la *Revista Brasileira de Genética* (Carnese, 1992); en *Archivos Latinoamericanos de Nutrición* (Guimarey et al., 1993); en *American Journal of Physical Anthropology* (Pucciarelli et al., 1993) y en *Ciencia Hoy* (Pucciarelli et al., 1996).

En este trabajo no se estimó el grado de flujo génico con poblaciones alóctonas, aunque estos migrantes mantenían algunas características propias de una población indígena americana, con altas frecuencias de los alelos DI*A (0.101) y FY*A (0.813). Sin embargo, de los cincuenta y siete individuos estudiados, trece eran de grupo sanguíneo A, lo que suponía la existencia de mestizaje con no indígenas. Los datos genealógicos certificaron esa presunción, dado que, de los seis hombres portadores de ese antígeno, tres eran criollos y los otros tres mestizos, casados con mujeres tobas. Por esa razón los alelos ABO*0 y RH*cde presentaban frecuencias que los alejaba de las típicas de amerindios (0,878) y (0,867), respectivamente (Carnese y Goicoechea, 1990: 151-152).

Posteriormente, nuestro equipo de trabajo analizó comunidades mapuches ubicadas en diferentes localidades de la provincia de Río Negro: Blancura Centro (BC), Cerro Policía (CP) y Aguada Guzmán (AGu), en el Departamento del Cuy, Anecón Grande (AG), en el Departamento de 25 de Mayo y entre los tehuelches de El Chaliá, en el Departamento de Alto Río Senguer, al sudoeste de la provincia del Chubut. En la Tabla 3, como ya habíamos mencionado, se presentan las frecuencias génicas de los nueve sistemas grupales sanguíneos determinadas en esas poblaciones, y en la Tabla 4 los porcentajes de flujo génico con europeos y africanos.

Siguiendo los datos de esta Tabla, puede observarse que los mapuches registraron variaciones respecto de los porcentuales de mestizaje con europeos. En los primeros estudios (Carnese *et al.*, 1993: 35; 1996: 37; Carnese, 1995: 654; Goicoechea *et al.*, 2000: 516), no se estimó el grado de participación subsahariana en el acervo génico de esas poblaciones; sin embargo, la elevada frecuencia del alelo RH*cDe (7,0-18,0%, ver Tabla 3) sugería la presencia de mestizaje con subsaharianos. Posteriormente, el porcentaje de flujo génico ofreció valores del 7,0% (Goicoechea *et al.*, 2001: 138).

En la Tabla 2, puede observarse que ese alelo RH*cDe es muy frecuente en africanos y presenta baja prevalencia en amerindios y europeos.

Es interesante destacar que, a pesar de que estas poblaciones pertenecían al mismo grupo étnico, se observaron diferencias a nivel demográfico y genético. Las causas que determinaron esas disimilitudes se debieron, seguramente, a un proceso diferencial de mestizaje. Con el auxilio de otras variables como las demográficas se pudieron explicar, en parte, las causas determinantes de las variaciones genéticas detectadas. Veamos algunas de ellas.

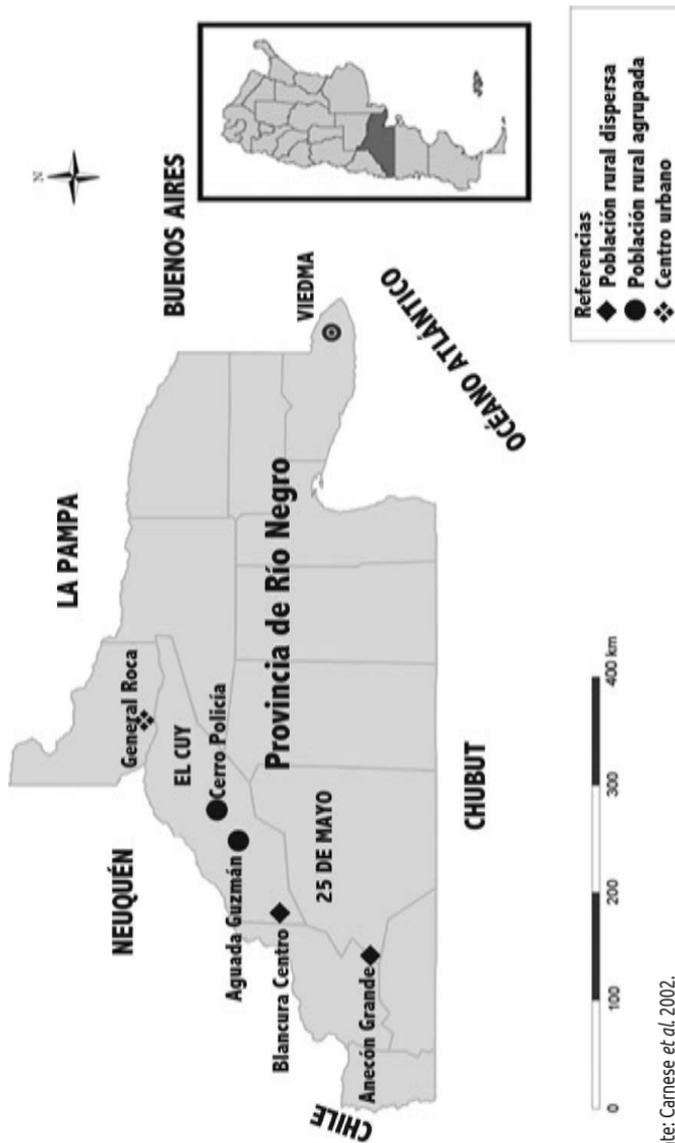
Las poblaciones de (BC) y (AG) tienen un patrón de asentamiento disperso y no comparten el hábitat con no aborígenes, mientras que en (CP) y (AGu) la categoría del asentamiento es de tipo aglomerado, las poblaciones tienen más contacto con grupos no indígenas y habitan en regiones cercanas a centros urbanos como General Roca¹⁸.

Entre otros datos demográficos, se analizaron los tipos de matrimonios que fueron clasificados según el lugar de nacimiento y el origen étnico de los cónyuges (Tabla 5). Si observamos esa Tabla podemos constatar que las uniones endogámicas eran proporcionalmente más elevadas en BC y AG que en CP y AGu, mientras que los matrimonios interétnicos presentaron porcentajes marcadamente más bajos en las dos primeras poblaciones. Era de esperar, entonces, que las comunidades de BC y AG presentaran mayores prevalencias de alelos de origen amerindio que las poblaciones de AGu y CP.

Efectivamente, los sistemas ABO y Duffy han sido informativos y concordantes respecto de los datos demográficos mencionados, dado que en las poblaciones dispersas son más

18 Es interesante señalar que la mayor distancia entre esas localidades no supera los 215 km. En el mapa puede verse que la mayor distancia se da entre Anecón Grande y Cerro Policía.

Figura 1.
Distribución geográfica de las localidades mapuches de Río Negro y del Chubut.



Fuente: Carnese *et al.* 2002.

elevadas las frecuencias de los alelos ABO*O y FY*A. La baja frecuencia del alelo DI*A es una característica de los mapuches, no obstante esa prevalencia es mayor en BC y AG que en CP y AGu (Tabla 3).¹⁹

Por otro lado, el caso de la población tehuelche de El Chaliá merece un comentario aparte, dado que presenta algunas características similares a las de BC y AG en referencia al tipo de asentamiento y elevada endogamia (82%), pero difiere marcadamente respecto del alto porcentaje de matrimonios interétnicos (41%). Sin embargo, esa proporción no ha sido producto de una elevada movilidad poblacional, ya que el ingreso de inmigrantes a la comunidad fue muy bajo (Tabla 5), sino consecuencia de la participación de individuos de origen europeo durante la fundación del asentamiento. Debido a ello, era de esperar una disminución de la frecuencia del alelo ABO*O y la presencia de individuos Rh negativo por influencia europea; sin embargo, ABO*O presentó una elevada prevalencia (0,968), superior a la observada entre los mapuches de BC y AG y, además, todos los individuos eran Rh positivo (Tabla 3). Una explicación de esa discordancia entre los datos demográficos y genéticos la proporcionó el análisis de las genealogías, puesto que, siguiendo el linaje de los descendientes de europeos, se pudo constatar que estos eran de grupos sanguíneos O y Rh positivo, y en un solo caso se observó la presencia del alelo ABO*A (Carnese *et al.*, 2002: 133). Es por esa razón que, a pesar de existir una elevada proporción de uniones biológicas interétnicas, las frecuencias alélicas de esos sistemas eran similares a las detectadas en poblaciones amerindias. Estas observaciones nos invitan, nuevamente, a remarcar la

19 Para la estimación del flujo génico se consideró como parental aborigen a los mapuches de Pedregoso (Etcheverry *et al.*, 1967), por pertenecer al mismo grupo étnico de las poblaciones estudiadas y por registrar baja o nula presencia de marcadores genéticos alóctonos, mientras que la parental española se obtuvo a partir de las frecuencias génicas presentadas por Valls (1975: 111-130).

necesidad en estas investigaciones de articular la información biológica con los datos etnohistóricos, históricos y demográficos de las comunidades que son estudiadas desde una perspectiva genético-poblacional.

En una investigación más reciente, mediante la determinación de 23 sistemas genéticos,²⁰ se volvieron a analizar las mismas poblaciones de la Patagonia más tres comunidades del Chaco argentino: chorotí, wichi y toba de la localidad de Santa Victoria Este, Departamento Rivadavia, provincia de Salta (Goicoechea *et al.*, 2001: 136-137).²¹

Si volvemos a observar la Tabla 4, vemos que, en este trabajo, la estimación del flujo génico con no indígenas, sumado al conjunto de las poblaciones mapuches, fue del 11%, seguramente por influencia de los grupos más exogámicos como los de AGu y CP. Además, ya habíamos señalado, anteriormente, que la alta frecuencia del alelo RH*cDe en estos grupos sugería la participación de africanos en su composición genética, lo cual explica el valor del flujo génico obtenido con ese componente (7%).

En cambio, los tehuelches, chorotíes, wichis y tobas no registraron flujo génico con africanos pero sí con europeos, con rangos de variación que van del 2% en los chorotíes al 3%, 4% y 7% entre los wichis, tobas y tehuelches, respectivamente.

20 En esta investigación las poblaciones mapuches (BC, AG, CP y AGu) se unificaron en un solo grupo y las frecuencias génicas para cada sistema genético fueron obtenidas mediante un promedio ponderado de las mismas. Es importante remarcar que, en nuestros estudios, no se observaron variaciones significativas cuando se emplearon indistintamente 9, 22 o 23 sistemas genéticos. Hemos podido comprobar que 6 o 7 sistemas serológicos como: ABO, RH, MNSs, Duffy, Diego y Gm-Km son muy informativos a la hora de estimar mestizaje, tanto en poblaciones indígenas como cosmopolitas. Esta información se potencia, aún más, si los sistemas Diego y Duffy se determinan a nivel molecular.

21 Goicoechea *et al.* tomaron los datos de los parentales indígenas de Bortolini *et al.* (1995) y Salzano y Callegari-Jacques (1988); las europeas, principalmente de españoles e italianos, de Roychoudhury y Nei (1988) y Valls (1975), y las africanas fueron recabadas de los trabajos de Bortolini *et al.* (1995) y Roychoudhury y Nei (1988).

Lamentablemente, no hemos podido recabar información demográfica y genealógica de las poblaciones del Chaco argentino como para confrontarla con los datos genéticos. De todas maneras, podemos sostener que en esos grupos el grado de mestizaje con poblaciones no aborígenes parece ser bajo y similar al detectado entre los mapuches de Blancura Centro y Anecón Grande, que presentaban una elevada endogamia y baja proporción de matrimonios interétnicos. En efecto, en uno de nuestros trabajos (Carnese, 1995: 654) se constató que las poblaciones del Chaco tienen baja proporción de mestizaje con grupos alóctonos. En ese estudio, salvo para el caso de los mapuches de Blancura Centro, los datos fueron obtenidos de otros autores que estudiaron distintas comunidades de la región chaqueña como los tobas, chorotíes, wichis, chanés y chiriguano. Estos registraron una baja presencia europea en el acervo génico de esas poblaciones, dado que los porcentajes de flujo génico presentaron un rango de variación del 2% al 6% (Tabla 4). Estos resultados fueron similares a los detectados en el trabajo de Goicoechea *et al.* en 2001.

Por otra parte, es importante destacar que las mismas poblaciones mapuches y tehuelches, cuando fueron analizadas mediante la determinación de los sistemas Gm-Km, presentaron un 27% y 10%, respectivamente, de flujo génico con europeos, valores que diferían de las estimaciones realizadas mediante el empleo de nueve sistemas genéticos.²²

No obstante, con estos marcadores se pudo detectar, aunque en baja frecuencia, presencia africana en ambos

22 Estas diferencias pueden deberse a que la muestra de los mapuches que se empleó para la determinación de los sistemas Gm/Km fue más pequeña que la utilizada en el estudio de Goicoechea *et al.* en 2000 quienes, además, usaron otros marcadores genéticos. Por otra parte, debemos considerar que para la tipificación de las inmunoglobulinas Gm/Km no se incluyeron, por falta de material biológico, individuos que habían sido tipificados como Duffy*null, alelo que es muy frecuente en poblaciones subsaharianas. Si estos individuos hubieran participado de esa estimación de mestizaje, el porcentaje de presencia africana podría haber sido mayor. Estos resultados se presentan en la Tabla 4.

grupos: mapuches (0,08%) y tehuelches (0,03%) (Carnese *et al.*, 2003: 71, Tabla 4).

En efecto, los datos etnohistóricos revalidan la presencia del componente africano en la región patagónica. En el Registro de Matrimonios de la Parroquia de Nuestra Señora del Carmen de Río Negro, en el Fuerte de la Capilla de la ciudad de Carmen de Patagones, se registraron, entre 1780 y 1835, 250 matrimonios: 42 (17%) fueron entre africanos, 17 (7%) entre africanos e individuos de diversos orígenes, de los cuales 9 (4%) eran indígenas. Estos datos obtenidos por un miembro de nuestro equipo de trabajo (Alicia L. Caratini) no solo reflejan una importante presencia de africanos subsaharianos en esa región sino, también, de uniones biológicas con aborígenes (Carnese *et al.*, 2002: 132).

En el noroeste argentino, el equipo de investigación dirigido por la Dra. Acreche, también estudió, con un enfoque demográfico-genético, diversas poblaciones de la Puna argentina. Si bien no realizó una estimación del grado de mestizaje, sus contribuciones fueron relevantes y aportó al conocimiento biodemográfico de las poblaciones de la región. En Santa Rosa de los Pastos Grandes y Tolar Grande en el Departamento Los Andes, y en Cobres en el Departamento de La Poma, en la provincia de Salta, analizó siete sistemas grupales sanguíneos y observó elevadas frecuencia del alelo ABO*O y RH*D cercanas al 100%, similares a las detectadas en otras poblaciones amerindias de la Argentina y del resto de América. Los datos demográficos fueron concordantes con los genéticos porque la influencia del mestizaje con no aborígenes fue escasa o nula, dado su aislamiento geográfico, como consecuencia de la situación climática, topográfica y productiva de la zona (Caruso *et al.*, 1999a: 231, 1999b: 249).²³ En la ciudad de Salta, también,

23 Uno de los primeros trabajos de este grupo de investigación consistió en analizar las distancias genéticas entre las poblaciones del NOA (Acreche *et al.*, 1996). Además, la autora publicó en 2006 un libro sobre estos temas.

observó una elevada proporción del alelo ABO*O, pero, menor a la detectada en las localidades arriba mencionadas, seguramente porque en esta población el mestizaje con grupos alóctonos ha sido mayor (Albeza *et al.*, 2013: 11). Además, con la misma orientación, pero mediante la determinación de marcadores genéticos moleculares, analizó otras poblaciones del noroeste argentino. Si bien no estimó flujo génico, la distribución de las frecuencias de los STRs autosomales le sugirió la existencia de una preponderante presencia amerindia (Albeza *et al.*, 2002: 129-130; Muñoz *et al.*, 2012: e59).

En la misma región, pero, en la provincia de Jujuy, Dipierri *et al.* (2000: 309) estudiaron 154 personas que habitaban en tres zonas de diferentes altitudes: San Salvador de Jujuy (1.200 m), Tilcara en la Prepuna (2.500 m) y Abra Pampa en la Puna (3.500). Seleccionaron individuos que poseían apellidos autóctonos, determinaron varios marcadores genéticos serológicos y estimaron el mestizaje con españoles y africanos empleando el sistema Gm. Los autores observaron que la mayor proporción de marcadores genéticos alóctonos se registraba en el valle, porcentaje que fue disminuyendo progresivamente en las regiones de mayor altitud debido al menor contacto con grupos no aborígenes (ver Tabla 4).

Resumiendo, el conjunto de los indígenas argentinos registra frecuencias cercanas al 100% de los grupos sanguíneos O y Rh positivo, en tanto que la presencia en su acervo génico de otros antígenos de los sistemas ABO o RH se debe al mestizaje con grupos no aborígenes. Además, comparte variadas prevalencias del alelo DI*A, que es un carácter que está presente en los nativos argentinos y en la casi totalidad de los pueblos originarios de América y ausente en poblaciones europeas y africanas. Este alelo, que es compartido solo con poblaciones asiáticas es, también, importante en los estudios de mestizaje en poblaciones urbanas tanto de la Argentina como del resto de América, dado que

su presencia demuestra el ingreso de antígenos de origen indígena en dichas comunidades.

Se comprobó que la elevada frecuencia del alelo FY*A del sistema Duffy difiere de las observadas en otras poblaciones continentales, principalmente, respecto de las subsaharianas que, por el contrario, registran altas prevalencias del alelo FY*null.

Un hecho importante fue la detección de flujo génico con subsaharianos en poblaciones mapuches y tehuelches. Mencionamos, particularmente, estos marcadores genético-serológicos, porque creemos que, junto con los de los sistemas Gm/Km, son de los más informativos en los estudios de mestizaje, tanto en grupos indígenas como en comunidades urbanas.

Los trabajos presentados en este apartado tuvieron como objetivo aportar datos sobre la composición genética de las poblaciones indígenas argentinas y plantear cómo se deberían llevar a cabo los estudios de mestizaje, según nuestro criterio.

En ese aspecto, el lector ha podido visualizar la importancia que adquiere el hecho de articular los datos genéticos con los socioculturales en estas investigaciones, procedimiento que posibilita lograr una mejor interpretación de la información biológica obtenida.

5. Poblaciones criollas e indígenas estudiadas mediante la determinación de antígenos del sistema HLA

El sistema HLA²⁴ es muy útil para los estudios de mestizaje al ser altamente polimórfico y por presentar una

24 Las siglas en inglés significan *Human Leucocyte Antigens*, y en español, "Antígenos Leucocitarios Humanos". Se lo denomina, también, Complejo Mayor de Histocompatibilidad.

distribución diferencial entre las poblaciones humanas, por lo que se constituye en una excelente herramienta para los estudios genético-poblacionales.²⁵

Las primeras investigaciones se realizaron mediante la aplicación de métodos serológicos. En las serranías cordobesas, se estudió un grupo semiaislado de pastores de origen criollo, que habitaba en la región norte del cerro Champaquí (sierra de los Comechingones). Se determinaron los antígenos HLA (*loci* A, B y C) y se detectaron variantes de origen amerindio y, en dos individuos de los veinticinco estudiados no emparentados, uno de origen africano. Los autores no se sorprendieron ante este hallazgo, dado que Córdoba fue asiento de un número considerable de esclavos de procedencia africana (Giraud *et al.*, 1982: 42). Más adelante, Pirotsky *et al.* (1983: 283) estudiaron la distribución antigénica del *locus* HLA-DR en tobas que habían migrado al conurbano de la ciudad de Buenos Aires y observaron diferencias cuando se los comparó con un grupo control de origen europeo. No se evaluó en este trabajo el mestizaje con no amerindios.

A su vez, los wichis de El Sauzalito, localidad ubicada en la orilla sur del río Bermejo en la provincia del Chaco, fueron estudiados por Vullo *et al.* (1984: 37-39), mediante la determinación de los *loci* HLA, A, B y C. Algunos de los antígenos y haplotipos detectados estaban presentes en cinco poblaciones nativas sudamericanas, con las cuales dicho grupo había sido comparado. En cambio, no observaron antígenos de procedencia europea y africana. Estos resultados concuerdan con los obtenidos con otros

25 Estos antígenos se encuentran localizados en el brazo corto del cromosoma 6, entre las regiones 6p21.31 y 6p21.33. El conjunto de los genes HLA codifica glicoproteínas de membrana y se los clasifica en dos grandes grupos: moléculas de clase I (*loci* A, B y C) y II (*loci* DR, DP, DQ). La función principal de estas moléculas es mediar en la presentación de péptidos antigénicos a los linfocitos T para generar algún tipo de respuesta inmune contra dicho agente (*Manual Técnico*, 1997: 300). Ver, también, Fainboim *et al.* (1999) y Glosario.

marcadores serológicos, que fueron comentados en el apartado anterior, en el sentido de que es escasa la introducción de genes alóctonos en poblaciones indígenas de la región chaqueña.

En la misma época, en el sur de la Argentina, un grupo mapuche de Ruca Choroy, localidad situada a 20 km de la ciudad de Aluminé en la provincia de Neuquén, fue analizado mediante la determinación del antígeno HLA (*loci* A, B y C) y HLA-DR y otros marcadores grupales sanguíneos, entre ellos, los correspondientes a los sistemas ABO y Rh. Los autores (Haas *et al.*, 1985: 310-311) no observaron diferencias significativas cuando sus datos se compararon con los de otras quince poblaciones nativas sudamericanas. Sin embargo, señalaron que las frecuencias de algunos alelos del sistema HLA sugerían la existencia de mestizaje con grupos alóctonos. Además, es significativa la elevada prevalencia del alelo RH*cde (18,0%), seguramente de origen europeo, teniendo en consideración, como ya sabemos, que los amerindios presentan valores cercanos al 100% de individuos Rh positivo.

Estas primeras investigaciones sobre el sistema HLA aportaron información suficiente para detectar variaciones genéticas entre poblaciones de diferentes procedencias geográficas, así como también, similitudes y diferencias entre los nativos americanos. Sin embargo, los resultados obtenidos mediante el empleo de este sistema deben ser analizados con cautela, dado que ciertos alelos están sometidos a la acción de la selección natural, lo cual puede oscurecer los intentos de establecer relaciones o afinidades biológicas entre las poblaciones.²⁶

26 Más adelante desarrollaremos los aportes, a nivel molecular, del sistema HLA en los estudios de mestizaje.

6. Los aportes de la biología molecular

Es a partir de la década de 1990 cuando comienza a percibirse en la antropología biológica la incorporación de técnicas moleculares para caracterizar las estructuras demográfico-genéticas de las comunidades indígenas. Se comenzó analizando diversos marcadores genéticos uni y biparentales: ADN mitocondrial, cromosoma Y, Sistema HLA, polimorfismos de inserción cortos o largos (*Short or Large, LINE*), longitud de fragmentos polimórficos de restricción (RFLP), pequeñas secuencias de nucleótidos repetidos en tándem o microsatélites (*Short tandem repeats, STRs*), polimorfismos nucleotídicos simples de sustitución (*Single nucleotide polymorphisms, SNPS*) y número de variables de nucleótidos repetidos en tándem (*Variable number of nucleotide tandem repeats*)²⁷ (ver Glosario).

Comenzaremos por describir algunos de estos marcadores genéticos moleculares, así como también su aplicación en los estudios genético-poblacionales.

El ADN mitocondrial (a partir de ahora ADNmt) está contenido en un orgánulo del citoplasma celular, la mitocondria. Es una molécula pequeña, circular, de 16.569 pares de bases que está presente en cantidades que van de cientos a miles de copias por célula.²⁸ Se hereda por línea materna y tiene una elevada tasa de mutación, diez o más veces superior al ADN nuclear. Además, a diferencia del ADN nuclear que intercambia material genético entre cromosomas homólogos durante la meiosis, en el ADN mitocondrial no se da ese proceso, por lo tanto, el material genético se trans-

27 Lo hemos traducido al inglés porque en general suele aparecer con las siglas de ese idioma en la bibliografía bioantropológica. Para una mejor comprensión de esos términos ver las definiciones en el Glosario.

28 El ADNmt tiene treinta y siete genes que codifica para trece proteínas, mientras que el ADN nuclear presenta un total de 20.000-25.000 genes.

mite a la descendencia como un bloque de genes ligados, siendo las mutaciones la única fuente de variación. Todas estas características hacen del ADNmt un instrumento adecuado para rastrear los ancestros femeninos hacia generaciones pretéritas.

Además, su utilización permite detectar parentescos entre grupos de individuos, caracterizar a las poblaciones humanas y seguir las rutas del poblamiento humano en diversas regiones del mundo.

Las investigaciones realizadas en el continente americano permitieron confirmar el origen asiático de los amerindios y determinar el número de linajes mitocondriales fundadores de América.²⁹ Los primeros estudios sobre esta temática datan de mediados de la década de 1980, con Wallace *et al.* (1985), Cann *et al.* (1987) y continuaron, entre otros, con Schurr *et al.* (1990), Torroni *et al.* (1993) y Horai *et al.* (1993).

En estas investigaciones se constató que los nativos americanos presentaban cuatro haplogrupos mitocondriales fundadores de origen asiático: A, B, C y D³⁰ y sus variantes autóctonas: A2, B2, C1 y D1. Posteriormente, Forster *et al.* (1996: 918) y Brown *et al.* (1998: 1855-1856) describieron un quinto haplotipo fundador denominado X presente en amerindios norteamericanos, pero ausente en el resto de los nativos de América.

En la actualidad debido al desarrollo de técnicas de alta resolución, como la secuenciación de segmentos y la del genoma mitocondrial completo, se pudo demostrar la presencia de una mayor diversidad, que posibilitó describir varios subhaplogrupos dentro de cada grupo monofilético

29 En realidad el ADNmt y otros marcadores moleculares confirmaron el origen asiático de las poblaciones americanas, dado que esa relación ya había sido propuesta a partir de la información obtenida por la genética serológica y la arqueología.

30 En base a evidencias genéticas y arqueológicas, se ha postulado a las regiones de Altai o Amur en Siberia, al norte de Mongolia, como los lugares de origen más probable de las poblaciones americanas (Goebel *et al.*, 2008: 1500).

y distinguir y nominar los clados americanos y sus grupos hermanos asiáticos (ver Bravi, 2013: 48).

Hoy se admite que el *Homo sapiens* que salió de África y que pobló el resto de los continentes poseía el superhaplogrupo mitocondrial L3 que se originó en África Oriental y del cual derivan los haplogrupos M y N. El primero parece que surgió en la India y se distribuyó por las regiones del sur, centro y oriente de Asia, mientras que el segundo se extendió por Eurasia Occidental. En América los haplogrupos A2, B2, X2a y X2g pertenecen a N, en cambio C1, C4c, D1, D2, D3 y D4h3a, corresponden a M. Los haplogrupos A, C y D se difundieron por Siberia y América. De los portadores de R surgió el haplogrupo B que, probablemente, llegó a América por una migración bordeando el océano Pacífico (Pauro *et al.*, 2010: 49; Bravi, 2013: 48).

Esta diversidad, sin embargo, es la más baja comparada con la existente en otros continentes, así por ejemplo, en las poblaciones del este y nordeste asiático es posible distinguir por lo menos cuarenta haplogrupos, con el linaje D que presenta hasta veintitrés subhaplogrupos (Bravi, 2013: 48).

A diferencia del ADN mitocondrial, los polimorfismos del cromosoma Y se heredan por vía paterna y permiten, también, distinguir linajes a nivel continental.³¹

Una de las características de este cromosoma, igual que el ADN mitocondrial, es su baja variabilidad en nativos americanos, dado que, entre los grupos que registran escaso o nulo intercambio génico con no indígenas, aproximadamente, el 80-90%, presenta la mutación M3 que define al subhaplogrupo amerindio Q1a3a.

31 En la década de los 90 comenzaron a determinarse distintos polimorfismos del cromosoma Y (microsatélites, un inserto Alu y SNP, ver Glosario) y su correlación geográfica continental, lo que permitió distinguir linajes de origen africano, europeo, asiático y amerindio (Roewer *et al.*, 1992; Hammer *et al.*, 1994; Seielstad, *et al.*, 1994).

Este polimorfismo está ausente en otras poblaciones del mundo, por esa razón es muy útil para evaluar el mestizaje en grupos urbanos, tanto de la Argentina como del resto de los países de América, dado que su detección nos indica la participación indígena en el acervo génico de dichas poblaciones.

Sin embargo, la situación es más compleja porque hay otros polimorfismos que son ancestrales o derivados de ese subhaplogrupo. En la siguiente llamada a pie de página se describen algunas de esas variantes polimórficas. Para aquellos interesados en profundizar este tema se puede consultar el artículo de Bravi (2013).³² En este trabajo se aclara el sistema de nomenclatura para los clados de NRY (región no recombinante del cromosoma Y).³³

En amerindios, el mestizaje con no aborígenes se explica por la presencia de haplogrupos alóctonos de origen

32 Bravi (2013: 50) —citando a Seielstad *et al.* (2002)— dice que estos autores “describieron el polimorfismo M242, compartido por patrilinajes asiáticos y americanos, y ancestral a la mutación M3. Este marcador define al haplogrupo Q, que en América está presente en dos grupos de cromosomas Y: por un lado, en el antes mencionado grupo monofilético Q1a3a y, por el otro, en el grupo parafilético Q(xM3)3, que probablemente reúne al grupo hermano de los linajes Q1a3a y que no tiene tan amplia distribución ni alcanza tan elevadas frecuencias como Q1a3a. Continuando con estos comentarios, Bravi menciona que “recientemente, Bailliet *et al.* (2009: 578-582) afinaron la ubicación de estos linajes en la filogenia del haplogrupo Q* al demostrar que los 22 individuos Q(xM3) presentes en una colección de 345 cromosomas Y asignables a Q —derivados de poblaciones indígenas y mestizas de la Argentina, Chile, Paraguay y Bolivia—, eran también portadores del marcador M346 —polimorfismo que es inmediatamente ancestral a M3— y por lo tanto asignables al clado parafilético Q1a3*. Los linajes Q1a3* solo representaron el 7% de los cromosomas Q* sudamericanos analizados por Bailliet *et al.*, quienes también los hallaron en indígenas de los EE.UU. Estos linajes han sido informados, además, en mestizos ecuatorianos y en poblaciones euroasiáticas como han y hui de China, uighures y kazakos de Asia Central, khantys de Rusia, pakistaníes, indios y árabes sauditas, entre otros.

33 Dice así: “El sistema de nomenclatura para clados de la NRY es esencialmente el mismo que el adoptado para el ADNmt: las divisiones mayores se designan con letras mayúsculas y los grupos anidados se distinguen por la alternancia de números y letras. Para designar grupos parafiléticos se utiliza el sistema ‘N (xMut)’, donde N es cualquier letra que designa un haplogrupo y la expresión entre paréntesis indica la mutación ausente en ese paragrupo. El grupo de linajes Q(xM3) está formado por todos los linajes Q que carecen de la mutación M3”.

predominantemente europeo, de los cuales los más frecuentes son R F y los de menor prevalencia son DE, K, y P. Estas características diferenciales, a nivel geográfico, de los marcadores genéticos uniparentales nos posibilita comprender el origen de los mismos y los procesos de mestizaje que se han dado tanto en poblaciones nativas como cosmopolitas de la Argentina.

7. Los primeros estudios en nuestro país. Marcadores genéticos uniparentales

a) ADN mitocondrial

En poblaciones indígenas de la Argentina, la primera investigación se realizó en la comunidad mapuche de Anecón Grande que fue analizada mediante la determinación de los polimorfismos del ADN mitocondrial, entre otros marcadores genéticos. Esta población presentaba los cuatro haplogrupos fundadores de América: A, B, C y D característicos de las poblaciones amerindias (Ginther *et al.*, 1993: 214-215, Tabla 6). La presencia de estos linajes en mapuches ubicados en el extremo sur del continente americano se corresponde con los existentes en otras poblaciones nativas de América, lo cual sugiere que hubo una rápida difusión de los amerindios desde el norte hacia el sur de América y, aparentemente, un origen común de todos ellos. Por esa razón, se postuló que la costa del Pacífico pudo haber sido una de las principales rutas migratorias de los primeros pobladores de América, quienes habrían partido de Asia hace, aproximadamente, 30.000-15.000 años.

En otro estudio, realizado sobre varias poblaciones indígenas americanas, en el que se incluyó a un grupo wichi, se detectaron tres (A, B y D) de los cuatro haplogrupos

fundadores (Torrioni *et al.*, 1993: 574-575; 579-582). Al año siguiente, Bailliet *et al.* (1994: 30) estudiaron las poblaciones mapuches de Cerro Policía y Aguada Guzmán de la provincia de Río Negro, huilliches de San Juan de la Costa y atacameños de San Pedro, localidades ubicadas en el sur y norte de Chile, respectivamente.³⁴ En este trabajo se detectaron los cuatro linajes mitocondriales amerindios, con la excepción de los atacameños que no presentaron el haplogrupo D, pero sí un elevado porcentaje del haplogrupo B (69,2%). Además, los autores revelaron la presencia de linajes mitocondriales, supuestamente alóctonos que denominaron E, los cuales presentaban una frecuencia muy elevada en Europa (93%), pero, también en Asia (75%).

Esto dio lugar a discusiones entre especialistas, dado que si esos haplogrupos eran de origen asiático y no consecuencia de mestizaje con europeos deberían ser considerados, también, fundadores de América. En principio se pensó que el haplogrupo E podría ser de origen asiático, porque según los datos genealógicos en mapuches —que fue la única población en la que estos datos habían sido analizados— no registraban la presencia de ancestros no aborígenes hasta dos generaciones precedentes. Para definir esa controversia se calcularon los porcentajes de flujo génico, empleando los grupos sanguíneos ABO, Rh, Kell y Lutheran, los cuales ofrecieron valores de mestizaje con europeos del 12%, 5% y 5% en mapuches, huilliches y atacameños, respectivamente, descartándose la idea del origen asiático de esos haplogrupos alóctonos.

Las diferencias porcentuales detectadas entre los mapuches y las poblaciones de origen chileno se explicarían porque solo los primeros presentaban el haplogrupo E.

34 Todos estos estudios se realizaron mediante el análisis de la longitud de fragmentos polimórficos de restricción (RFLP).

Además, en estas y en posteriores investigaciones se pudo demostrar que la frecuencia de los diferentes haplogrupos mitocondriales varía según el origen geográfico y étnico de los amerindios (ver Tabla 6). Por ejemplo, el haplogrupo B presenta elevados porcentajes en toda la región andina como los puneños de la provincia de Jujuy, los atacameños del norte de Chile y las poblaciones de las tierras altas del Departamento de Ancash en Perú (Bailliet *et al.*, 1994: 30; Dipierri *et al.*, 1998: 1006; Lewis *et al.*, 2005: 355). Esta característica se observó, también, entre los mapuches de la Argentina que, si bien habitaron y habitan en la estepa patagónica, son de origen andino.

Tabla 6.
Marcadores genéticos moleculares uniparentales en amerindios

Autores	Poblaciones amerindias	N	Amerindio %					No amerindio %	
			ADNmt (a)					Cr. Y	Cr. Y
			A	B	C	D	Otros(b)		
Altuna y Demarchi, 2003	Mbyá-guaraní (provincia de Misiones)	46	47,8	32,6	9,0	9,0	2,0		
Bailliet <i>et al.</i> , 1994	Mapuche (Río Negro)	58	5,3	31,0	20,6	29,3	13,7		
	Huiliche (Chile)	38	5,3	28,9	18,4	47,4	-		
	Atacameño (Chile)	13	23,1	69,2	7,7	0,0	--		

En el Chaco argentino, ese haplogrupo también, aunque en menor proporción, registra alta prevalencia entre los

pilagás, tobas, wichis y chorotes (Bianchi *et al.*, 1995: 663; Demarchi *et al.*, 2001: 201-202). En cambio, en estos grupos es bajo el porcentaje de A, salvo entre los mocovíes estudiados por Bravi (2004: 74, Tabla 6). El elevado porcentaje de B entre los indígenas chaqueños sería consecuencia, según Demarchi *et al.*, de las relaciones interétnicas con poblaciones de la región andina³⁵, lo cual podría también explicar la alta frecuencia hallada entre los chiriguano que son de origen tupí-guaraní y habitan en Salta (Parolin *et al.*, 2010: 140-141).

Por el contrario, los guaraníes de Brasil analizados por Marrero *et al.* (2007: 306) y los de Misiones estudiados por Altuna y Demarchi (2003: 151) y Sala *et al.* (2010: 443) presentaron elevados porcentajes de A2, lo cual indicaría la existencia de una estrecha relación genética entre estos grupos. No obstante, en el primero de estos dos últimos trabajos se detectó un alto porcentaje del haplogrupo D, mientras que en el segundo fue alta la frecuencia del linaje B.

Como ya habíamos señalado, el haplogrupo B presenta altos porcentajes, principalmente en Perú y en el norte de Chile y la Argentina y en algunas poblaciones chaqueñas. Sin embargo, esas elevadas frecuencias van disminuyendo hacia el sur de esa región, llegando a ser nula su presencia entre los kawéskars y yámanas de Tierra del Fuego (De Saint Pierre *et al.*, 2012: 3). En estas poblaciones tampoco se detectaron los distintos polimorfismos del haplogrupo A, registrándose solo los linajes C (subhaplogrupos C1 y C1b13) y D (subhaplogrupos D1, D1g y D4h3a), hecho comprobable, también, en restos humanos prehispánicos de la misma región (Lalueza *et al.*, 1997: 42).

35 Dada su ubicación geográfica, el flujo génico contribuyó a incrementar la diversidad genética en las poblaciones del Chaco. Por esa razón las distancias genéticas con las demás poblaciones de América del Sur sería menor a las que existen entre poblaciones de otras regiones sudamericanas (Demarchi *et al.*, 2001: 140-141). Sin embargo, Cabana *et al.*, 2006: 116) sostiene que las similitudes observadas entre los nativos del Chaco y de la región andina no están claramente definidas.

En síntesis, casi todas las poblaciones estudiadas presentaron un 100% de haplogrupos mitocondriales amerindios; las excepciones fueron escasas y se manifestaron en dos grupos wichis y en otros de origen toba, pilagá, m'byá guaraní, puneño y mapuche de Río Negro, aunque, en todos estos casos, el ingreso de haplogrupos alóctonos registró bajas proporciones.

Estos resultados nos estarían indicando una baja participación de linajes mitocondriales no amerindios en las muestras poblacionales de las distintas regiones analizadas y, por lo tanto, una reducida participación de mujeres de ese origen en el proceso de mestizaje.

No obstante, se puede sostener, en base a la información obtenida, que sí hubo intercambio génico entre miembros de las distintas comunidades analizadas, como pareció haber acontecido entre los nativos de las regiones andinas y chaqueñas.

b) Cromosoma Y

Si bien a partir de la década de los 90 hubo importantes avances acerca del origen y distribución de los linajes maternos amerindios, no se conocía con profundidad la diversidad y características de los de origen paterno. Para contribuir al conocimiento de la variabilidad de los mismos, Pena *et al.* (1995: 15-16) estudiaron, por primera vez, linajes masculinos de doce poblaciones nativas americanas de la Argentina, Brasil, Chile, Ecuador y México.³⁶ A partir del análisis de los *loci* del sistema alfoide y del microsátelite DYS19, detectaron que la mayoría de los individuos eran portadores de un linaje exclusivo de amerindios, principalmente, de Centro

36 Cinco de ellas eran de la Argentina: mapuche, wichi, chorote, chulupi y toba; dos de Chile: huiliche y atacameña; dos de Brasil: surui y karitiana; una quechua de Perú; una auca de Ecuador y dos yucatec de México.

y Sudamérica. Con la excepción de los mapuches que estaban más mestizados con no indígenas, la frecuencia de ese haplotipo era muy elevada (91%).

Ante estos resultados, los autores consideraron que la baja variabilidad del cromosoma Y fue, probablemente, consecuencia de la disminución de la cantidad efectiva de varones que ingresaron a América, debido a una mayor mortalidad causada por las actividades de caza mayor y pesca. Además, sugirieron que la poliginia pudo haber jugado un rol destacado en grupos humanos numéricamente reducidos, donde hombres dominantes aportaron sus cromosomas Y de manera desproporcionada al acervo génico de los mismos. En este trabajo se estimaron los porcentajes de flujo génico con europeos mediante el análisis de diversos sistemas de grupos sanguíneos: ABO, Rh, MNSs, P, Kidd, Lutheran, Duffy, Diego y Kell. Los mapuches presentaron el porcentaje más elevado (12%), similar al obtenido por Bailliet *et al.* en el trabajo citado más arriba, mientras que las poblaciones del Chaco argentino (wichis, chorotes, chulupies y tobas) registraron valores más bajos (3%), similares a los de los huilliches y atacameños de Chile con el 5% y 3%, respectivamente. Estas estimaciones no se realizaron para el resto de los grupos indígenas estudiados.

Más adelante, Underhill *et al.* (1996: 197) describieron el SNP DYS199*T, similar al descrito por Pena *et al.*, denominado en la actualidad Q1a3a-M3.³⁷

Elevadas frecuencias de ese linaje paterno amerindio fueron observadas en varias poblaciones indígenas del NOA y del NEA; esa prevalencia disminuyó relativamente entre los puneños de la provincia de Jujuy y los tehuelches

37 Como ya hemos visto, la mutación M3 define al subhaplogrupo amerindio Q1a3a que está presente en el 90% de las poblaciones amerindias, aproximadamente. Ver en pp. 93-95 la nomenclatura actual que define a los polimorfismos del cromosoma Y. REVISAR EN LA DIAGRAMACION A QUÉ PÁGINAS CORRESPONDE ESTA REMISIÓN.

de la Patagonia argentina debido, seguramente, al mestizaje con poblaciones no aborígenes (ver Tabla 6).³⁸

A su vez, Bailliet *et al.*, (2011: 4)³⁹ estudiaron 940 individuos varones de diez poblaciones indígenas de la Argentina, Chile y Paraguay y doce que habitan en localidades urbanas de la Argentina. Los datos de estas últimas se describirán más adelante, cuando evaluemos el mestizaje en grupos cosmopolitas.

En las comunidades indígenas los autores estudiaron nueve marcadores de distribución geográfica conocida, lo que les permitió asignar un origen geográfico a los linajes detectados en el estudio. Las poblaciones que presentaron mayor proporción de linajes autóctonos, con un rango de variación que va del 73% al 96%, fueron los ayoreos y lenguas del Paraguay, los wichis, los tobas y los chorotes de Salta y Formosa y los pehuenches de Chile. En cambio, debido a la existencia de un mayor grado de mestizaje con poblaciones europeas, los mocovíes que migraron a la provincia de Santa Fe, los huiliches de Chile, los mapuches de Río Negro y los tehuelches del Chubut presentaron, en términos relativos, menores porcentajes de linajes paternos amerindios: 55,5%, 57,6%, 57,6% y 65,0%, respectivamente (ver Tabla 6).

En síntesis, una de las primeras conclusiones a la que podemos arribar, de acuerdo con la información obtenida sobre la distribución y frecuencia de los marcadores genéticos uniparentales, es que estos presentan una reducida variabilidad en las poblaciones nativas argentinas estudiadas.⁴⁰ Esta observación puede dar lugar a varias interpretaciones

38 Ver en la Tabla 6 los valores porcentuales estimados para las poblaciones del Chaco y de los puneños: Demarchi y Mitchel, 2004: 418-419; Ramallo *et al.*, 2009a: 69; Sala *et al.*, 2010: versión *online*; Bailliet *et al.*, 2011: 4; Dipierri *et al.*, 1998: 1004.

39 Para este estudio los autores tomaron, también, muestras de investigaciones realizadas por Bianchi *et al.* (1997, 1998); Ramallo *et al.* (2009a y b) y Dipierri *et al.* (1998).

40 Esta característica se ha observado en todas las poblaciones amerindias de norte a sur del continente americano.

no incompatibles, sino más bien concordantes entre sí, como el efecto cuello de botella que se produjo en los primeros pobladores al ingresar a América, ya sea desde el estrecho de Bering o por el acceso marítimo a través de la costa oeste de América. Se estima, además, que esos primeros grupos de migrantes asiáticos estaban constituidos por un número reducido de personas, lo cual contribuye a la acción de la deriva génica con pérdida de variabilidad, por efecto fundador. Adicionalmente a este factor microevolutivo, debe sumarse la elevada mortalidad que han sufrido como consecuencia de la acción de los conquistadores europeos y posteriormente de los ejércitos nacionales. Asociada a ello, debemos tener en consideración la disminución del tamaño poblacional por efecto de las epidemias, traslados compulsivos y desnutrición que, entre otras causas, vulneraron a estas poblaciones y originaron un marcado descenso del tamaño efectivo de las mismas y, como consecuencia de ello, una significativa disminución de la diversidad genética.

Actualmente, los estudios de ADN antiguo en grupos indígenas prehispánicos parecieran demostrar que esa variabilidad biológica era relativamente mayor y que la misma pudo haberse reducido por los acontecimientos mencionados en los párrafos anteriores.⁴¹

Por otra parte, la proporción de ADN mitocondrial autóctono fue escasa o nula en casi todas las comunidades estudiadas (Tabla 6). Además, se comprobó la existencia de una distribución geográfica y étnica diferencial de esos linajes, con elevados porcentajes de B en la región andina y, también, en algunas poblaciones del Chaco argentino como consecuencia, probablemente, de mestizaje entre ambos

41 Crespo, en su Tesis Doctoral (2015), detectó, mediante la determinación de ADN antiguo, haplogrupos en poblaciones prehispánicas no revelados en indígenas actuales.

grupos étnicos. Por el contrario, es baja esa proporción entre los guaraníes, quienes presentaron altas frecuencias del haplogrupo A.

En cambio, la presencia de los linajes paternos no amerindios demostró variaciones en casi todas las comunidades nativas. Las frecuencias más elevadas se registraron entre los mocovíes que habitan en la provincia de Santa Fe, los mapuches de la provincia de Río Negro, los tehuelches del Chubut, los puneños y los huiliches de Chile, seguramente, porque en esos grupos hubo un mayor flujo génico con poblaciones de origen europeo (ver Tabla 6).

Por último, es importante mencionar que la caracterización y distribución de los marcadores genéticos uniparentales comentados en este apartado nos permitirá estimar, como veremos más adelante, el origen y el grado de participación de los mismos en el acervo génico de las poblaciones urbanas de la Argentina.

8. Marcadores genéticos moleculares biparentales

Sistema HLA

La relativa baja variabilidad genética de los amerindios ha sido detectada, también, cuando se emplearon marcadores genéticos moleculares biparentales.⁴²

Así, por ejemplo, en el trabajo de Ginther *et al.* (1993: 216-217), que fue citado más arriba, se determinaron en la misma población mapuche de Anecón Grande los polimorfismos del

42 La mayoría de los investigadores concuerda en que las poblaciones nativas americanas presentan, en términos relativos, una baja diversidad genética. Varios estudios que determinaron marcadores genéticos del sistema HLA confirman esas aseveraciones (Trachtenberg *et al.*, 1995; Blagitko *et al.*, 1997; Erlich *et al.*, 1997; Fernández Viña *et al.*, 1997; Salzano, 2002; Tsuneto *et al.*, 2003; entre otros).

sistema HLA, los cuales presentaron una baja variabilidad genética, dado que el 80% de los haplotipos DRB1-DQA1 tipificados pertenecía a cuatro tipos 04-0301 (23%), 08-0401 (16%), 1402-0501 (30%) y 1602-0501 (11%). Los alelos DRB1*1602 y 1402 son comunes en todos los nativos americanos, siendo su prevalencia baja o nula en españoles, chinos y afroamericanos. En cambio, están presentes en poblaciones siberianas, particularmente, el alelo DRB1-1402 que registra elevadas frecuencias entre los eskimo chukotka (24%), udegey (35%), nivkh (42%), chuckchi-chukotka (22%) y koryak (23%). Asimismo, comparten con poblaciones asiáticas otros alelos como DRB1*0403, DRB1*0404, DRB1*1406, DRB1*0802, DRB1*0901 (Parolin y Carnese, 2007: 128).⁴³

Resultados similares se obtuvieron en un trabajo reciente en el que se estudiaron, mediante la determinación de los alelos DRB1 del sistema HLA, poblaciones indígenas de la Argentina: wichis de Santa Victoria Este, provincia de Salta; mapuches de Aguada Guzmán y Cerro Policía de la provincia de Río Negro; tehuelches de la localidad de El Chaliá, provincia del Chubut y un grupo lengua asentado en el Departamento de Boquerón en Paraguay (Parolin y Carnese, 2009: 213-214). Todos los grupos presentaron frecuencias relativamente elevadas de los alelos DRB1*1402, DRB1*0802 y DRB1*1406. Sin embargo, existieron diferencias respecto de otros alelos que fueron detectados entre los grupos patagónicos, pero no en las poblaciones del Chaco. Los datos obtenidos en este trabajo fueron comparados con estudios realizados en comunidades wichis de la provincia de Formosa y Salta (Cerna *et al.*, 1993: 216; Pando, 1998), con tobas de Formosa y de la ciudad de Rosario, provincia de Santa Fe (Cerna *et al.*, 1993: 216; Marcos, 2000: versión *online*) y con una muestra de origen europeo de la provincia de Buenos Aires (Marcos, 2000).

43 Esta información es otra prueba de las relaciones genéticas entre los amerindios y las poblaciones asiáticas.

Se elaboró, entre estas poblaciones, un dendrograma de distancias genéticas y se demostró una pronunciada divergencia entre las poblaciones de las regiones del Chaco y de la Patagonia y del conjunto de estas con la muestra de Buenos Aires. No obstante, con esta última muestra, la distancia con mapuches y tehuelches fue menor, debido al hecho de que estos dos grupos, como ya hemos señalado, presentaron un mayor flujo génico con poblaciones de origen europeo (Parolin y Carnese, 2009: 216-217).

Además, en este estudio se estimaron los valores porcentuales de mestizaje con europeos, registrándose un rango de variación que va del 0% en los wichis de Santa Victoria Este, Chaco argentino, hasta el 22% y 35% entre los tehuelches y mapuches de la Patagonia, respectivamente. Sin embargo, creemos que estos elevados porcentajes están sobrevalorados, dado que se empleó solo el *locus* DRB1 para su estimación. Ya habíamos señalado que las investigaciones sobre mestizaje requieren utilizar un número significativo de marcadores genéticos para obtener datos consistentes, salvo excepciones. No obstante, es válido aclarar que ciertos *loci* si son muy polimórficos pueden ser útiles para detectar mestizaje, pero no su valoración, como es el caso del *locus* analizado en este trabajo.⁴⁴

Anteriormente, habíamos comentado que la población wichi de El Sauzalito había sido estudiada en 1984 por Vullo *et al.* mediante la aplicación de técnicas serológicas para la determinación de antígenos del sistema HLA (*loci* A, B, C). Posteriormente, la misma población, más la incorporación de nuevos integrantes de la comunidad, fue analizada mediante la determinación serológica de otros alelos: HLA-DR y HLA-DQ y adicionalmente las variantes alélicas moleculares de clase II (DPB1, DRB1 y DRB3) (Vullo *et al.*, 1992: 212). Estos autores observaron, también, una reducida variabilidad

44 Para tener un panorama sobre la distribución universal de los alelos del *locus* DRB1, puede consultarse la revisión publicada en la *Revista Argentina de Antropología Biológica* (Parolin y Carnese, 2007).

genética que, en general, fue compartida con otros grupos de amerindios sudamericanos. Por otra parte, pudieron detectar alelos que parecen ser específicos de la región chaqueña y no registraron mestizaje con grupos no amerindios.

9. Otros marcadores genéticos biparentales

Los haplotipos del gen de la beta-globina fueron de los primeros en ser descritos, particularmente, para estudios evolutivos en poblaciones humanas. En un trabajo realizado en 1998 en amerindios del Brasil y la Argentina se identificaron once haplotipos. Entre los mapuches de Anecón Grande, Cerro Policia y Aguada Guzmán, los más frecuentes fueron los haplotipos 2 (57%) y 6 (27%) en concordancia con lo detectado en las otras diez poblaciones brasileñas. Sin embargo, lo más significativo de este estudio fue la detección entre los mapuches del haplotipo 3 (2%) que sugiere mestizaje con grupos africanos, ya que este haplotipo está ausente en casi todos los amerindios y es relativamente común en África subsahariana (Kaufman *et al.*, 1998: 436).⁴⁵

Otros estudios sobre proteínas séricas y del cromosoma Y también confirman la presencia africana en el acervo genético de esas poblaciones (Weidle de Araujo *et al.*, 1995; Bianchi *et al.*, 1997: 82).

En otro sentido, pero, dada su importancia médica, De Andrade *et al.* (2000: 31) estudiaron la distribución genotípica y génica de los alelos de las apolipoproteínas E (APOE) en seis poblaciones nativas sudamericanas en la que se incluyó un grupo wichi que habita en la localidad de Santa

45 En algunos de los trabajos que han sido comentados anteriormente, ya se había verificado en mapuches la presencia de mestizaje superior a la existente en otras comunidades nativas de la Argentina con grupos no aborígenes (Bailliet *et al.*, 1994; Bianchi *et al.*, 1997; Hutz *et al.*, 1997).

Victoria Este, Departamento Rivadavia, provincia de Salta.⁴⁶ La APOE tiene tres alelos APOE*2, APOE*3 y APOE*4 que codifican para tres proteínas isomorfas: E2, E3 y E4. A su vez, estas juegan un importante rol en la regulación de la homeostasis de los lípidos y han demostrado tener influencia sobre los rasgos lipídicos, los riesgos cardiovasculares y el desarrollo de la enfermedad de Alzheimer. APOE*2 y APOE*4 presentan a menudo efectos opuestos en relación al desarrollo de estas enfermedades, siendo el alelo APOE*3 el más frecuente en todas las poblaciones estudiadas. Dada su importancia médica, estos autores se propusieron conocer la distribución de estos alelos en dichas poblaciones sudamerindias. Observaron una elevada frecuencia del alelo APOE*3, seguido de APOE*4 y prácticamente ausencia total del alelo APOE*2, salvo entre los wichis (4%) y wai wais (2%), lo que les hizo sugerir a los autores mestizaje con grupos no amerindios.

En otro estudio se evaluó la distribución de los polimorfismos de la apolipoproteína APOB en cinco poblaciones nativas: dos muestras de wichis, una de tobas y otra de pilagás del Chaco argentino y la quinta de aches del Paraguay y los resultados que obtuvieron los compararon con un grupo cayapa de Ecuador. Los autores observaron que la distribución alélica entre los wichis y tobas fue similar a la encontrada entre los chinos y japoneses, lo cual era de esperar dado el origen asiático de los amerindios. Por el contrario, las frecuencias observadas en los pilagás, cayapas y aches caen dentro del rango de variación observado en europeos y mexicanos, seguramente, debido a la existencia de mestizaje en algunas de las poblaciones estudiadas (Demarchi *et al.*, 1998: 998). No obstante, debido a que se está analizando un solo *locus*, es posible que

46 Las restantes poblaciones estaban compuestas por amerindios de Brasil: xavantes, wai wais, zorós, gaviãos y suruíes.

la deriva genética también pueda estar influyendo en los resultados obtenidos.

10. Minisatélites y microsatélites autosomales y uniparentales

Sala *et al.* (1999: 1738) analizaron varios *loci*: minisatélites y microsatélites autosomales (STRs) y de los cromosomas sexuales⁴⁷ en muestras poblacionales de la ciudad de Buenos Aires, en indígenas wichis de Santa Victoria Este, provincia de Salta, en mapuches de Aguada Guzmán y Lonco Vaca Arriba, provincia de Río Negro y en tehuelches de El Chaliá de la provincia del Chubut. Este trabajo tuvo como finalidad aportar información sobre la distribución de esos marcadores genéticos en grupos humanos de diferentes orígenes étnicos, de utilidad tanto para estudios forenses como genético-poblacionales. Los resultados obtenidos a partir de los STRs del cromosoma Y sugirieron que las poblaciones indígenas, particularmente los mapuches y tehuelches, presentaban mestizaje con europeos, aunque no se calcularon los porcentajes de participación génica en ambos componentes.

En un trabajo previo, Hutz *et al.* (1997: 254) emplearon uno de los marcadores genéticos utilizados por Sala *et al.* (DIS80) y realizaron un análisis comparativo entre poblaciones brasileñas de origen europeo e indígenas de Brasil: gavião, zoro, surui, wai wai y xavante; de Chile: pehuenche; y de la Argentina: wichi y mapuche. Los autores pudieron comprobar que la distancia genética entre los mapuches y la muestra de origen europeo era menor respecto del resto

47 Se tipificaron los siguientes (*loci*): a) minisatélites: D1S7, D2S44, D4S139, D5S110, D8S358, D10S28, D17S26 y D1S80; b) microsatélites autosomales: TH01, FABP, D6S366, CSF1PO, TPOX, F13A1, FES/FPS, vWA, MBPA/B, D16S539, D7S820, D13S317 y RENA4; c) STRs de cromosomas sexuales: DYS385, DYS389I, DIS389II, DYS19, DYS390, DYS391, DYS392, DYS393, YCAII y HPRTB.

de las poblaciones aborígenes estudiadas. Estos resultados demuestran una vez más que, independientemente de los marcadores genéticos utilizados en estos estudios, los mapuches presentaron un relativo mayor flujo génico con poblaciones de origen europeo respecto de otras comunidades nativas sudamericanas.

A su vez, en poblaciones toba, wichi y chorote del Chaco argentino se analizó la variabilidad alélica de cuatro microsátelites dinucleótidos localizados en la región del sistema HLA: MOGc, D6S265, MIB y TNFa. Se estudiaron 67 personas, de ese total 48 eran wichis, mientras que, entre los tobas y los chorotes su número variaba de 7 a 10 individuos. Debido al bajo número de la muestra se esperaba obtener una variación genética intergrupala elevada, donde la deriva genética jugaría un rol destacado. Sin embargo, por el contrario, los valores de diversidad genética intra-grupal fueron muy elevados ya que explicaban el 96% de la variación genética total.⁴⁸ (Dejean *et al.*, 2004: 493). Estos resultados coinciden con lo observado por Demarchi *et al.* (2001: 202; 2014: 181) quienes comprobaron que las poblaciones de esa región presentan una alta diversidad genética intrapoblacional y baja diferenciación interpoblacional, lo cual insinúa la existencia de una historia poblacional común. Lo mismo fue observado por Cabana *et al.* (2006: 113-114), aunque estos autores consideran que esa hipótesis se cumple cuando en el análisis no se incluyen los ayoreos.

La información histórica parece confirmar estas aseveraciones, dado que esa región fue un área de intensas relaciones culturales y comerciales entre ellos y con otros grupos de fuera del área, tales como las poblaciones de las regiones

48 Los resultados obtenidos sugerían mestizaje con grupos alóctonos, particularmente europeos, sin embargo el flujo génico estimado con esos grupos fue muy bajo: 2% en chorote y 4% en toba (ver Goicochea *et al.*, 2001: 138).

andinas, amazónicas y mesopotámicas (Martínez Sarasola, 1992: 50-53, 55).

En otro estudio se evaluó la distribución alélica del microsatélite vWA en tres poblaciones amerindias: chorotes de la provincia de Salta y los lenguas y ayoreos de Paraguay. Estos datos fueron comparados con una muestra de origen europeo y con los tehuelches y mapuches de la región patagónica. Si bien no se estimó flujo génico, pudo comprobarse que el dendrograma de distancias genéticas agrupó a los europeos junto con los oriundos de la Patagonia, mientras que las poblaciones del Chaco permanecieron fuera de ese núcleo de similitud. Estas observaciones demuestran que los indígenas del Chaco registran un reducido flujo génico con grupos alóctonos que, en términos relativos, difiere de lo detectado entre los nativos de la región patagónica (Catanesi *et al.*, 2006: 38-39).

Esta particularidad de los grupos aborígenes de la Patagonia fue corroborada en una investigación realizada en tres poblaciones mapuches de la provincia de Río Negro: Cerro Policía, Aguada Guzmán y Lonco Vaca Arriba y un grupo tehuelche de El Chaliá, provincia del Chubut (Sala y Corach, 2014: 1534-1535, 1537). Los autores determinaron quince STRs autosomales, diecisiete del cromosoma Y y ADN mitocondrial. El flujo génico estimado a partir de los STRs autosomales fue del 82,8% y del 82,1% de componente indígena en tehuelches y mapuches, respectivamente, frente al 17,2% y 17,9% de ancestros europeos. A su vez, ambas poblaciones registraron un 100% de linajes mitocondriales nativos y relativamente elevadas proporciones de linajes paternos del mismo origen. Sin embargo, el porcentaje de la línea paterna amerindia en los tehuelches fue menor respecto de los mapuches, seguramente porque en los primeros el flujo génico con grupos alóctonos ha sido más significativo; estos datos se presentan en la Tabla 6. En relación con las determinaciones del ADN

mitocondrial, la misma muestra de tehuelches fue estudiada previamente por Bravi (2004), quien había obtenido resultados similares, pero con un 3,2% de linajes alóctonos, información que coincide con los datos sociodemográficos obtenidos en esa comunidad (ver Carnese *et al.*, 2002: 132-133).

En un trabajo reciente, Caputo y Corach (2016: 59, 62-63) estudiaron 296 individuos de nueve poblaciones nativas americanas ubicadas en distintas provincias de la Argentina: 39 guaraníes del norte de Misiones, 54 wichis de Formosa, 26 tobas del Chaco, 40 tobas de Rosario, provincia de Santa Fe, 14 tobas del noroeste de Santa Fe, 26 pilagás de Formosa, 39 mocovíes del noreste de Santa Fe, 30 mapuches de Río Negro y 28 tehuelches del Chubut. A los efectos comparativos obtuvieron una muestra de cien voluntarios del Hospital Italiano de Buenos Aires.

Analizaron el *locus* D9S1120 y la distribución del alelo 9RA. Este alelo está presente solo en poblaciones nativas sudamericanas, de América Central y del este de Asia.

Estimaron el flujo génico mediante la determinación de 13 STRs autosomales más el *locus* D9S1120; esa estimación la hicieron con individuos que portaban el alelo 9RA y con aquellos que no eran portadores de ese alelo. En el primer caso, los componentes africano, nativo y europeo presentaron un 5%, 74,5% y 20,4%, respectivamente, de flujo génico, mientras que, en el segundo, aumentaba sustancialmente la presencia africana: 24,1% frente al 55,9% y 20% de los componentes nativo y europeo. Los autores hipotetizan diciendo que probablemente existe algún factor selectivo que actúa sobre los individuos 9RA negativos, aunque, manifiestan que esa suposición aún no ha sido probada.

Cuando compararon las muestras del norte del país (guaraníes, tobas, wichis, pilagás y mocovíes) con las del sur (tehuelches y mapuches) observaron diferencias significativas, explicables por el mayor mestizaje con grupos alóctonos de

los nativos patagónicos. Esta información coincide con los datos obtenidos por diversos autores que demostraron que los nativos de la Patagonia han jugado, respecto de las poblaciones del norte del país, un rol más destacado en ese proceso.

En síntesis, los datos presentados hasta ahora muestran que existió una importante relación biológica y cultural entre las comunidades indígenas del Chaco y de estas con grupos andinos. En cambio, fue escaso el flujo génico con poblaciones alóctonas. En las tierras bajas del noroeste esta situación se revirtió, en parte porque en esa zona los nativos tuvieron un mayor contacto con poblaciones no indígenas.

Por otra parte, se constató que los mapuches y tehuelches presentan una mayor proporción de mestizaje con europeos y subsaharianos respecto de otras comunidades indígenas de la Argentina y, también, de algunos grupos nativos de Brasil y de Chile, independientemente de los marcadores genéticos que se emplearon para esa estimación.

A su vez, tanto los datos proporcionados por los marcadores genéticos biparentales como uniparentales certifican la relativa baja variabilidad genética de las poblaciones indígenas.⁴⁹ Ya hemos comentado en párrafos anteriores las probables causas que determinaron esa característica.

49 Cuando decimos que las poblaciones indígenas tienen una relativa baja diversidad biológica lo planteamos siempre en términos comparativos.

Capítulo 5

El mestizaje en poblaciones urbanas de la Argentina

1. Marcadores genéticos proteicos

Las poblaciones pueden caracterizarse por sus estructuras genéticas que son el resultado de los factores microevolutivos que han actuado sobre ellas y determinado su diversidad biológica. A diferencia de las poblaciones aisladas o semiaisladas, donde la deriva genética jugaría un rol destacado en la disminución de la variabilidad intrapoblacional y en la tendencia a la homocigosidad, en las poblaciones cosmopolitas el factor microevolutivo más importante parece ser el flujo génico que, como consecuencia de las migraciones, produce un aumento de la diversidad biológica y, por consiguiente, cambios en la composición genética original de la sociedad receptora.

Los primeros estudios sobre este tema en la ciudad de Buenos Aires fueron llevados a cabo por Palazzo y Tenconi (1939: 459-460) y Etcheverry (1947: 500; 1949: 167-168), quienes detectaron frecuencias génicas para los sistemas ABO y Rh similares a las registradas en España e Italia, en concordancia con las masivas corrientes migratorias de esos orígenes que recibió la ciudad de Buenos Aires, principalmente, de 1880 a 1930 y, posteriormente, después de la Segunda Guerra Mundial.

Más adelante, Palatnik (1966: 398) evaluó la distribución geográfica de los alelos ABO*O y RH*D en distintas regiones del país: Capital Federal; provincia de Buenos Aires, a partir de habitantes de las ciudades de Quilmes y Haedo; las provincias de Tucumán, Mendoza, Córdoba, San Juan y San Luis y una muestra de la región del noroeste argentino formada por nativos no aborígenes. Para este estudio utilizó datos del sistema ABO que habían sido obtenidos por diversos autores, entre 1926 y 1965. El autor observó que la frecuencia del alelo ABO*O era elevada en el norte, oeste y noroeste del país (85-90%) donde reside un importante componente indígena; esa prevalencia disminuía hacia el centro del país (65-70%), se incrementaba en el Conurbano Bonaerense de la provincia de Buenos Aires (70-75%) y alcanzaba en la Capital Federal valores similares a los observados en españoles del centro y NNE e italianos del SE y Sicilia (65-70%).¹ Con respecto al sistema Rh, Palatnik detectó una misma tendencia, una elevada frecuencia de individuos Rh positivos (alelo D) en el norte argentino y una baja prevalencia en la Capital Federal debido a la influencia de la inmigración europea. Estos resultados indican la existencia de una marcada variación geográfica de los alelos estudiados. La estimación del porcentaje de flujo génico la realizó empleando los datos del sistema Rh y observó que la participación del componente indígena era elevada en el norte y disminuía hacia el centro-oeste del país y en el Área Metropolitana de Buenos Aires (AMBA). Esta investigación se constituyó en el primer trabajo en que se analizó el mestizaje en poblaciones urbanas de la Argentina, empleando marcadores genéticos eritrocitarios. En la Tabla 7

1 Esta observación es muy importante porque, como veremos más adelante, con la utilización de marcadores moleculares se llegó a la misma conclusión, incluso en lo referente a las diferencias observadas entre el Conurbano y la Capital Federal, dado que en el primero se asentó un mayor número de migrantes internos provenientes de regiones del país de elevada composición hispano-indígena.

se presentan los valores porcentuales de estos resultados y, también, los que se comentarán en los párrafos siguientes.

Quiroga Micheo *et al.* (1988: 356, 358-359) realizaron estudios en el mismo sentido y evaluaron la distribución de los grupos sanguíneos ABO y RH en dadores de sangre del Hospital Ferroviario de Buenos Aires, que nacieron en distintas regiones de la Argentina. Sus resultados fueron similares a los observados por Palatnik, con elevadas prevalencias de ABO*O y RH*D en el norte del país y una reducción de los porcentajes de individuos Rh negativos por influencia indígena. Los porcentajes de flujo génico que obtuvieron se presentan en la Tabla 7.

A su vez, López Camelo *et al.* (1996: 660) estudiaron poblaciones de diferentes regiones del país: Buenos Aires, Córdoba, Mendoza, La Pampa y Patagonia. En Buenos Aires analizaron muestras de recién nacidos de seis hospitales y detectaron un 37% de flujo génico con indígenas y un 10% con africanos, pero no indicaron el lugar geográfico de esos centros de salud, ni el lugar de nacimiento de los dadores que contribuyeron a la investigación. Debido a ello, creemos que, probablemente, el origen de las muestras pudo haber estado incidiendo en esos porcentajes, a nuestro criterio muy elevados para ese área, si los comparamos con los resultados obtenidos por otros autores que evaluaron muestras de la misma región geográfica (ver los datos que se presentan en la Tabla 7).

A partir de esos estudios nos preguntamos si esas observaciones también se presentaban en muestras poblacionales de otros Centros de Salud del Área Metropolitana de Buenos Aires.²

2 Nuestro equipo de investigación, de la Sección de Antropología Biológica del Instituto de Ciencias Antropológicas de la Facultad de Filosofía y Letras (UBA), comenzó a investigar los procesos de mestizaje en la Región Metropolitana de Buenos Aires (AMBA) a partir de 1996, mediante el apoyo financiero otorgado por la Universidad de Buenos Aires (Programas UBACyT) y el Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET).

Tabla 7.

Marcadores proteicos genéticos en poblaciones urbanas

Autores	Poblaciones cosmopolitas	Flujo génico			N	Sistemas genéticos
		Amerindio %	Europeo %	Africano %		
Alfaro <i>et al.</i> , 2005	Jujuy, Salta, Tucumán, Santiago del Estero, Catamarca, La Rioja	40,0	50,0	10,0	1.293	HLA
Avena, 1998	Hospital General de Agudos "Dr. Juan A. Fernández" (CABA)	22,0	78,0	--	7.763	ABO y RH
	Hospital de Clínicas "José de San Martín" (CABA)	19,0	81,0	--	23.175	
Avena <i>et al.</i> , 1999	Hospital de Clínicas "José de San Martín" (CABA)	18,8	81,2	--	23.175	ABO y RH
	Muestra Total	13,9	--	--		
	Conurbano Bonaerense*	21,9	--	--		
Avena <i>et al.</i> , 2001	Hospital Italiano de Buenos Aires Registros hospitalarios Banco de Sangre	10,5	89,0	0,0	13.217	M.I: ABO y RH. M.II: ABO, Rh, MNs, Kidd, Duffy, Kell, Diego, P1, Lutheran, Gm/Km
	Muestra II	15,9	80,8	3,3	202	
Avena, 2003	Hospital Italiano de Buenos Aires	12,1	--	0,0	13.026	M.I: ABO, RH. Registros hospitalarios
	Muestra II	14,7	82,0	3,3	209	
	Hospital De Clínicas "Gral. José de San Martín" (CABA)	18,7	--	0,0	11.883	M. II: ABO, RH, MNs, P, Diego, Duffy, Kell, Lutheran, Gm/Km
	Muestra II	15,8	79,9	4,3	218	

Autores	Poblaciones cosmopolitas	Flujo génico			N	Sistemas genéticos
		Amerindio %	Europeo %	Africano %		
Avena <i>et al.</i> , 2003a	Hospital de Clínicas "José de San Martín" (CABA)	16,8	80,4	2,8	284	Gm/Km
Avena <i>et al.</i> , 2003b	Banco de sangre de Provincia de Buenos Aires (La Plata) y Hospital de Clínicas (CABA)	**NOA	47,3	3,2	93	ABO, Rh, MNSS, Diego, Duffy, Gm, Km
		**NEA	28,4	68,0	3,6	
		**Centro	17,2	79,0	3,8	
		**Cuyo-Patagonia	23,5	71,6	4,9	
Avena <i>et al.</i> , 2006	Hospital de Clínicas "José de San Martín" (CABA)	15,8	79,9	4,3	218	ABO, RH,MNSSs, Diego, Duffy, Kell, Lutheran, P, Gm/Km
Avena <i>et al.</i> , 2007	Bahía Blanca	19,5	76,9	3,6	183	ABO, Rh, MNSSs, Diego, Gm
Avena <i>et al.</i> , 2009	Comodoro Rivadavia (Chubut)	36,7	59,6	3,8	72	ABO, RH, MNSSs, Diego, Gm, Duffy***
Avena <i>et al.</i> , 2010	Esquel (Chubut)	46,9	51,2	1,9	59	ABO, RH, MNSSs, Diego***, Gm, Duffy***
Di Fabio Rocca <i>et al.</i> , 2011	Hospital Italiano Garibaldi (Rosario, Santa Fe)	15,0	82,0	3,0	48	ABO, RH, Diego, Kell, Kidd, Gm y Duffy molecular

Autores	Poblaciones cosmopolitas	Flujo génico			N	Sistemas genéticos
		Amerindio %	Europeo %	Africano %		
Dipierri <i>et al.</i> , 1999	Puna. Apellidos autóctonos	94,0			5.132	ABO
	Puna. Apellidos alóctonos	89				
	Quebrada de Humahuaca. Apellidos autóctonos	93				
	Quebrada de Humahuaca. Apellidos alóctonos	81				
	Valle. Apellidos autóctonos	87				
	Valle. Apellidos alóctonos	67				
López Camelo <i>et al.</i> , 1996	Buenos Aires	37,4	51,9	10,0	105.307	ABO y RH
	Córdoba	33,5	66,5	0,0	74.448	
	Mendoza	36,1	63,8	0,0	12.695	
	Pampa	28,9	62,1	9,0	38.346	
	Patagonia	53,9	29,1	16,9	5.823	
	Jujuy	71,0	15,0	14,0	8.176	
Morales <i>et al.</i> , 2000	Salta	67,0	23,0	10,0	28.303	ABO
	Tucumán	28,0	46,0	26,0	11.323	
	Santiago del Estero	30,0	39,0	31,0	31.756	
	La Rioja	40,0	49,0	11,0	9.535	
	Catamarca	32,0	48,0	20,0	6.469	

Autores	Poblaciones cosmopolitas	Flujo génico			N	Sistemas genéticos
		Amerindio %	Europeo %	Africano %		
Palatnik, 1966	Quilmes (provincia de Buenos Aires)	21,1 - 20,6	78,8 - 79,4	--	14.031	RH
	Córdoba	22,2	77,7	--	297	
	Mendoza	12,1	87,9	--	1.528	
	Tucumán (Ciudad)	30,4	69,5	--	838	
	Tucumán (Rural)	47,0	52,9	--	272	
Quiroga Micheo <i>et al.</i> , 1988	ABO	18,2	81,8	--	73.875	ABO y RH
	RH	18,6	81,5	--		

* Lugar de procedencia de los dadores: Ciudad Autónoma de Buenos Aires (CABA), Conurbano de la provincia de Buenos Aires.

** Lugar de procedencia de los dadores: Noroeste Argentino (NOA), Noreste Argentino (NEA), Región Central (Centro).

*** Se determinó a nivel molecular.

Para responder a ese interrogante, realizamos una investigación que consistió en analizar los sistemas ABO y Rh, a partir de datos provenientes de los Registros de Bancos de Sangre del Hospital Fernández y del Servicio de Hemoterapia e Inmunohematología del Hospital de Clínicas “José de San Martín” de la Universidad de Buenos Aires. Este estudio se efectuó en 1996 y 1997 y sus resultados permitieron constatar un aumento de la contribución indígena que se expresaba en la elevada frecuencia de los alelos ABO*O y RH*D, pero con una distribución diferencial entre la Ciudad Autónoma de Buenos Aires (CABA) y el Conurbano Bonaerense que presentaba un mayor aporte amerindio (Avena *et al.*, 1999: 217).³ Estos resultados fueron similares porcentualmente a los detectados por Quiroga Micheo *et al.* y contradictorios respecto de las estimaciones demográficas e historiográficas con que se contaba acerca de la composición poblacional del AMBA. Estos cambios en la constitución genética de la población están vinculados a los movimientos migratorios recibidos por el AMBA desde el resto del país, en particular desde lugares con mayor componente autóctono como el norte argentino y, también, desde países limítrofes y Perú.⁴

Posteriormente, para corroborar estas observaciones a nivel de los Registros de los Bancos de Sangre, se tipificaron nueve sistemas grupales sanguíneos (ABO, RH, MNSs, Kidd, Duffy, Kell, Diego, Pl y Lutheran) y las inmunoglobulinas Gm y Km. Estas inmunoglobulinas son de fundamental importancia, debido a que integran un

3 Esta información coincide con lo detectado por Avena en su Tesis de Licenciatura presentada en la Facultad de Filosofía y Letras, Universidad de Buenos Aires, en 1998.

4 En la actualidad son las migraciones de los países limítrofes Bolivia y Paraguay y las provenientes del Perú las que están contribuyendo más al acervo genético de la población argentina, particularmente de la CABA. Estos datos fueron tomados del Instituto Nacional de Estadística y Censos (INDEC, 2008) (ver Avena *et al.*, 2012. 7 (4): e34695).

sistema cuyo nivel de variabilidad está marcadamente correlacionado con la distribución de los grupos humanos a escala continental (Avena *et al.*, 2001: 86-96). Las determinaciones se realizaron en dadores del Banco de Sangre del Hospital Italiano (N = 202, muestra II) y los resultados obtenidos se compararon con los datos de dadores de sangre registrados en esa misma Unidad Hospitalaria, que fueron tipificados para los sistemas ABO y Rh (N = 13.217, muestra I). Los resultados presentaron diferentes proporciones debido, seguramente, al tamaño de las muestras y al número de marcadores genéticos empleados, pero en ambas se pudo registrar no solo la contribución indígena sino también africana en el acervo génico de la población de la Ciudad Autónoma de Buenos Aires.

Siguiendo el mismo procedimiento, Avena, en 2003, realizó un estudio a partir de muestras del Hospital Italiano de Buenos Aires y del de Clínicas “General José de San Martín” de la misma ciudad, constituidas por los Registros de los Bancos de Sangre de esas instituciones (Sistemas ABO y Rh, muestra I) y las comparó con otras dos obtenidas en los dos nosocomios, pero conformadas por la determinación de los mismos sistemas grupales sanguíneos arriba mencionados (salvo el sistema Kidd) más la adición de los sistemas Gm/Km (muestra II). Si bien los resultados presentaron diferencias a nivel porcentual, estas no fueron significativas y se demostró que todas las muestras presentaban una importante presencia indígena y, en menor medida, subsahariana.

Posteriormente, sobre otras muestras del Hospital de Clínicas “General José de San Martín” de la Universidad de Buenos Aires se realizaron dos estudios, en uno se determinaron solo los sistemas Gm/Km y en el otro ocho de los nueve sistemas grupales sanguíneos utilizados por Avena *et al.*

en el trabajo publicado en 2001, más la incorporación de las inmunoglobulinas Gm/Km. En ambos estudios los porcentajes de participación europea, indígena y africana dieron resultados similares (Avena *et al.*, 2003a: 43; 2006: 115).

Estos datos fueron semejantes a los observados en la muestra del Hospital Italiano que, por provenir de una institución privada, suponíamos que estaría conformada por un sector poblacional socioeconómico diferente y de menor componente hispano-indígena, dado que esa institución atiende a personas con planes de salud prepagos, además de otras procedentes de diferentes obras sociales.

Estas estimaciones, en correspondencia con la información histórica y demográfica analizada, demostraron que la participación indígena y africana tiene una incidencia considerablemente más importante de lo habitualmente aceptado.

Resultados similares a los del AMBA fueron observados en dos hospitales, uno público y otro privado, de Bahía Blanca. En esta población estudiamos una muestra de 183 personas no emparentadas que donaron su sangre durante 2004 y constatamos, mediante el análisis de cinco marcadores genético-serológicos (ABO, Rh, MNSs, Diego y GM), una participación del 19,5% y del 3,6% de los componentes aborigen y subsahariano, respectivamente (Avena *et al.*, 2007: 66).

Con el mismo enfoque hemos continuado analizando nuevas muestras del Área Metropolitana de Buenos Aires (AMBA), así como también de poblaciones ubicadas en diferentes regiones del país: Rosario, Comodoro Rivadavia, Esquel, Salta y de residentes en el AMBA, pero provenientes del noroeste (NOA), del noreste (NEA) y de las regiones del Centro y de Cuyo-Patagonia.

En todos estos estudios se determinaron marcadores genéticos serológicos y, también, en dos muestras de la Patagonia y en la de Rosario se tipificaron a nivel molecular los grupos sanguíneos Duffy y Diego. En estos trabajos

pueden apreciarse dos verificaciones muy importantes, la primera es la presencia de un componente autóctono mayor de lo comúnmente aceptado, más aún, en el NOA esa presencia es predominante, y la segunda es la comprobación de la existencia de aporte africano en el acervo génico de casi todas las muestras poblacionales estudiadas hasta ahora (Tabla 7).

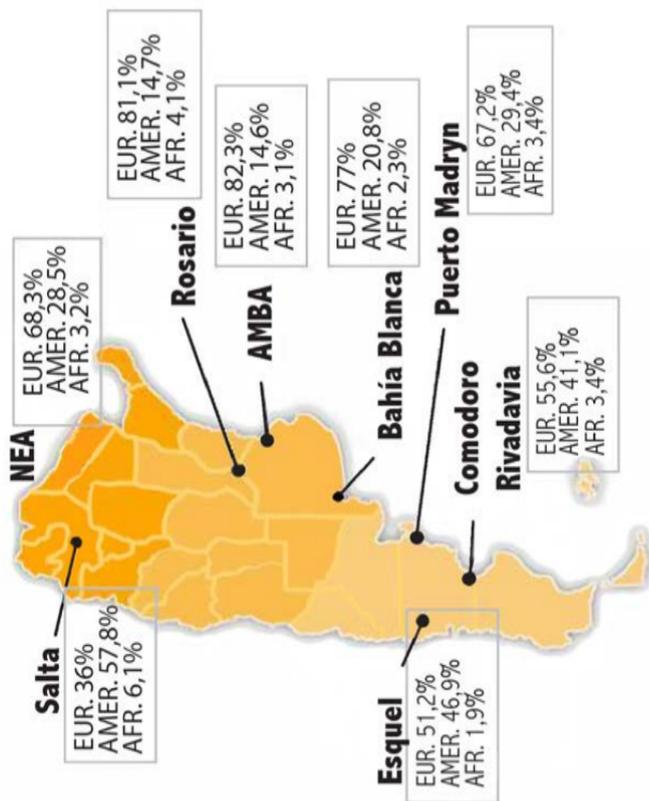
En la Figura 2, podemos observar que existe un patrón regional, con un mayor aporte europeo en el centro del país y una significativa contribución indígena en las muestras del sur y del noroeste, particularmente en Salta, donde también se registró el mayor flujo génico desde poblaciones subsaharianas.⁵ Estas estimaciones porcentuales sobre el mestizaje entre los diferentes componentes que participaron de ese proceso se realizaron a partir de los datos proporcionados por los marcadores genéticos serológicos.

Otro grupo de investigación realizó estudios en poblaciones jujeñas situadas a diferentes niveles de altura, analizó la distribución de los alelos del sistema ABO y lo relacionó con los apellidos clasificados de acuerdo con su origen europeo y/o indígena. Observó que la mayor proporción de apellidos foráneos se registró en las tierras bajas (valle: 500-1.200 m) asociados a una menor proporción del alelo ABO*O en concordancia con un mayor mestizaje con poblaciones alóctonas, seguramente, de origen europeo. La relación inversa se dio en las tierras altas (quebrada de Humahuaca: 1.200-2.900 m y Puna: 2.900-4.500 m) donde fue más elevado el porcentaje de personas portadoras de ese alelo quienes, a su vez, estaban relacionadas, preferentemente, a apellidos de origen amerindio (Dipierrri *et al.*, 1999: 17-18).

5 Las poblaciones subsaharianas presentaron un rango de variación que va del 1,9% en Esquel al 5% en Salta.

Figura 2.

Marcadores proteicos. Porcentajes de flujo génico en distintas regiones del país.



Salta: N = 152. Avena *et al.*, 2009a.

NEA: N = 105. Avena *et al.*, 2003b.

Rosario: N = 48. Di Fabio Rocca *et al.*, 2011. En la Tabla 7 se presentan los resultados con una muestra de solo 48 individuos, sobre un total muestreado de 233. Se decidió presentar esos valores porque coincidieron en general con los estudios posteriores, realizados mediante marcadores moleculares (Tabla 8).

AMBA: N = 427. Avena *et al.*, 2003. Es un promedio de la muestra II del trabajo publicado por Avena *et al.*, 2003 (Tabla 7).

Bahía Blanca: N = 183. Avena *et al.*, 2007.

Comodoro Rivadavia: N = 72. Avena *et al.*, 2009.

Esquel: N = 59. Avena *et al.*, 2010.

Resultados similares fueron obtenidos por Morales *et al.* (2003: 10), mediante el análisis del *locus* RH*D/d; en este caso detectaron que el alelo RH*D presentaba elevadas frecuencias en todos los niveles altitudinales, pero era superior en las tierras altas asociado a apellidos de origen autóctono; lo inverso se dio en las tierras bajas donde el alelo RH*d fue más frecuente en apellidos foráneos. En este estudio los autores no estimaron los porcentajes del grado de mestizaje.

En otro trabajo, Morales *et al.* (2000: 434) analizaron la distribución del sistema ABO en provincias del noroeste argentino: Jujuy, Salta, Tucumán, Santiago del Estero, La Rioja y Catamarca y observaron una elevada frecuencia del alelo ABO*O que en promedio fue del 81%, lo cual demuestra que el componente autóctono tiene una sustancial participación en el acervo génico de las poblaciones de esa región. Al estimar los porcentajes de flujo génico detectaron que la mayor participación aborigen se concentraba en Salta y Jujuy (Tabla 7). Llama la atención el elevado porcentaje de participación africana en todas las provincias estudiadas con un rango de variación del 10% en Salta al 31% en Santiago del Estero.

En las mismas poblaciones, más la adición de una muestra de la provincia de Catamarca, Alfaro *et al.* (2005: 724-728) estudiaron 1.293 individuos y pudieron observar, mediante el análisis de los *loci* HLA-A y HLA-B una contribución

española, amerindia y africana del 50%, 40% y 10%, respectivamente. Estos porcentajes los obtuvieron promediando los valores de cada una de las poblaciones investigadas, siendo la provincia de Jujuy la que presentaba la mayor proporción del componente indígena (53%).

Estas investigaciones están demostrando la existencia de un importante mestizaje en poblaciones urbanas, con una elevada participación del componente indígena en el norte y sur del país y una presencia africana que, en general, registra aportes similares, salvo excepciones, en distintas regiones de la Argentina. Las variaciones porcentuales observadas pueden deberse a distintos factores, como el tamaño y el origen de las muestras analizadas y el número y tipo de marcadores genéticos empleados en esas determinaciones.

En el próximo apartado analizaremos las contribuciones que se realizaron sobre estos estudios a partir de las tipificaciones moleculares.

2. Marcadores genéticos moleculares biparentales y uniparentales

Hasta ahora hemos comentado los resultados alcanzados en diversas investigaciones que, mediante la utilización de marcadores genéticos clásicos, permitieron valorar el grado de flujo génico a nivel poblacional en grupos humanos que habitan en localidades de distintas regiones del país. En este apartado, analizaremos el mestizaje a nivel molecular y la dirección del flujo génico, es decir, la probable existencia de contribuciones asimétricas entre los sexos.⁶

⁶ Hay estudios en que se emplearon marcadores genéticos autosomales y uniparentales, pero fueron de interés forense, principalmente. Los lectores interesados en esos temas pueden consul-

En este aspecto, es necesario remarcar que entre los factores culturales, sociales y económicos que pueden favorecer el mestizaje no deben soslayarse las diferencias en los índices de masculinidad. Estos valores descendieron entre los afroargentinos, particularmente en el siglo XIX (Goldberg, 1976: 84-85); más adelante Golberg y Mallo (1993) continuaron analizando este y otros aspectos de la población africana, así como también lo hizo Andrews (1989); y un fenómeno similar se habría producido, también, con los varones aborígenes durante la etapa colonial, por la destrucción de su núcleo familiar, dado que a los varones los separaban de sus mujeres para trabajar en beneficio del español, por consiguiente, no había varones nativos para procrear (Assadourian *et al.*, 2005: 191). Adicionalmente, entre los europeos inmigrantes, la cantidad de hombres fue proporcionalmente mayor, tanto en la etapa colonial como después de la independencia (Seefeld, 1986: 211; Cacopardo y Moreno, 1985: 70-71). Esta diferencia numérica entre los sexos habrían favorecido las uniones interétnicas. Aunque, como veremos más adelante, este fenómeno presenta diferencias muy marcadas para cada región de nuestro país.

La inclusión en los estudios de marcadores genéticos uniparentales está aclarando esta problemática, pues la estimación de la contribución genética sexo-específica en el proceso de mestizaje puede ser abordada a partir del estudio de los polimorfismos del ADN mitocondrial, que se transmiten solo por vía materna y del cromosoma Y, y que lo hacen sin recombinar (salvo pequeñas regiones pseudoautosómicas) por vía paterna.

Si observamos la Tabla 8, vemos que los porcentajes de flujo génico entre las poblaciones que intervienen en el mestizaje

tar los trabajos de Miozzo *et al.* (2003); Fondevila *et al.* (2003); Toscanini *et al.* (2006-2007-2008a y b); Marino *et al.* (2006) y Marino y Furfuro (2010).

Tabla 8a.
 Marcadores genéticos moleculares en poblaciones urbanas de las provincias de Buenos Aires y Santa Fé

Autores	Poblaciones Cosmopolitas	Amerindio %		Flujo génico		Subsahariano %		N	Sistemas Genéticos		
		Autosom.(a)	ADNmt	Autosom.	ADNmt	Autosom.	ADNmt			Cr. Y	Cr. Y
Avena et al., 2007	Bahia Blanca	--	46,7	3,8	--	51,8*	--	1,5	--	183	ADNmt, Cromosoma Y (DYS199+T) (M3)
Carnese et al., 2011	AMBA (b)	--	48,0	--	--	51,0	--	0,5	--	211	ADNmt
Dejean et al., 2003	Hospital Italiano de Buenos Aires	--	50,0	--	--	--	--	--	--	50	ADNmt
Di Fabio Rocca et al., 2013	Rosario, Prov. Santa Fé	14,7	60,6	--	81,1	38,3	--	4,1	1,1	200	11 marcadores biparentales: 8 moleculares y 3 grupos sanguíneos. ADNmt
Fejerman et al., 2005	Hospital Italiano de Buenos Aires	--	--	--	--	--	--	2,2	--	90	12 Marcadores genéticos informativos de ancestría (MIAs)
Martinez-Marinac et al., 1999	La Plata Obreros Universitarios	--	72,0	--	--	28,0	--	--	0,0	32	ADNmt
Martinez-Marinac et al., 2004	La Plata (c)	25,9	44,8	9,4	67,6	41,4	--	6,5	1,2	64 v. 23 m	ADNmt, Cromosoma Y, 5 PSAs
Parolin et al., 2012	AMBA	--	--	6,0	--	--	93,0	--	--	85	17 Y-STRs
Parolin et al., 2014	Mar del Plata Bahia Blanca	21,5 27,8	--	--	77,1 67,8	--	--	1,4 4,2	--	180 85	15 STRs autosómicos
Resano et al., 2007	Bahia Blanca	20,9	--	--	79,0	--	--	0,0	--	119	18 Polimorfismos Alu y autosómicos del cromosoma Y
Seldin et al., 2007	Buenos Aires, Córdoba, Santa Fé, Mar del Plata, La Plata	19,4	--	--	78,0	--	--	2,5	--	94	78 Marcadores Informativos de Ancestría (MIAs)

(a) Autosómicos. Incluye todos los marcadores biparentales.

(b) AMBA: Área Metropolitana de Buenos Aires.

(c) Para ADNmt: No Determinados: 13,8 % y No Amerindios: 4,6%.

* No se determinó su origen, pero, por datos históricos y demográficos estimamos que fueron de origen europeo.

V = varones.

M = mujeres.

TABLA 8b.

Marcadores genéticos moleculares en poblaciones urbanas de la Región Central de Argentina

Autores	Poblaciones Cosmopolitas	Amerindio %				Flujo génico				N	Sistemas Genéticos	
		Autosom.(a)	ADNmt	Cr. Y	Cr. Y	Autosom.	ADNmt	Cr. Y	Cr. Y			Subsahariano %
García y Demarchi, 2006	Córdoba, Villa de Solo (N.O) y La Para (N.E.)	--	79,0	7,8	--	--	--	--	--	126	ADNmt Y Cromosoma Y (DYS199*1) (M)	
García y Demarchi, 2009	San Francisco del Chañar (Cba.)	--	81	--	--	--	--	--	--	52		
	Villa de Solo (Cba)	--	82	--	--	--	--	--	--	54		
	San Carlos Minas (Cba)	--	80	--	--	--	--	--	--	10		
	San Marcos Sierras (Cba)	--	70	--	--	--	--	--	--	32		
	Villa Dolores (Cba)	--	88	--	--	--	--	--	--	21		ADNmt
	Chancani (Cba)	--	68	--	--	--	--	--	--	23		
	La Para (Cba)	--	80	--	--	--	--	--	--	66		
La Tordilla (Cba)	--	84	--	--	--	--	--	--	21			
Thilzarao (S. Luis)	--	89	--	--	--	--	--	--	31			
	Total									310		
García et al., 2015	Córdoba	43,6	--	--	55,1	--	--	1,3	--	381	10 Marcadores Informativos de Ancestrías (MIAs)	
	San Luis	40,3	--	--	58,2	--	--	1,5	--	140	17 Autosómicos, 12 del Cromosoma Y	
Marino, 2010	Mendoza	31,6	--	21,0	46,8	--	67,0	21,5	--	no indica		

Autores	Poblaciones Cosmopolitas	Flujo génico										N	Sistemas Genéticos			
		Amerindio %		Europeo %		Subsahariano %		Cr. Y	Autosom.	ADNmt	Cr. Y			Autosom.	ADNmt	Cr. Y
		Autosom.(a)	ADNmt	Autosom.	ADNmt	Autosom.	ADNmt									
Metti et al., 2009	La Rioja San Juan	--	87,8	--	--	8,5	--	--	9,6	--	--	3,7	--	82	ADN mt	
		--	86,7	--	--	--	--	--	--	--	--	3,6	--	83		
Pauro et al., 2010	San Francisco del Chafar (Cba.)	--	84,0	--	--	4,0	--	--	--	--	--	12,0	--	50	ADNmt	
	Villa de Solo (Cba)	--	77,0	--	--	13,0	--	--	--	--	--	10,0	--	52		
	San Carlos Minas (Cba)	--	79,0	--	--	16,0	--	--	--	--	--	5,0	--	19		
	San Marcos Sierras (Cba)	--	75,0	--	--	11,0	--	--	--	--	--	14,0	--	28		
	Villa Dolores (Cba)	--	82,0	--	--	12,0	--	--	--	--	--	6,0	--	33		
	Chancani (Cba)	--	73,0	--	--	13,5	--	--	--	--	--	13,5	--	22		
	La Para (Cba)	--	76,0	--	--	18,0	--	--	--	--	--	6,0	--	55		
	La Torquilla (Cba)	--	62,0	--	--	27,0	--	--	--	--	--	11,0	--	26		
	Rio Cuarto (Cba)	--	74,0	--	--	26,0	--	--	--	--	--	0,0	--	50		
	TOTAL		--	76,0	--	--	16,0	--	--	--	--	--	8,0	--		335
Pauro et al., 2013	Tilisarao (S. Luis)	--	92,0	--	--	4,0	--	--	--	--	--	4,0	--	25	ADNmt	
	Concarán (S. Luis)	--	81,0	--	--	14,0	--	--	--	--	--	5,0	--	21		
	Santa Rosa de Conlara (S. Luis)	--	94,0	--	--	6,0	--	--	--	--	--	0,0	--	35		
	La Toma (S. Luis)	--	84,0	--	--	13,0	--	--	--	--	--	3,0	--	38		
TOTAL		--	88,0	--	--	9,0	--	--	--	--	--	3,0	--	119		
Pauro et al., 2008	Poblaciones del Sudeste de Córdoba (Cruz Alta, La Carlota, Jovita)	--	44,1	--	--	54,1	--	--	--	--	--	1,8	--	102	ADNmt	
Satas et al., 2008	Córdoba	--	41,0	2,0	--	57,0	97,0	--	--	--	--	2,0	1,0	102*, 100**	ADNmt, Cromosoma Y	

(a) Autosómicos. Incluye todos los marcadores biparentales.

* (para SNPs).

** (para Y-STR).

Tabla 8c. Marcadores genéticos moleculares en poblaciones urbanas de las regiones del Noroeste y Cuyo de Argentina

Autores	Poblaciones Cosmopolitas	Amerindio %		Flujo génico		Subsahariano %		N	Sistemas Genéticos
		Autosom.(a)	ADNmt	Cr. Y	Autosom.	ADNmt	Cr. Y		
Bailliet et al., 2011	Susques	--	95,0	--	5,0	--	--	19	
	Cochinoca	--	66,0	--	33,0	--	--	6	
	Rinconada	--	66,0	--	33,0	--	--	6	
	SSdeJujuy	--	43,7	--	56,1	--	--	87	
	Catamarca	--	9,8	--	90,2	--	--	112	
	Salta	--	45,3	--	54,7	--	--	84	Cromosoma Y
	Tucumán	--	11,8	--	82,4	--	--	5,9	17
	La Rioja	--	10,3	--	89,5	--	--	0,0	87
	Mendoza	--	6,7	--	93,3	--	--	0,0	75
	Tartagal	--	35,2	--	63,9	--	--	0,9	108
	Aguaray	--	15,4	--	84,6	--	--	0,0	13
	Azampay	--	15,9	--	84,1	--	--	0,0	44
Motti et al., 2013	Belén (Catamarca)	--	93,5	--	3,7	--	--	3,7	161
	Calingasta (San Juan)	--	93,0	--	2,8	--	--	4,2	71
	Catamarca (Catamarca)	--	88,9	--	9,1	--	--	2,0	99
	Chepes (La Rioja)	--	86,3	--	13,7	--	--	0,0	73
	S. S. de Jujuy (Jujuy)	--	97,6	--	0,0	--	--	2,4	42
	La Quiaca (Jujuy)	--	98,2	--	1,3	--	--	0,5	222
	La Rioja (La Rioja)	--	82,2	--	14,0	--	--	3,8	236
	Maimará (Jujuy)	--	99,0	--	1,0	--	--	0,0	192
	Mendoza (Mendoza)	--	71,6	--	21,3	--	--	7,1	141
	Salta (Salta)	--	93,9	--	6,2	--	--	0,0	65
	San Juan (San Juan)	--	83,2	--	13,4	--	--	3,4	119
	Santa María (Catamarca)	--	94,1	--	4,7	--	--	1,2	170
Tartagal (Salta)	--	97,3	--	1,9	--	--	0,8	258	
V. Tulumaya (Mendoza)	--	79,4	--	14,7	--	--	5,9	102	
Total	--	90,31	--	7,33	--	--	2,36	1951	

(a) Autosómicos. Incluye todos los marcadores biparentales.

TABLA 8d.

Marcadores genéticos moleculares en poblaciones urbanas de la región del Noroeste de Argentina

Autores	Poblaciones Cosmopolitas	Amerindio % Autosom.(a)	ADNmt Cr. Y	Flujo génico Europeo % Autosom.	ADNmt Cr. Y	Subsahariano % Autosom.	ADNmt Cr. Y	N	Sistemas Genéticos
Altuna et al., 2009	La Esperanza (Jujuy)	--	--	29,7	--	43,2	--	37 (d)	11STRs del Cromosoma Y 4 marcadores binarios
Avena et al., 2009	Salta (Centro Privado de Hemoterapia)	--	--	58,6	--	41,4	--	29	Sistemas Genéticos GM, Duffy y Diego molecular. ADNmt y Cromosoma Y.
Cardoso et al., 2009	S. S. de Jujuy Quebrada de Humahuaca Puna	54,0	82,0	10,0	41,0	18,0	--	152	ADNmt
		--	100,0	--	--	--	--	22	
		--	100,0	--	--	--	--	40	
		--	100,0	--	--	--	--	38	
Di Fabio Rocca et al., 2016	Salta (Centro Privado de Hemoterapia)	50,2	93,7	17,1	46,3	3,8	--	223	10 Sistemas autosómicos moleculares. Sistemas ABO, Diego y GM. ADNmt
Djipieri et al., 1998	Puneños (Jujuy)	--	100,0	52,4	--	40,5	--	22 m, 42 v	ADNmt, Cromosoma Y (g)
Gimenez et al., 2006	Puna salteña Valle Calchaquí	100%	100%	--	--	--	--	106	11 STRs**
Lopez Parra et al., 2011	Jujuy	--	98,2	--	--	1,8	--	55	ADNmt
Pauro et al., 2013a	Sumampa (Stgo. Del Estero) Villa Atamisqui (Stgo. Del Estero)	--	94,6	9,0	--	3,4	63,6	29 (11 v, 18 m) 56 (16 v, 40 m)	ADNmt, Cromosoma Y
		--	94,6	12,5	--	3,5	50,0	1,7	

Autores	Poblaciones Cosmopolitas	Amerindio % Autosom.(a) ADNmt	Cr. Y	Flujo génico Europeo % Autosom. ADNmt	Cr. Y	Subsahariano % Autosom. ADNmt	Cr. Y	N	Sistemas Genéticos
Ramallo et al., 2011	Azampay (Catamarca)	--	100(e)	12,3	--	--	--	55 v, 67 m	17 marcadores. Inserción/delección. ADNmt, Cromosoma Y
Ramallo et al., 2009b	Centro-Oeste Centro Noroeste	--	--	8,6 5,5 31,9	--	--	--	162 109 504	16 Y-SNP Cromosoma Y
Wang et al., 2008	Catamarca Tucumán Salta	45,0 31,0 72,0	--	--	53,0 65,0 26,0	--	--	14 19 19	Marcadores genéticos autosómicos

(a) Autosómicos. Incluye todos los marcadores biparentales.

(d) 8 individuos no determinados (21,6%).

(e) El haplogrupo más frecuente es B2 (62,7%) y le sigue C1 (28,6%).

(f) Sólo una muestra presentó el inserto Alu (YAP) que puede ser tanto de origen subsahariano como del Este asiático o de la cuenca del Mediterráneo.

(g) Otros/No determinados: 7,1.

** No estimaron flujo génico a partir de los STRs autosómicos.

TABLA 8e.
 Marcadores genéticos moleculares en poblaciones urbanas de la región Patagónica de Argentina

Autores	Poblaciones Cosmopolitas	Amerindio %		Flujo génico		Subsahariano %		N	Sistemas Genéticos	
		Autosom.(a)	ADNmt	Autosom.	ADNmt	Autosom.	ADNmt			Cr. Y
Avena et al., 2009a	Comodoro Rivadavia (Chubut)	--	70,0	6,0	--	30,0	--	0,0	22 m y 50 v	ADNmt, Cromosoma Y
Avena et al., 2010	Esquel	--	79,6	23,0	--	20,4	--	0,0	30 v y 29 m	ADNmt, Cromosoma Y
Parolin et al., 2013	Puerto Madryn (Chubut)	29,4	59,9	8,7	67,2	37,7	--	3,4	36 m, 46 v	5 Sist. Bialélicos, Gc y variantes moleculares del sistema ABO. Sistemas Autosómicos Moleculares. Grupos sanguíneos: RH y Gm. ADNmt y Cromosoma Y
Sala y Corach, 2014	Chubut Rio Negro Individuos de las prov. Rio Negro y Chubut con apellidos mapuches (h) Prov. de Buenos Aires.	42,7 34,4 57,2 19,0	--	27,2 4,7 58,7	57,3 65,6 42,8 81,0	72,8 95,3 4,5 41,3	--	--	100 100 67 100	15 STRs autosomales, 17 del Cr. Y y ADNmt

(a) Autosómicos. Incluye todos los marcadores biparentales.

(h) Los haplogrupos mitocondriales de la muestra de individuos con apellidos mapuches, que habitaban en las provincias de Río Negro y Chubut, tuvieron la siguiente distribución: A = 4,5%; B = 28,3%; C = 35,8%; D = 26,8%, y No Amerindio 4,5%.

v = varones.

m = mujeres.

Tabla 8f. Marcadores genéticos moleculares en poblaciones urbanas. Estudios multirregionales

Autores	Poblaciones Cosmopolitas	Amerindio %		Flujo génico				N	Sistemas Genéticos	
		Autosom.(a)	ADNmt	Autosom.	ADNmt	Cr. Y	Subsahariano % Autosom. ADNmt			Cr. Y
Avena et al., 2012	Ciudad Autónoma de Bs. As.	17,0	--	79,0	--	--	4,0	--	98	99 Marcadores Informativos de Ancestría (MIAs)
	1er Corona del conurbano	16,0	--	80,0	--	--	3,0	--	48	
	2da Corona del Conurbano	29,0	--	68,0	--	--	3,0	--	22	
	Bahia Blanca	24,0	--	72,0	--	--	4,0	--	95	
	Comodoro Rivadavia (Chubut)	41,0	--	55,0	--	--	4,0	--	60	
	Esquel	44,0	--	53,0	--	--	3,0	--	48	
	Noroeste Arg. (Salta)	63,0	--	32,0	--	--	5,0	--	37	
	Noreste Arg. (Corrientes, Chaco, Formosa, Misiones)	43,0	--	54,0	--	--	3,0	--	33	
	Total País	31,0	--	65,0	--	--	4,0	--	441	
	Bobillo et al., 2010	NEA	--	60,0	--	--	--	--	2,0	
Centro		--	48,2	--	--	--	--	1,0	193	
Sur		--	60,0	--	--	--	--	2,0	47	
Catelli et al., 2011	Norte	--	70,0	--	29,0	--	--	1,0	384	ADNmt
	Centro	--	41,0	--	56,0	--	--	3,0	384	
	Sur	--	66,0	--	32,0	--	--	2,0	384	
Corach et al., 2010	NEA	17,3	67,2	2,5	78,5	31,1	4,2	1,6	61	24 SNPs Autosómicos, ADNmt, Cromosoma
	Centro	15,1	45,7	4,8	80,7	52,9	4,2	1,3	153	
	Sur	27,7	65,6	10,9	68,4	28,1	3,8	3,1	32	

Indeterminados 7%.

(a) Autosómicos. Incluye todos los marcadores biparentales.

(b) Para ADNmt: No Determinados: 13,8 % y No Amerindios: 4,6%.

(c) AMBA: Área Metropolitana de Buenos Aires.

(d) 8 individuos no determinados (21,6%).

(e) El haplogrupo más frecuente es B2 (62,7%) y le sigue C1 (28,6%).

(f) sólo una muestra presentó el inserto Alu (YAP) que puede ser tanto de origen subsahariano como del Este asiático o de la cuenca del Mediterráneo.

(g) Otros/No determinados: 7,1.

(h) Los haplogrupos mitocondriales de la muestra de individuos con apellidos mapuches, que habitaban en las provincias de Río Negro y Chubut, tuvieron la siguiente distribución:

A = 4,5%; B = 28,3%; C = 35,8%; D = 26,8% y No Amerindio 4,5%.

** No estimaron flujo génico a partir de los STRs autosomales.

varían de acuerdo con la región geográfica de procedencia de las muestras, con los tamaños de las mismas y con los tipos de marcadores genéticos biparentales o uniparentales empleados para estimar el grado de participación de los componentes amerindio, europeo y subsahariano en ese proceso de intercambio génico.

En este apartado trataremos de sintetizar esa información con la mención de los rasgos más relevantes, procurando evitar, en la medida de lo posible, la incorporación en el texto de una excesiva cantidad de datos numéricos. Estos se describen con más detalle en la tabla correspondiente. También se mencionan los autores que realizaron estas investigaciones, los cuales se presentan por orden alfabético para facilitar al lector su ubicación en la tabla. Por otra parte, nos pareció conveniente seguir comentando los resultados de estos estudios por regiones, lo cual permitirá visualizar con más claridad la distribución diferencial de los marcadores genéticos determinados y las variaciones del grado de mestizaje entre las poblaciones de las distintas áreas geográficas analizadas.

a) Poblaciones urbanas de las provincias del NOA y NEA

Un número importante de autores estudiaron poblaciones del noroeste y del noreste argentino. Cuando se ponderó el mestizaje empleando marcadores autosómicos biparentales el grado de participación del componente amerindio fue elevado, con un rango de variación que va del 31,0% en Tucumán hasta el 72,0% en Salta. Relacionada con esta particularidad dicha ciudad registró, respecto de otras de esa región, la más baja participación europea en su acervo genético. En cambio, a diferencia de Salta, las muestras poblacionales de Catamarca y Tucumán exhibieron, en términos comparativos, mayor presencia europea (Wang *et al.*, 2008). Estas variaciones indican que la prevalencia del componente autóctono se incrementa hacia el norte, siendo predominante en Salta. La misma tendencia fue detectada, también, por Avena *et al.* (2009: 84; 2012) y Di Fabio Rocca *et al.* (2016) (Tabla 8).

En relación con la presencia africana, en esa ciudad se registraron valores que variaron del 2% al 5%, de acuerdo con los datos obtenidos por los autores mencionados en los párrafos anteriores.

Cuando el mestizaje se analizó a partir de marcadores uniparentales como el ADN mitocondrial, se observó una marcada preeminencia del componente autóctono. Tanto es así, que los linajes maternos amerindios superaban el 80% en las provincias de La Rioja y Catamarca y en la ciudad de Salta (Motti *et al.*, 2009: 343; 2013: 7).

En otras localidades del NOA, se detectaron valores superiores al 90% de esos linajes, los cuales registraron un rango de variación que va del 93,7% en Salta al 99,0% en Maimará. Dentro de ese rango están incluidas muestras poblacionales de San Salvador de Jujuy, de La Quiaca y de otros sitios de la provincia de Jujuy. Además, se observaron

valores similares en las ciudades de Tartagal y Salta, en Santa María, Catamarca y en las localidades de Sumampa y Villa Atamisqui en Santiago del Estero.

Además, es en San Salvador de Jujuy, en la quebrada de Humahuaca, en la Puna jujeña y salteña, en el valle Calchaquí y en la localidad de Azampay, Catamarca, donde esas líneas maternas alcanzaron valores del 100%.⁷

En esta región, dentro de los linajes mitocondriales amerindios, predomina el haplogrupo B (53-59%, Cardozo *et al.*, 2009: 341; López-Parra *et al.*, 2011: e7, e8.) Esta información coincide con lo observado en otras poblaciones de la región andina, como entre los quechuas de Bolivia y los atacameños de Chile (Bailliet *et al.*, 1994; Lewis *et al.*, 2004), lo cual indica la existencia de contactos entre las poblaciones del norte argentino, particularmente Salta y Jujuy, con esos países y con Perú, como parecen demostrarlo los datos genéticos tanto a nivel proteico como molecular.

Por el contrario, la proporción de linajes mitocondriales de origen europeo o de Medio Oriente fue baja,⁸ la prevalencia más elevada se observó en las ciudades de Salta, La Rioja y Catamarca: 18,0%, 14,0% y 9,1%, respectivamente (Avena *et al.*, 2009: 84; Motti *et al.*, 2013: 8).

Con respecto a los linajes de origen africano, Motti *et al.* observaron que la mayor representación se evidenció en la ciudad de La Rioja (3,8%), mientras que se registraron nulas frecuencias en Chepes y Maimará en las provincias de La Rioja y Jujuy y en la ciudad de Salta. En cambio, en otra

7 Estos estudios fueron realizados por Dipierri *et al.*, 1998: 1005; Giménez *et al.*, 2006: 99; Cardozo *et al.*, 2009: 341; López-Parra *et al.*, 2011: e7-e8; Ramallo *et al.*, 2011: 175; Motti *et al.*, 2013: 7; Pauro *et al.*, 2013a: 706; Di Fabio Rocca *et al.*, 2016, versión *online* (Tabla 8).

8 Una de las causas por las cuales se presentan linajes mitocondriales europeos, aunque no por supuesto la única, puede ser el hecho de que las mujeres cautivas de ese origen y/o criollas se convertían, en general, en concubinas de caciques indígenas quienes practicaban la poliginia (Assadourian *et al.*, 2005: 78-79; Mandrini, 2008: 186).

muestra de esta ciudad, Di Fabio Rocca *et al.* (2016, versión *online*) detectaron un 2,4% de ese componente.⁹

En lo concerniente a los linajes paternos amerindios, se constató que su participación es relativamente reducida respecto de los europeos que, en general, predominan. Esta característica se observó en las localidades de Azampay (88%), Sumampa (63,6%) y Villa Atamisqui (50%) de la provincia de Santiago del Estero y en un conjunto de 504 individuos del NOA (65,3%).¹⁰ Valores superiores al 55% de linajes paternos europeos fueron demostrados en casi todos los grupos del noroeste, con las excepciones de las comunidades de Susques (5,0%), Cochinoca (33%), Rinconada (33%) y de la población de La Esperanza, provincia de Jujuy (41,4%).¹¹

Esta singularidad fue observada, también, por Dipierri *et al.*, en el trabajo anteriormente citado, quienes constataron un 40% de esos linajes. Sin embargo, dicha participación presentaba marcadas diferencias, ya que en las localidades de menor altura, como San Salvador de Jujuy, ese porcentaje era del 64,3%, mientras que en la quebrada de Humahuaca fue más bajo (27,6%) debido, seguramente, como señalan los autores, a cierto aislamiento geográfico producido por la altura y como consecuencia de ello, a un menor contacto con grupos alóctonos.

En la ciudad de Salta, se percibió la misma tendencia que en la mayor parte de las comunidades del NOA, con baja presencia paterna amerindia 17,1 y 10,0%, diferencias que se explicarían por los distintos tamaños de las muestras analizadas (ver Tabla 8). Lo mismo aconteció con los haplogrupos paternos de origen africano, dado que las expresiones

9 Ver en la Tabla 8 los datos de Motti *et al.*, 2013: 8 y de Di Fabio Rocca *et al.*, 2016.

10 Ver en la Tabla 8 los valores obtenidos por Pauro *et al.*, 2013a: 706; y Ramallo *et al.*, 2009b: 451-452 y 2011: 172-173.

11 Estos datos fueron obtenidos por Altuna *et al.* (2009: 452) y Bailliet *et al.* (2011: 4, versión *online*) (ver Tabla 8).

más altas se registraron en Tucumán (5,9%) y en la localidad de La Esperanza, Jujuy (5,4%).¹²

En la región del NEA se estudiaron muestras poblacionales de las provincias de Formosa, Chaco, Misiones y Corrientes. La presencia de marcadores genéticos autosomales de origen nativo fue, en términos comparativos, más baja que en el NOA, con un rango de variación que va del 17,3 al 43,0%. Esos datos se corresponden con el importante grado de participación europea que varió del 54,0 al 78,5%, mientras que el valor más elevado de la representación subsahariana fue del 4,2%.¹³ Estos resultados indican que el grado de mestizaje con poblaciones alóctonas fue más importante en el NEA que en el NOA.

En relación a los linajes mitocondriales amerindios se constató que su presencia fue significativa, aunque presentaron menores proporciones respecto del NOA: 60%, 67,2% y 70%. Dentro de esa línea materna amerindia, predominó el haplogrupo A2 (30%), seguramente, porque el mestizaje se habría producido, principalmente, con nativos de origen guaraní que, como ya vimos, presentan elevados porcentajes de ese linaje. Sin embargo, debe señalarse que también fue alta la proporción de C1 (31%) (Catelli *et al.*, 2011).

Por el contrario, los haplogrupos mitocondriales de ascendencia europea no superaron el 31,1%, mientras que los linajes paternos de ese origen alcanzaron valores muy elevados (95,8%) frente a solo el 2,5% y el 1,7% de procedencia amerindia y africana, respectivamente.¹⁴

12 Ver en la Tabla 8 las proporciones estimadas por Avena *et al.*, 2009: 84; Bailliet *et al.*, 2011: versión *online*; Altuna *et al.*, 2009: 452; y Di Fabio Rocca *et al.*, 2016, versión *online*.

13 Estos datos fueron proporcionados por Corach *et al.*, 2010: 70 y por Avena *et al.*, 2012: e34695. En el apartado sobre marcadores informativos de ancestrías (MIAs) comentaremos los resultados alcanzados por estos autores en poblaciones ubicadas en otras regiones geográficas.

14 Ver la Tabla 8, que refiere a los marcadores genéticos moleculares en poblaciones urbanas de las provincias de la Patagonia argentina y otras regiones, los trabajos de Bobillo *et al.*, 2010: 266;

En síntesis, si realizamos un análisis comparativo de ambas regiones del norte argentino (NOA y NEA), se deduce que el grado de participación amerindia en las poblaciones urbanas estudiadas es elevado.

No obstante, en las muestras analizadas, se observaron diferencias porcentuales tanto en las que se determinaron marcadores genéticos biparentales como uniparentales. Estas variaciones pueden deberse, por un lado, a los distintos orígenes étnico y geográfico de las poblaciones nativas que se asentaron en esos territorios y, por el otro, al hecho de haber participado de manera diferencial en el proceso de mestizaje con grupos alóctonos.

Las poblaciones que ocuparon el noroeste argentino han tenido y tienen vinculación con grupos étnicos de la región andina meridional: quechua, aymara y atacama, mientras que los del noreste son de origen, principalmente, tupí-guaraní. Estas diferencias se visualizan claramente cuando se emplean en las determinaciones marcadores genéticos uniparentales como el ADN mitocondrial. Ya hemos señalado que los primeros presentan elevadas frecuencias del haplogrupo mitocondrial amerindio B, mientras que, en los segundos es predominante el haplogrupo A.

Estas disimilitudes han tenido repercusión sobre las poblaciones mestizas de ambas regiones. A diferencia de la elevada participación de los linajes maternos amerindios mitocondriales, los de origen paternos fueron, en términos comparativos, reducidos, salvo en las poblaciones de altura como en la Puna o en la quebrada de Humahuaca donde, por su mayor aislamiento geográfico, el contacto

Corach *et al.*, 2010: 71; Catelli *et al.*, 2011: versión *online*; Bobillo *et al.* analizaron, además, muestras poblacionales del centro y sur del país. En esta última región obtuvieron valores de componente amerindio similares a los registrados en el NEA (60%) y una participación africana del 1%. Mientras que en la región central, el 48,2% y el 2,0% estaban representados por amerindios y africanos, respectivamente.

con grupos alóctonos fue más escaso (ver en la Tabla 8, los datos de Dipierri *et al.*, 1998; Altuna *et al.*, 2009 y Bailliet *et al.*, 2011).

Por último, pudo constatar, en ambas regiones que muestras poblacionales de las mismas localidades o provincias analizadas presentaron variaciones respecto al grado de participación de los componentes amerindio, europeo y africano en el proceso de mestizaje. Estos resultados se explicarían, de acuerdo con lo señalado previamente en los estudios serológicos, por los dispares tamaños de las muestras estudiadas, así como también, por el número y diferentes tipos de marcadores genéticos empleados en esas determinaciones.

b) Regiones Central y de Cuyo

En relación con los marcadores biparentales, en la región central del país, la prevalencia amerindia es menor a la observada en Salta y en otras localidades del norte argentino.

Mediante el análisis de diez marcadores informativos de ancestrías (MIAs) en muestras poblacionales de Córdoba y San Luis se detectaron en la primera 43,6% y en la segunda 40,3% de componente amerindio (García *et al.*, 2015: 327). Las proporciones restantes refieren, principalmente, al aporte europeo, mientras que la participación africana promedio es más reducida y las proporciones son similares en ambas regiones, 1,3% y 1,5%, respectivamente (Tabla 8). En cambio, Corach *et al.* (2010: 69) registraron una menor contribución amerindia (15,1%), elevada participación europea (80,7%) y baja proporción del componente subsahariano (4,2%). Estas significativas diferencias pueden deberse al hecho de que estos autores incluyeron como pertenecientes a la región central muestras provenientes de las provincias de Buenos Aires y Santa Fe que tienen un elevado componente europeo.

En la provincia de Mendoza, Marino (2010: 2) detectó una mayoritaria ancestría europea pero, también, fue muy elevada la participación amerindia y africana, aunque con diferentes porcentajes. Sin embargo, el autor reconoce que los marcadores empleados no fueron los más adecuados para el estudio de ascendencias y consideró que dichas contribuciones pueden estar subestimadas o sobreestimadas. Por esta razón, sugiere que deberíamos tomar esos resultados como provisionarios. Otra cuestión a tener en consideración sobre este trabajo es que la elevada participación del componente africano a nivel biparental (21,0%) y del cromosoma Y (12,0%) difiere marcadamente respecto del porcentaje obtenido por García *et al.* en la ciudad de San Luis (1,5%), localidad que pertenece al igual que Mendoza a la región cuyana (Tabla 8).

A diferencia de los marcadores biparentales, los linajes mitocondriales presentaron una gran variación en las provincias de Córdoba y San Luis, con un elevado predominio de haplogrupos mitocondriales amerindios, los cuales registran valores que van del 41,0 al 94,0%. Es importante subrayar la alta incidencia de linajes mitocondriales africanos en distintas localidades de la provincia de Córdoba que, en su conjunto, promedian un valor del 8,0%. También, la muestra de Mendoza registró un alto porcentaje de líneas maternas del mismo origen (7,0%). En esta provincia, en Villa Tulumaya, se observó la misma tendencia, dado que la proporción de ese linaje alcanzó valores del 5,9%. En cambio, en otras localidades de la región central esa presencia presentó valores más bajos, con un rango de variación que va del 1,8% en poblaciones del sudeste de Córdoba al 5,0% en Concarán, en la provincia de San Luis.¹⁵

15 Ver en la Tabla 8 todos los porcentajes determinados en las poblaciones de la región central de la Argentina: Salas *et al.*, 2008: 664; Motti *et al.*, 2009: 343; 2013: 8; Pauro *et al.*, 2010: 51; 2013: 23; Bobillo *et al.*, 2010: 266; Corach *et al.*, 2010: 70; Catelli *et al.*, 2011: 6.

Por otra parte, tanto en Córdoba como en Mendoza la presencia de los linajes paternos amerindios varió del 2,0 al 7,8%, mientras que los de origen africano estuvieron representados solo por el 1,0% en Córdoba (Salas *et al.*, 2008: 672; García y Demarchi, 2006: 63).

Es importante mencionar que las muestras de Córdoba estudiadas por García y Demarchi presentaban una distribución más homogénea con altos porcentajes de los haplogrupos C y D, a diferencia de las provenientes de San Luis donde prevalecían los haplogrupos mitocondriales A y B. Los elevados porcentajes de C y D en Córdoba son similares a los hallados en Patagonia y Tierra del Fuego, lo cual hizo sugerir a los autores un origen común de esas poblaciones, hipótesis que estaría, también, avalada por evidencias arqueológicas como ya fue señalado previamente, en el capítulo dedicado a analizar la composición genética de las poblaciones indígenas.

En síntesis, si bien pueden observarse variaciones porcentuales de las ancestrías europea, amerindia y africana en los estudios realizados en esta región, comprobamos que cuando se emplean marcadores genéticos biparentales, la participación europea en el acervo génico de las muestras poblacionales analizadas es relativamente mayor respecto de la amerindia. Por el contrario, los linajes mitocondriales amerindios predominan significativamente respecto de los europeos.

Por último, es de remarcar que Córdoba, seguida por Mendoza, presentan la mayor proporción de linajes mitocondriales maternos africanos respecto no solo de las poblaciones de la región central sino, también, de aquellas que habitan en el resto del país.

c) Provincias de Santa Fe y Buenos Aires (incluida el Área Metropolitana)

A partir de la determinación de marcadores genéticos biparentales, se observó en todas las localidades estudiadas una importante contribución indígena, aunque más reducida que las registradas en las anteriores regiones analizadas, con porcentajes que presentaban un rango de variación del 14,7 al 29,0%. Los aportes del componente europeo fueron mayores con proporciones que iban del 67,6 al 81,1% en las ciudades de La Plata y Rosario, respectivamente. Por el contrario, la participación africana presentó valores más bajos con un rango del 0,0% en Bahía Blanca al 6,5% en La Plata.¹⁶

Para estimar los valores del mestizaje en la muestra de la ciudad de La Plata fueron elegidos cinco marcadores autosomales (PSAs)¹⁷ porque, según los autores, presentaban importantes diferencias entre las poblaciones parentales (indígenas, europeas y subsaharianas), y al ser muy informativos les permitían valorar no solo la contribución genética de estas parentales en la población, sino también, sus aportes a nivel individual. Los porcentajes obtenidos en este nivel de análisis fueron similares a los estimados en la muestra poblacional: europeos, 67,6%; indígenas, 25,9%; y africanos, 6,5%.

A partir de estas observaciones concluyeron que como La Plata fue fundada en 1882 por europeos —principalmente italianos— y no hubo una población indígena en esa ciudad, el elevado porcentaje de participación amerindia

16 Ver en la Tabla 8 los porcentajes obtenidos por Martínez-Marignac *et al.*, 2004: 550; Resano *et al.*, 2007: 6; Avena *et al.*, 2012: e34695 y Di Fabio Rocca *et al.*, 2013: 393.

17 PSAs significa *Population-specific alleles*. Se lo traduce al español como “alelos específicos de poblaciones”. También cumplen con esos requisitos los denominados *Single nucleotide polymorphism* (SNPs), en español “polimorfismos de nucleótido único”. El mismo significado tienen los “Marcadores Genéticos Informativos de Ancestras” (MIAs), término que, también, utilizaremos en este apartado.

se habría debido, seguramente, a las migraciones internas desde áreas rurales de la Argentina y de países limítrofes de elevada composición hispano-indígena, ya mestizados en sus lugares de origen. La importante presencia africana se explicaría porque, también, hubo una corriente migratoria de dicho origen hacia esa región (ver Picotti, 2001). Sin embargo, la elevada proporción de los componentes indígena y africano podría estar sobrestimada como consecuencia del empleo de solo cinco MIAs. En la actualidad se estima que para obtener valores confiables de ancestrías se deberían emplear por lo menos treinta de esos sistemas.

En otro estudio, realizado en la ciudad de Bahía Blanca, se determinaron diecinueve polimorfismos Alu (dieciocho autosomales y uno del cromosoma Y).¹⁸ Estos autores, también, detectaron una importante participación indígena (20,9%), aunque la contribución europea fue superior (79,0%). Sin embargo, cuando dividieron la muestra en dos grupos, uno constituido por aquellos que tenían todos los abuelos nacidos en la Argentina y el otro con uno a tres abuelos que nacieron fuera de la Argentina, el primero presentó una menor contribución europea (63,1%) y un aumento de la amerindia (36,8%), en cambio, en el segundo grupo la participación europea fue del 74,2% y la indígena del 25,7 %, lo cual se explica porque la mayor parte de estos abuelos era de origen europeo. No detectaron con estos marcadores la presencia del componente africano (Resano *et al.*, 2007: 6-7).

En la misma muestra poblacional de Bahía Blanca se tipificaron quince STRs autosomales (Parolin *et al.*, 2014: 458, Tabla 8), detectándose, al igual que en el estudio anterior, porcentajes relativamente elevados de presencia indígena; la diferencia se dio en relación al componente subsahariano

18 Para los estudios comparativos entre poblaciones indígenas, europeas y africanas se pudieron emplear solo ocho de estos polimorfismos Alu.

que en este trabajo ofreció un grado de participación del 4,2%. Estos autores emplearon los mismos marcadores genéticos para analizar una muestra de ciento ochenta personas de la ciudad de Mar del Plata, donde obtuvieron resultados que siguieron la misma tendencia que se observó en esta región, es decir, mayor presencia de origen europeo, pero, también amerindio y menor participación del componente africano.

Las investigaciones en el AMBA, que incluye la Ciudad Autónoma de Buenos Aires (CABA), consistieron en el análisis de noventa y nueve marcadores informativos de ancestrías (MIAs). La CABA y la primera corona del conurbano presentaron valores similares de participación indígena, europea y africana: 16%, 80% y 3-4%, respectivamente. La elevada contribución europea cambió sustancialmente en el segundo cordón del Conurbano Bonaerense donde ese componente registró una proporción más baja (68%). Esta variación fue consecuencia, seguramente, del asentamiento en esa zona de un mayor número de migrantes internos, de países limítrofes y del Perú de elevada composición hispano-indígena (Avena *et al.*, 2012: e34695). Más adelante ampliaremos la información obtenida en este trabajo.

En una investigación, anterior a la de Avena *et al.*, se emplearon marcadores genéticos informativos de ancestría con el objetivo de detectar la presencia subsahariana en el AMBA. En este estudio pudo demostrarse un aporte del 2,2% de ese componente, concentrado en un 10% de los individuos muestreados, aunque ninguno con más de 30% de ancestría subsahariana, lo que es compatible con un mestizaje que se corresponde con una antigüedad de varias generaciones (Fejerman *et al.*, 2005: 168-169). De esta manera fue posible considerar la dimensión temporal del mestizaje

La ciudad de Rosario presentó similares porcentajes de mestizaje que el AMBA. Es importante resaltar que esos

resultados coincidieron con los estimados a partir de la misma muestra, mediante la determinación de marcadores genéticos proteicos (Di Fabio Rocca *et al.*, 2011: 112; 2013: 393-394, ver Tablas 7 y 8).

En relación a los marcadores genéticos uniparentales, se comprueba en toda la región, una muy elevada presencia de linajes maternos amerindios que presentan un rango de variación que va del 44,8% en La Plata al 60,6% en Rosario. Como consecuencia de ello, en esta última ciudad se detectó el porcentaje más bajo, en términos relativos, de linajes mitocondriales de origen europeo (38,3%) frente al 51,0% y 51,8% del AMBA y Bahía Blanca, respectivamente. En cambio, los linajes maternos africanos presentaron valores más reducidos variando del 0,0-0,5% al 3,0%.

Con otro enfoque, se estudiaron dos submuestras poblacionales, una de obreros temporarios de la ciudad de La Plata y la otra de empleados universitarios de la Universidad de esa misma ciudad. La primera submuestra presentaba un 72% de linajes amerindios frente al 28% de europeos, en cambio, los empleados universitarios registraron un 32%, 58% y 3% de linajes indígenas, europeos y africanos, respectivamente (hubo un 7% de linajes indeterminados). El porcentaje más elevado de haplogrupos maternos amerindios entre el sector obrero estaría demostrando que estos tienen un mayor componente hispano-indígena. La presencia subsahariana solo se evidenció en la submuestra universitaria (Martínez Marignac *et al.*, 1999: 295).

Como en todas las poblaciones urbanas de América Latina, la proporción de líneas paternas indígenas es, también, muy baja en esta región. En la Tabla 8, observamos que el menor valor se registra en Bahía Blanca (3,8%) y el mayor en La Plata (9,4%). Solo se detectaron linajes paternos africanos en el AMBA (1%).¹⁹

19 En la Tabla 8 se presentan los autores que realizaron estos estudios y los porcentajes de participación indígena, europea y subsahariana en la composición genética de las poblaciones analizadas.

A partir de estas investigaciones pudo percibirse la presencia de componentes de origen amerindio y africano en los acervos génicos de las poblaciones de distintas ciudades de la provincia de Buenos Aires y de otras ubicadas en la misma región pampeana. No obstante, la prevalencia de ancestrías europeas es mayor, característica que también se observa en poblaciones ubicadas en distintas áreas del centro geográfico de la Argentina; pero, en estos casos, las contribuciones de cada uno de los componentes que intervinieron en el proceso de mestizaje difieren a nivel porcentual. Todos estos valores han sido presentados en la Tabla 8.

e) Región patagónica

En esta región los porcentajes de participación amerindia, europea y subsahariana a nivel de marcadores autosomales biparentales se analizaron en muestras poblacionales de las provincias de Río Negro y del Chubut (ver Tabla 8). Se observó que la participación del componente amerindio es más baja, en términos comparativos, que la observada en el norte y ligeramente más elevada que la del centro del país, con valores que varían, según el tipo de marcadores genéticos empleados y el tamaño de las muestras, del 27,7 al 44,0% (Corach *et al.*, 2010: 69; Avena *et al.*, 2012: e34695).

No incluimos en este rango el valor de 57,2% de participación indígena, estimado por Sala y Corach (2014: 1537), porque se realizó sobre muestras de personas de Río Negro y del Chubut que tenían apellidos mapuches. El objetivo de estos autores fue comparar esos datos con los obtenidos sobre muestras aleatorias de las mismas poblaciones de esas provincias. Más adelante comentaremos con más amplitud este trabajo.

Ver Martínez-Marignac *et al.*, 2004: 549; Avena *et al.*, 2007: 6-8; Carnese *et al.*, 2011: 182-184; Parolin *et al.*, 2012: 56 y Di Fabio Rocca *et al.*, 2013: 394.

Por otra parte, el componente africano presentó el mayor registro en Puerto Madryn (PM = 2,4%) y en Comodoro Rivadavia (CR = 4,0%) (Parolin *et al.*, 2013: 67; Avena *et al.*, 2012: e34695).

Un hecho importante a analizar en estas poblaciones refiere a las diferencias observadas en relación a la presencia del componente europeo. La muestra de PM registra una relativa mayor influencia de personas de ese origen, cuando la comparamos con las observadas en las otras dos localidades patagónicas. Para comprender esas disimilitudes el análisis de las genealogías se constituyó en una herramienta fundamental. Se pudo corroborar que el 23,1% de los abuelos y el 75,0% de los bisabuelos²⁰ de los dadores de sangre de PM que participaron en el estudio eran de origen europeo. Estos datos demuestran la influencia que estos ancestros han tenido sobre los descendientes de la población actual (Tabla 9).

Lo que se observa a partir de los datos genealógicos es que la proporción de individuos de origen europeo va disminuyendo de generación en generación, solo en CR se registraron tres dadores de ese origen.

Fue importante la inmigración de países limítrofes. Del total, los porcentajes de migrantes chilenos representaron el 71%, 87% y 83% de las muestras poblacionales de Puerto Madryn, Comodoro Rivadavia y Esquel, respectivamente. Estos valores coinciden con los registrados en el Censo Nacional de Población y Vivienda (2001) y en el de la Dirección Provincial de Estadística del Chubut (2010) que otorgaban, en el mismo sentido, para las poblaciones de ambas ciudades un porcentaje de 86% y 83% de inmigración chilena (ver Avena *et al.*, 2010: 7).

20 Los europeos estaban representados por italianos (29,0%), españoles (26,3%), galeses (5,9%), de otros países de ese continente y de Medio Oriente (13,9%). Esta fue la única muestra poblacional en la que se logró recabar suficiente información sobre la generación de los bisabuelos.

Tabla 9.
Lugar de nacimiento de los abuelos de los participantes en el estudio

Lugar de obtención de las muestras	Nacidos en la misma ciudad		Centro		Patagonia		NOA		NEA		Cuyo		Otras regiones de Argentina		Sudamérica		Europa		Total de Abuelos
	N	%	N	%	N	%	N	%	N	%	N	%	N	%	N	%	N	%	
AMBA	237	15,6	217	14,3			133	8,8	122	8,0	45**	2,9	73	4,8	140	9,2	527	34,8	1514*
BB	46	7,0	48	7,3	29	4,4	14	2,1	19	2,9	22	3,3	161***	24,5	84	12,8	233	35,5	656
CR	4	1,5	20	7,6	23	8,8	32	12,2	7	2,7	9	3,4			110	41,9	57	21,7	262
PM	8	2,4	97	29,6	42	12,8	13	4,0	6	1,8	10	3,0	33	10,1	42	12,8	77	23,5	328
Esquel	36	25,7	13	9,2	16	11,4	9	6,4	1	0,7	2	1,4			33	23,6	30	21,4	140

En ese aspecto, PM se diferencia de las otras muestras poblacionales de la región patagónica, debido a que recibió un menor número de inmigrantes de países limítrofes y del NOA que poseen un elevado componente hispano indígena. Adicionalmente, la mayor parte de migrantes internos arribó del centro del país²¹ que, según los datos históricos y demográficos, cuenta con una importante presencia de aporte europeo. Esta situación explica los porcentajes diferenciales de flujo génico determinados a partir de los marcadores genéticos biparentales, ya que PM registra en ese proceso de mestizaje una mayor participación europea: PM (67,2%), CR (55,0%) y Esquel (53,2%)²² (Parolin *et al.*, 2013: 67; Avena *et al.*, 2012: e34695) (Tabla 8).

La situación es diferente a nivel del ADNmt, la proporción de linajes maternos autóctonos es elevada en todas las muestras estudiadas, alcanzando Esquel valores cercanos al 80%, aunque esa proporción baja al 60% en Puerto Madryn en concordancia con lo observado a nivel biparental. Por el contrario, el grado de presencia de haplogrupos maternos de orígenes europeo y africano es baja, el primer componente no supera el 37,7% en Puerto Madryn (Parolin *et al.*, 2013: 68) y el segundo el 3,1% (Corach *et al.*, 2010: 71). Ver en la Tabla 8 los datos de Avena *et al.*, (2009a: 32, 2010: 5), donde puede observarse la nula presencia de linajes maternos africanos.

Las tres poblaciones comparten elevadas frecuencias de los haplogrupos mitocondriales amerindios C y D que se corresponden con lo encontrado en las poblaciones mapuches, tehuelches, huiliches y pehuenches ubicadas en el suroeste argentino y chileno que, seguramente, han contribuido a la com-

21 La fundación de la planta productora de aluminio ALUAR en la década de 1970, junto con otros desarrollos como el turismo y la pesca, atrajeron un gran número de migrantes de Buenos Aires, Santa Fe, La Pampa, Córdoba y Entre Ríos (Parolin *et al.*, 2013: 73) (Tabla 9).

22 En CR y Esquel las tipificaciones serológicas ofrecieron valores similares a las determinadas a nivel molecular: 59,6% y 51,2%, respectivamente (Tabla 7).

posición genética de esas poblaciones (Avena *et al.*, 2010: 10; Parolin *et al.*, 2013: 68).

Otra semejanza es que Esquel y CR presentan relativamente altas frecuencias del haplogrupo B, 28,3% y 33,3%, respectivamente (Avena *et al.*, 2010: 10) como consecuencia, probablemente, de las migraciones provenientes del NOA, comunidades que han tenido un estrecho contacto con poblaciones andinas que registran elevadas proporciones de ese linaje (ver Lewis *et al.*, 2004).²³

Por el contrario, es escasa la frecuencia del haplogrupo A (2,0 a 4,0%) porque las poblaciones nativas que habitaban y habitan en la región patagónica presentan esa característica y, además, debido al reducido o nulo contacto que han tenido con grupos del noreste del país que, como los guaraníes, se destacan por ser portadores de elevadas frecuencias de ese linaje (84,0%, Marrero *et al.*, 2007).

Por otra parte, la participación de linajes paternos amerindios está escasamente representada, aunque el porcentaje de la muestra de Esquel (23%) es relativamente elevado en comparación con las estimaciones realizadas en otras poblaciones de la Patagonia e incluso con aquellas que habitan en la región central del país y en las provincias de Buenos Aires y Santa Fe. Este hecho podría explicarse porque Esquel, probablemente, pudo mantener uniones biológicas endogámicas por más tiempo, debido a que esta región fue uno de los últimos territorios en ser incorporados al Estado Nacional (Avena *et al.*, 2010: 8). En ese sentido es importante remarcar que para toda la provincia del Chubut, Sala y Corach (2014: 1539) obtuvieron resultados similares (27%). En cambio, la presencia de haplogrupos paternos de origen

23 Hay que tener en consideración que en el caso particular de CR, el elevado componente autóctono no se debe solo a un hecho local sino, también, es producto de las migraciones de poblaciones del NOA y de países limítrofes de elevada composición hispano-indígena, atraídas por el desarrollo de la industria petrolera.

africano presentó para toda la región patagónica valores que no superaron el 2% (ver Tabla 8).

Sala y Corach (2014: 1538-1540) analizaron otras tres muestras, además, de la del Chubut, una proveniente de la provincia de Río Negro y otra de ambas provincias, pero de individuos portadores de apellidos mapuches y una última perteneciente a personas de la provincia de Buenos Aires. En estos estudios determinaron quince STRs autosomales y diecisiete STRs del cromosoma Y y ADN mitocondrial. La mayor participación indígena se observó entre los individuos que registraban apellidos mapuches, comparada con las detectadas en las muestras del Chubut y Río Negro, mientras que la más baja presencia de ese componente se presentó en la provincia de Buenos Aires.

Con respecto a los marcadores genéticos uniparentales, la muestra urbana portadora de apellidos mapuches presentó elevados valores de linajes maternos amerindios (95,5%), mientras que los de origen paterno fueron proporcionalmente más bajos, aunque con valores superiores a los de procedencia europea. En cambio, en las poblaciones urbanas del Chubut y Río Negro, hubo un mayor predominio de haplogrupos paternos alóctonos (ver Tabla 8).

3. Algunas conclusiones

En las investigaciones arriba comentadas, se comprobó que el grado de participación de los componentes indígena, europeo y africano en las distintas regiones analizadas presentó características propias en relación al proceso de mestizaje, y el aporte autóctono y subsahariano resultó mayor a lo comúnmente aceptado.

En el noroeste y noreste hay un elevado predominio del componente autóctono, superior al observado en el centro

del país,²⁴ en las provincias de Buenos Aires y Santa Fe y en las poblaciones ubicadas en la región patagónica.

Debe destacarse, en general, la existencia de una marcada asimetría por género con una preponderancia de linajes maternos amerindios, lo cual indica que fue principalmente la mujer, no el varón indígena, la que contribuyó activamente al proceso de mestizaje.

La elevada proporción de linajes maternos amerindios en todas las regiones estudiadas se explicaría porque los conquistadores europeos que llegaron a América eran, principalmente, varones lo que favoreció las uniones biológicas con mujeres indígenas. Estas relaciones en algunos casos fueron “consentidas” por las relaciones de poder asimétricas, e incluso fueron producto de violaciones. Otro factor que incidió en la elevada frecuencia de esos linajes se debió a que los españoles practicaron la poligamia en la época colonial.

Por consiguiente, debido, seguramente, a las causas arriba mencionadas, los haplogrupos paternos europeos predominaron, en casi todos los casos, sobre los de origen indígena.

Las diferencias observadas entre las poblaciones estudiadas nos advierten de la existencia de especificidades que son especialmente importantes en países de gran extensión y diversidad biológica como la Argentina, por lo que no puede abordarse el análisis de la composición genética de la población del país sin dar cuenta de las particularidades regionales (Avena *et al.*, 2010: 10).

Estas investigaciones demuestran el fuerte impacto que el mestizaje ha tenido sobre la población argentina y desmitifica el hecho de considerar a nuestro país como constituido casi exclusivamente por europeos y sus descendientes.

24 En este libro, convencionalmente, consideramos a las provincias de Córdoba, San Luis, San Juan y Mendoza como ubicadas en el centro del país. No incorporamos en esta región a las provincias de Buenos Aires y Santa Fe. En el sur fueron incluidas todas las poblaciones de la Patagonia argentina.

En otros países de Sudamérica se están desarrollando estudios similares, particularmente en Uruguay y Brasil, con el empleo de marcadores uni y biparentales (Pena *et al.*, 2000; Sans *et al.*, 2002; Sans y Figueiro, 2005; Sans, 2011; una revisión sobre estas investigaciones en Brasil fue realizada por Santos y Maio, 2004). En todos estos estudios, también, se ha observado una elevada participación de linajes maternos amerindios, lo cual parece ser una constante en la historia de las poblaciones cosmopolitas sudamericanas y, también, ciertas diferencias, en particular referidas a los linajes maternos africanos, lo cual nos remite a las particularidades históricas regionales y nacionales.

Para tener un panorama más acabado acerca de cómo se ha dado este proceso de mestizaje y sus características particulares, hay trabajos en que se analizaron muestras que incluyen poblaciones de distintas regiones del país que han sido estudiadas, cada una de ellas, mediante la determinación de los mismos marcadores genéticos, tanto autosomales como uniparentales. En las páginas siguientes comentaremos algunas de estas investigaciones.

4. Marcadores genéticos informativos de ancestrías

Regiones del noroeste, noreste, centro y sur de la Argentina

Existen varios trabajos sobre esta temática. En este apartado comentaremos tres de ellos. Las muestras poblacionales estudiadas, los tamaños de las mismas y el número de marcadores genéticos determinados se presentan en la Tabla 8.

Seldin *et al.* (2007: 458) analizaron muestras de personas que concurrieron a los Servicios de Reumatología de hospitales de diferentes ciudades de la región pampeana de la Argentina: Buenos Aires (15), Córdoba (33), Santa Fe (33), Mar del Plata (11) y La Plata (2) y detectaron, mediante la

determinación de 78 SNPs, un promedio de 18% y 1,7% de componentes amerindio y africano, respectivamente. Estos resultados los consideraron como propios del conjunto de la población argentina, como el título del artículo lo indica: “*Argentine population genetic structure: Large variance in Amerindian contribution*”. Sin embargo, al incluir una muestra de origen centro-pampeano como representativa de todo el país, los autores no tuvieron en cuenta las especificidades regionales, como bien señalaron Avena *et al.* (2010).

Más adelante, Corach *et al.* (2010: 69) estudiaron muestras de individuos que participaban en pruebas de paternidad distribuidos en ocho provincias de la Argentina. En el noreste, incluyeron a las provincias de Formosa, Chaco, Misiones y Corrientes (N = 61); en la región central a Santa Fe y Buenos Aires (N = 150) y en el sur a 31 individuos de las provincias de Río Negro y del Chubut. Para esta investigación determinaron 24 SNPs.

Estos autores detectaron para el conjunto de la muestra una media del 78,6%, 17,3% y 4,2% de ancestrías europea, amerindia y africana, respectivamente. No obstante, observaron diferencias a nivel regional con mayor participación indígena en el sur y noreste respecto del centro del país, en cambio, las ancestrías africanas presentaron similares variaciones en las tres regiones: 3,8 a 4,2% (Tabla 8).²⁵

Posteriormente en 2012, nuestro equipo de trabajo en colaboración con profesionales de otros centros de investigación del país y del extranjero, realizó un estudio para estimar el flujo génico poblacional e individual de las mismas muestras que se presentan en la Figura 2, con la excepción de Rosario. El número de personas estudiadas se distribuyó de la siguiente manera: AMBA (N = 168), Bahía Blanca (N = 95), Comodoro Rivadavia (N = 60), Esquel (N = 48), Salta (N = 37) y Noreste

25 Sobre las mismas muestras poblacionales, estos autores analizaron marcadores genéticos uniparentales, cuyos resultados son comentados en el capítulo correspondiente.

(Chaco, Misiones, Formosa y Corrientes, N = 33). Para esa estimación se determinaron 99 SNPs.

Los valores de ancestrías europeas obtenidos (65%) fueron inferiores a los de los trabajos comentados anteriormente; el componente indígena registró, en términos comparativos, mayor representatividad (31%) y el africano presentó un porcentaje similar en casi todas las regiones (4%). Siguiendo con el análisis de nuestros datos se observó que, cuando los individuos se agruparon según las regiones de residencia en la provincia de Buenos Aires, que incluye la CABA y Bahía Blanca, la ancestría europea fue del 76%; y se registraron valores intermedios en las muestras poblacionales del NEA y del Sur (54%), mientras que, en el NOA el porcentaje de ancestrías de ese origen no superó el 33% (Avena *et al.*, 2012: e34695).

Cuando las muestras de la CABA y de Bahía Blanca se analizaron de manera independiente, la primera dio como resultado valores más elevados de ancestrías europeas (79,0%) que la segunda (72,0%).²⁶

Se detectaron, también, diferencias dentro del AMBA, donde la participación indígena fue mayor en la segunda corona del Conurbano Bonaerense, dado que es la zona donde se asentaron mayoritariamente individuos provenientes del norte del país, de países limítrofes y de Perú, de elevada composición hispano-indígena (Tabla 8).

Cuando se evaluó a nivel individual el grado de participación de los componentes amerindio, europeo y subsahariano, se verificó que en la primera corona del Conurbano 25 de 47 personas, es decir el 53%, compartían tres ancestrías, mientras que, en la segunda corona lo hacían 9 (41%) de 22 individuos. Esto nos indica que los indígenas y subsaharianos tuvieron una significativa participación en el proceso de mestizaje que se registró en el país.

26 Datos propios elaborados a partir de la información proporcionada por Avena *et al.* (2012).

Otra cuestión que debe remarcar se refiere a que se observaron importantes diferencias regionales. Al comparar las muestras del NOA con las del NEA, se detectó a nivel individual, que en la primera las contribuciones europeas y amerindias estaban comprendidas en un rango de variación del 0 al 100%, mientras que en el NEA esos valores fueron del 5 al 60% y del 25 al 90%, respectivamente. Esto nos advierte que el mestizaje fue más intenso en el NEA de acuerdo con los datos históricos que nos informa sobre el extenso uso del guaraní, incluso entre personas con poca ascendencia amerindia (Luciaoli, 2010: 33; Avena *et al.*, 2012: e34695).

Además, la mayor parte de las personas muestreadas tiene más de una ancestría, hasta un sexto de ellas tendría un detectable aporte africano, aunque ninguna supera el 35% de componente subsahariano, lo que nos indicaría un mestizaje de antigua data (Avena *et al.*, 2012: e34695).

Otro hecho interesante fue la fuerte correlación que se percibió entre el origen de los abuelos de cada individuo y su ancestría genómica. La ancestría europea promedio entre las personas con un abuelo europeo era del 80% y del 54% con ningún abuelo de ese origen. Con 2, 3 y 4 abuelos, ese valor fue del 79%, 86% y 91%, respectivamente. De esta manera se observa que el mayor cambio se da entre 0 y 1 abuelo europeo. Esto probablemente refleje el efecto de una elección de pareja no al azar, sino en mayor medida entre personas con un origen similar (ibídem, 2012).

La genealogía puede ser un buen predictor de la ancestría, sin embargo, se aprecia que con los cuatro abuelos declarados como europeos no se llega al 100%. En un trabajo sobre una muestra poblacional estadounidense el 100% declaró tener ascendencia europea, pero los datos genómicos ofrecieron valores del 93% de ese origen (Lao *et al.*, 2010: E1878). Estas diferencias pueden deberse a limitaciones metodológicas, pero, también podría tratarse de un real aporte autóctono, tan es

así que dos de esas personas registraron un tercio de ancestría amerindia. Debe tenerse en cuenta que en Latinoamérica en general y en la Argentina en particular, el origen europeo tiende a ser sobreestimado al ser socialmente percibido como más deseable (Avena *et al.*, 2012).

En síntesis, se comprueba que los porcentajes de flujo génico varían a nivel regional, incluso dentro de cada región existen diferencias como las que detectamos a nivel del AMBA y en el sur del país. Además, debe destacarse el importante porcentaje de individuos portadores de las tres ancestrías genómicas, entre los habitantes de la primera y segunda corona del Conurbano Bonaerense.

Del análisis realizado, también, deben remarcarse los aportes de los datos demográficos, dado que, salvo excepciones, se observó cierta correlación entre las ancestrías genealógicas y las genómicas.

Por otra parte, los resultados de los tres trabajos descriptos presentaron la misma tendencia, una prevalencia europea en la región central de la Argentina y en la CABA, mayor presencia amerindia en el norte y sur del país y una participación subsahariana que, salvo algunas excepciones, tiene una distribución más homogénea a lo largo de todas las regiones estudiadas.

Las diferencias porcentuales que presentan nuestros datos respecto de los registrados en los trabajos de Seldin *et al.* y Corach *et al.* se deben, seguramente, a que en el primer caso la estimación de flujo génico se realizó a partir de muestras de la región pampeana, incluida la provincia de Córdoba, mientras que, en el segundo los autores no incorporaron las del noroeste argentino, región que presenta una elevada composición indígena. Otros elementos que hay que tener en cuenta para explicar esas variaciones se refieren a que en los tres estudios se emplearon diferentes números y tipos de marcadores genéticos informativos de ancestrías.

Para intentar resolver este problema, será necesario fijar criterios similares a la hora de obtener las muestras biológicas y determinar en ellas los mismos marcadores genéticos. Con respecto a los marcadores genéticos informativos de ancestrías se está demostrando que para tener resultados confiables deberían utilizarse por los menos treinta sistemas. La resolución de estas cuestiones es fundamental a los efectos comparativos.

Otro aspecto que hay que tener en consideración y que tiene relación con la obtención de las muestras refiere al conocimiento del origen étnico, geográfico y de la historia demográfica de las poblaciones que participan en estas investigaciones. La necesidad de articular esa información con los datos biológicos la ejemplificaremos a través de los estudios de ADN mitocondrial que realizamos en el AMBA y en las ciudades de Bahía Blanca, Comodoro Rivadavia, Puerto Madryn y Esquel.

5. Variaciones a nivel regional de los haplogrupos del ADN mitocondrial

Hemos visto en los capítulos anteriores que el análisis de los linajes mitocondriales y del cromosoma Y nos informa sobre la variabilidad genética existente a nivel intercontinental. Esa diversidad se da, también, al interior de cada continente como consecuencia de migraciones o por el surgimiento de nuevas mutaciones.

Veamos un ejemplo sobre la distribución diferencial de los haplogrupos del ADN mitocondrial que certifica esta aseveración. A partir de los linajes uniparentales determinados en el Área Metropolitana de Buenos Aires (AMBA) y en Bahía Blanca (BB), obtuvimos porcentajes similares de haplogrupos mitocondriales amerindios: 50,0-48,0% y 46,7%,

respectivamente (Dejean *et al.*, 2003: 65; Avena *et al.*, 2007: 71; Carnese *et al.*, 2011: 182). Sin embargo, se registraron diferencias significativas sobre la distribución regional de esos linajes, tanto es así que en BB los haplogrupos C y D sumados representaron el 72% de la muestra analizada, mientras que, ese valor fue menor en el AMBA (52%) (Avena *et al.*, 2007: 71). Este hecho se explica, en parte, por la distinta procedencia de los inmigrantes hacia esas ciudades. La información genealógica recolectada demostró que, en las últimas décadas, el principal flujo migratorio que recibió BB provenía del sur de la región pampeana, Patagonia, Cuyo y Chile, en cambio, el AMBA ha sido, principalmente, un centro receptor de migrantes del norte argentino y, de países limítrofes de esa región.

De acuerdo con los datos genealógicos, en BB el 86% de los inmigrantes sudamericanos era de origen chileno, mientras que el contingente más numeroso en el AMBA estaba constituido por paraguayos (53,6%), además de bolivianos, uruguayos y peruanos. Como ya hemos señalado, tanto en Chile como en las poblaciones urbanas y nativas de Patagonia las frecuencias de los haplogrupos C y D son elevadas, en cambio, es baja la proporción del haplogrupo A.²⁷

Por el contrario, en autóctonos del noreste del país, así como en Paraguay, son más altos los valores de A y bajos los de C y D como lo demuestran los estudios realizados en poblaciones guaraníes por Marrero *et al.* (2007: 304), donde los porcentajes de A representan el 84% de la totalidad de los haplogrupos analizados, siendo nula la presencia de B.

Estas diferencias a nivel de los haplogrupos uniparentales son consecuencia de la historia sociodemográfica y migrato-

27 Estos datos refieren al origen geográfico y étnico de los abuelos y padres de las personas que participaron de las muestras de BB y del AMBA. Con respecto a BB, el porcentaje de inmigrantes chilenos obtenido de nuestra muestra concuerda con el del Censo Nacional de Población, Hogares y Viviendas, de 2001, donde ese valor era del 89% de los extranjeros para esa ciudad (Avena *et al.*, 2007: 69-71).

ria de las poblaciones del AMBA y de BB, por consiguiente, tiene sentido preguntarnos cuándo y dónde se produjeron esos cambios determinantes de las disimilitudes observadas.

En el AMBA, la presencia amerindia en el mestizaje se explica por las migraciones internas, principalmente, del norte argentino y de los países limítrofes de elevada composición hispano-indígena. Esta aseveración coincide con la información empírica, dado que el 83% de los linajes maternos amerindios proviene de esas regiones (Carnese *et al.*, 2011: 186-191).

Estos datos están relacionados con el comportamiento matrimonial de los abuelos europeos de los participantes en el estudio, que era altamente endogámico. El 90% de las mujeres de ese origen se unía con hombres de la misma procedencia geográfica. Esa tendencia se observó, también, entre los abuelos que pertenecían a otros grupos étnicos (Carnese *et al.*, 2011: 186).

Esta elevada endogamia fue igualmente detectada en un estudio que se realizó a partir de los Registros de Nacimientos, Matrimonios y Muertes de la ciudad de Buenos Aires, donde se analizaron los tipos de matrimonios de españoles y sus descendientes durante el período 1890-1900 y se constató que, de un total de 1.100 matrimonios, el 56% era endogámico y el 44% exogámico, productos de uniones entre hombres que habían nacido en la Argentina y mujeres españolas. Sin embargo, de ese 44% de matrimonios exogámicos, el 32%, 17% y 10% de los hombres eran descendientes de españoles, italianos y franceses, respectivamente, mientras que el 41% restante tenía apellidos de origen italiano y español (Caratini *et al.*, 1996: 66-69).

En el mismo sentido, otros autores analizaron las pautas matrimoniales de los italianos entre los siglos XVIII y XIX y comprobaron la misma tendencia endogámica. Hay que señalar que esta corriente migratoria fue la más importante de la Argentina (Seefeld, 1986: 214-223; Devoto, 2003: 247).

Basándonos en estos datos, podemos postular que el mestizaje entre europeos o sus descendientes con hispano-indígenas no fue significativo en el AMBA.

Si bien esta región registra un elevado porcentaje de linajes mitocondriales amerindios (44-50%),²⁸ esa participación en su acervo génico no fue producto de un mestizaje *in situ*, dado que, como fue señalado anteriormente, el 83% de esas líneas nativas ha sido aportado por migrantes ya mestizados en sus lugares de origen y que provienen, principalmente, del norte del país, de los países limítrofes y del Perú.

En definitiva, podemos concluir que en el AMBA no existió lo que, erróneamente, se llama “crisol de razas” como habitualmente se sostiene, tanto en medios populares como académicos. Por consiguiente, la presencia amerindia en este área se corresponde con un hecho migratorio reciente.²⁹

Por último, nos parece importante volver a remarcar que este proceso de mestizaje tiene una marcada profundidad histórica que comienza en la época colonial y poscolonial temprana y que ha sido poco relevante en etapas posteriores, particularmente, en la región central del país, que incluye una parte importante del litoral argentino.

Por otra parte, Bahía Blanca estaba ubicada en una región que estuvo fuera del dominio estatal español y fue territorio indígena hasta fines del siglo XIX, por lo tanto, es dable suponer que el proceso de mestizaje tendría que haberse producido, también, en tiempos recientes (Avena *et al.*, 2007: 72).

28 Ver los trabajos de Dejean *et al.*, 2003 y Carnese *et al.*, 2011.

29 Actualmente se siguen empleando esos términos erróneamente, dado que, a nuestro criterio y el de otros autores, el mestizaje se da entre poblaciones y no entre “razas”. Más aun, el vocablo crisol, en este caso, tampoco estaría bien utilizado. El *Diccionario de la Real Academia Española* lo define como un material refractario que sirve para fundir un metal a temperaturas muy altas, usado en la industria química y metalúrgica. Para nuestro caso, el problema está en el término *fundir* que indica que dos productos se mezclan para crear otro nuevo. Este proceso no se da en el mestizaje biológico, dado que, como ya hemos comentado, los genes no se “mezclan” en la descendencia.

Sin embargo, a pesar de ese “aislamiento”, Darwin (1845) comentaba que en esa región “la mayor parte de los soldados eran producto de un cruzamiento entre negro, indio y español”. En el mismo sentido, Avena *et al.* (2007: 72), citando a Vezub (2005), señalan la presencia, de acuerdo con un reporte médico militar de la época, de un importante porcentaje de africanos y brasileños entremezclados con oriundos de otras provincias, así como también, de algunos europeos y un “tehuelche” de apellido cristiano. La presencia subsahariana en las comunidades autóctonas se explica, en parte, porque miembros de ese origen desertaban de las guarniciones de frontera, debido a las difíciles condiciones de vida que debían soportar en los fortines.

Además, existen datos que demostrarían que la toma de cautivos españoles/as y/o criollos/as parece haberse extendido hasta el siglo XVI, si bien se reconoce que fue más frecuente en el siglo XIX (Socolow, 1987: 111).

Estos contactos posibilitaron el flujo génico, hecho que pudo corroborarse en poblaciones aborígenes actuales de la Patagonia, donde se ha detectado mestizaje con europeos y subsaharianos (Carnese *et al.*, 1996: 40, 2003: 71; Goicoechea *et al.*, 2001: 138).

Por consiguiente, de acuerdo con la información histórica, el mestizaje en la población de Bahía Blanca tendría, a diferencia del AMBA, una mayor profundidad temporal pese a que permaneció fuera del dominio de la monarquía española hasta fines del siglo XIX.

En síntesis, los datos genéticos obtenidos en estas poblaciones demuestran la existencia de una distribución diferencial de los haplogrupos mitocondriales que participaron del mestizaje, la cual está relacionada con el origen geográfico y étnico de sus portadores.

Por otra parte, debe remarcararse que el aporte de los datos genealógicos e históricos fue fundamental a la hora de

explicar la información biológica obtenida, así como también, la evaluación del grado de profundidad del proceso de mestizaje que se dio en ambas regiones.

En conclusión, en este capítulo hemos analizado el mestizaje en poblaciones urbanas de la Argentina mediante la utilización de marcadores serológicos y moleculares: ADN nuclear, mitocondrial y marcadores informativos de ancestrías. La pregunta que nos formulamos es si la determinación de esos marcadores genéticos ha tenido la misma o similar definición a la hora de evaluar el grado de mestizaje de las muestras poblacionales estudiadas. La respuesta a esa pregunta será analizada en el siguiente apartado.

6. Análisis comparativo de las determinaciones serológicas y moleculares de las poblaciones urbanas del país

Las investigaciones realizadas mediante la aplicación de técnicas serológicas permitieron conocer las estructuras genéticas de las poblaciones de diversas regiones del mundo. Estos estudios se realizaron y realizan, principalmente, mediante la tipificación de antígenos grupales sanguíneos, de las enzimas eritrocitarias y séricas, de las inmunoglobulinas y del sistema HLA. Estas proteínas se expresan en la superficie de los glóbulos rojos, en los linfocitos o en forma soluble en el plasma sanguíneo y son codificadas por genes ubicados en distintas regiones del genoma humano.

Por lo tanto, con la aplicación de estas técnicas se logra individualizar los productos de la actividad génica, pero no los genes o segmentos del genoma. En cambio, las determinaciones moleculares llegan al meollo de la cuestión, porque tienen la capacidad de detectar directamente las variantes polimórficas de los genes, así como también de segmentos genómicos o de la totalidad del genoma.

Debido a las características diferenciales de estos dos recursos técnico-metodológicos nos hemos preguntado si ambos tienen la misma o similar definición para evaluar la composición genética de una población y su grado de mestizaje.

Para responder a esa pregunta comparamos los valores de flujo génico estimados a nivel serológico y molecular, sobre las mismas muestras poblacionales estudiadas por nuestro equipo de investigación: AMBA, Bahía Blanca, Esquel, Comodoro Rivadavia y Salta.

En la Tabla 10 pueden observarse las poblaciones analizadas, los tamaños muestrales y el grado de participación en el mestizaje de los componentes amerindio, europeo y subsahariano. Por insuficiencia de material biológico no hemos podido incluir las muestras del NEA y del NOA.

Como puede observarse, las muestras poblacionales del AMBA, de Bahía Blanca, de Esquel y de Comodoro Rivadavia presentan valores similares de flujo génico tanto a nivel proteico como molecular. Si tenemos en consideración los amerindios y europeos se comprueba que los porcentajes obtenidos son similares, la mayor disimilitud no supera el 5%, mientras que los subsaharianos registran proporciones semejantes en todos los casos.

La mayor diferencia se registró en Salta, aunque, en ambas determinaciones se evidenció la misma tendencia, es decir, una acentuada participación amerindia en el acervo génico de la población. Los diferentes tamaños muestrales también pudieron haber jugado algún rol en las diferencias observadas. En cambio, fueron similares en ambos casos los porcentajes obtenidos respecto del componente subsahariano.

Estos datos demuestran la solidez informativa que tienen los marcadores genéticos proteicos, ya que los porcentajes de flujo génico alcanzaron valores equivalentes o próximos a los que se obtuvieron a nivel molecular.

Por esa razón, consideramos que las estimaciones realizadas a nivel poblacional a partir de las determinaciones

Tabla 10.
Comparación de los valores estimados entre las determinaciones serológicas
y moleculares en poblaciones urbanas del país

Poblaciones	N	Proteicos*			N	Moleculares **		
		Amerin- dio	Euro- peo	Afri- cano		Amerin- dio	Euro- peo	Afri- cano
AMBA ***	427	15,2	81,0	3,8	168	17,0	79,0	4,0
Bahía Blanca	183	19,5	76,9	3,6	96	24,0	72,0	4,0
Esquel	59	46,9	51,2	1,9	48	44,5	53,2	2,4
Comodoro Rivadavia	72	36,7	59,6	3,8	60	42,0	55,0	3,0
Salta	152	54,0	41,0	5,0	37	63,0	32,0	5,0
TOTAL	930				441			

* Los datos proteicos se tomaron de los trabajos publicados por Avena *et al.*, 2003a, 2003b, 2009a, 2010. En el caso de AMBA se promediaron los valores.

** Los datos moleculares fueron tomados del trabajo de Avena *et al.*, 2012

*** El valor de N es la suma del número de personas de las muestras del Hospital Público (N = 209) y del Hospital Italiano de Buenos Aires (N = 218).

serológicas son tan confiables como las moleculares. Además, muchas veces esta discusión ha eclipsado otra de fundamental importancia, la elección del tamaño y la representatividad de la muestra.

Sin embargo, existen diferencias importantes en otros aspectos, dado que, mediante la determinación de SNPs muy informativos y a través de la aplicación de programas de computación —como *Structure*, *Frappe* y otros de máxima verosimilitud— puede estimarse no solo el porcentual de mestizaje poblacional sino, también, individual. Esta contribución es

de fundamental importancia, dado que un individuo puede conocer el grado o proporción de participación de sus ancestros, mediante el análisis de su genoma.

Capítulo 6

Aclarando algunos conceptos y definiciones

En esta exposición hemos analizado las diferencias genéticas existentes dentro y entre las poblaciones indígenas y cosmopolitas de nuestro país. Estas variaciones se expresaron en la mayoría de los casos a nivel cuantitativo, como consecuencia de variaciones en las frecuencias génicas y, en otros casos, a nivel cualitativo, por la presencia de marcadores genéticos proteicos o moleculares característicos y propios de determinadas poblaciones, como el grupo sanguíneo DI*A y los haplogrupos mitocondriales A, B, C y D que están presentes en poblaciones asiáticas y amerindias. Decimos que son de carácter cualitativo porque en las investigaciones de mestizaje en poblaciones urbanas, su sola presencia indica la existencia de ancestros indígenas en sus acervos génicos.

A esta altura de la exposición, los lectores podrían preguntarse por qué estas y otras disimilitudes observadas en los grupos humanos y que han sido descritas en gran parte del texto no son atribuidas a diferencias raciales. Ya habíamos comentado en la primera parte de este libro que el *Homo sapiens* comparte el 99,9% de sus genomas,

es decir, hay más similitudes que diferencias entre los miembros de nuestra especie lo cual explica, en parte, por qué es imposible establecer discontinuidades entre las poblaciones humanas.

Se puede argumentar, y es verdad, que todas las poblaciones difieren entre sí en sus frecuencias génicas, por lo tanto, si se admite que estas variaciones son de carácter racial habría que crear tantas razas como poblaciones existen, lo cual es impredecible.

Sí existen poblaciones semejantes a nivel de sus frecuencias génicas, son aquellas cuyas probabilidades de uniones biológicas son mayores, debido a que sus miembros conviven en un mismo espacio geográfico o porque, también, comparten afinidades culturales, sociales y religiosas. Sin embargo, en cada una de estas poblaciones, la diversidad genética intrapoblacional explica la mayor parte de la variabilidad genética total, lo cual implica que son más disímiles al interior de cada una de ellas que con respecto a otras con las que se las quiera comparar.

Nos pareció conveniente refrescar algunas de estas cuestiones para aclarar que las diferencias mencionadas no son raciales, sino producto de la acción de los factores microevolutivos que han actuado en las poblaciones y que explican la diversidad biológica hallada en la especie humana.

1. Cultura e identidad

Otra cuestión que, a nuestro entender, merece ser tratada refiere a lo que entendemos por cultura e identidad.

Si bien este no es un tema de nuestra especialidad, consideramos necesario analizarlo para poder definir claramente que la identidad se explica desde la cultura y no a partir de la biología. Para este análisis nos hemos basado

en los aportes de algunos autores que han investigado estos temas.

Comenzaremos con el trabajo de J. Larrain (2003) quien evaluó cómo fue variando el concepto de cultura y su relación con el de identidad desde sus primeras acepciones hasta el nacimiento de la Modernidad.

Larrain (2003: 30) señala citando a Williams (1977: 13) que, inicialmente, la noción de cultura estuvo asociada a “el cuidado y crecimiento de las cosechas y animales y, por analogía, el cultivo y desarrollo de la mente, el perfeccionamiento de las facultades humanas”.

Posteriormente, la Ilustración le aportó nuevos significados con el término civilización entendido como “...la adquisición de refinamiento y orden en oposición a la barbarie y al oscurantismo” (Larrain, 2003: 30). El concepto de civilización en tanto refinamiento y buena educación fue criticado por Rousseau que lo vinculaba con lo artificial y superficial en contraposición a las necesidades interiores espirituales y los impulsos humanos, asociados al arte, la religión y otros valores de la vida interior (Williams, 1977: 14). La separación entre ambos conceptos se produjo con Rousseau y luego con Kant al decir que “llegamos a ser cultivados a través del arte y la ciencia, llegamos a ser civilizados adquiriendo una variedad de gracias sociales y refinamientos” (Thompson, 1990: 125).

Hacia finales del siglo XIX, el concepto cambió en relación con el surgimiento de la antropología, condicionado por la expansión europea y la necesidad de adaptarlo a la descripción etnográfica de las colonias. Adquirió, entonces, un carácter social y se la definió como:

[...] el conjunto interrelacionado de creencias, costumbres, leyes, formas de conocimiento y arte, como también de artefactos materiales, objetos e instru-

mentos que pertenecen a los miembros de una sociedad y que los distinguen de otras sociedades. (Thompson, 1990: 128)

A mediados del siglo XX, se incorporó una concepción simbólica de cultura que:

[...] destaca el uso de símbolos como un rasgo distintivo de la vida humana: los seres humanos intercambian expresiones significativas (es decir, con sentido) no solo mediante el lenguaje sino también a través de objetos materiales, obras de arte y acciones a los que dotan de sentido. (Thompson, 1990: 130-145)

Según Larrain (2003: 31) esta concepción simbólica de la cultura es “especialmente adecuada para entender las relaciones existentes entre cultura e identidad, porque la identidad solo puede construirse en interacción simbólica con los otros”. De acuerdo con este autor:

[...] la cultura es una estructura de significados incorporados en formas simbólicas a través de los cuales los individuos se comunican, la identidad es un discurso o narrativa sobre sí mismo construido en la intersección con otros mediante ese patrón de significados culturales... (ibídem: 32)

“La identidad también presupone la existencia de otros que tienen modos de vida, valores, costumbres e ideas diferentes...”. Así surgió la idea del *nosotros* en cuanto distinto al *ellos* o a los *otros* (ibídem: 35). Nos preguntamos desde la antropología biológica si esos nosotros y ellos, en tanto identidades diferentes, tienen alguna connotación de carácter biológico. En el próximo acápite abordaremos esta cuestión.

2. Biología y etnicidad

Si consideramos esta problemática desde una perspectiva biológica, es dable preguntarse si esta idea de la *otredad* puede extrapolarse a este nivel de análisis, es decir, que un grupo étnico determinado se diferencie de los *otros* por compartir un único o particular acervo génico.

Para responder a ese interrogante, nos pareció conveniente volver a repasar la información que obtuvimos en las poblaciones mapuches que habitan en la provincia de Río Negro: Blancura Centro (BC), Anecón Grande (AG), Cerro Policía (CP) y Aguada Guzmán (AGu).

Los miembros que integran esas comunidades expresaron un sentimiento de pertenencia al mismo grupo étnico. Además, comparten el mismo hábitat, ya que la mayor distancia entre estas localidades se da entre AG y CP y no supera los 230 km (Figura 1). Dadas estas características, tanto a nivel geográfico como identitario, podría esperarse una relativa asociación entre “identidad genética” e “identidad étnica”. Sin embargo, mediante un análisis comparativo, se comprobó que todas las poblaciones presentaron diferencias en sus frecuencias génicas. Se constató que esos cambios fueron producto del mestizaje con grupos alóctonos, principalmente de origen europeo y, en menor proporción, de subsaharianos.

Este proceso de diferenciación genética en un mismo grupo étnico, que se expresó entre y dentro de cada una de esas poblaciones, reconoce la presencia de una significativa diversidad biológica que está disociada del sentimiento de pertenencia o identitario a una comunidad, que en realidad se corresponde con una definición/adscripción de carácter cultural. Para Giménez:

[...] la pertenencia social consiste en la inclusión de los individuos en un grupo, la cual puede ser mediante la

asunción de algún rol dentro de la colectividad o mediante la apropiación e interiorización, al menos parcial del complejo simbólico-cultural que funge como emblema de la colectividad en cuestión. (2000: 52)

Por consiguiente, según Mercado Maldonado y Hernández Oliva (2010: 234) existirían “...dos niveles de identidad, el que tiene que ver con la mera adscripción o membresía de grupo y el que supone conocer y compartir los contenidos socialmente aceptados por el grupo, es decir, estar conscientes de los rasgos que los hacen comunes y forman el nosotros”.

En síntesis, la adscripción de los individuos a un grupo determinado implica identificarse con otros de sus miembros, con los que comparte tradiciones, costumbres, valores y otros componentes socioculturales, definitivamente, no relacionados con la biología de las poblaciones.

3. Las ideologías del mestizaje

En este libro hemos visto que el mestizaje biológico que se dio en poblaciones de distintas regiones de nuestro país es un hecho incontestable; sin embargo, la ideología del mestizaje en la Argentina tiene un alto componente discriminatorio, porque “descendemos de los barcos” y lo que se ha producido en el tiempo fue un “blanqueamiento” de la población.

Coincidimos con Briones (2002: 68) cuando señala que en nuestro caso el difundido aserto del sentido común que “nos recuerda que los argentinos venimos de los barcos, buscando así convencernos de la bondad sociológica de nuestro pueblo, más bien tendría un basamento exclusivamente ultramarino”.

La autora agrega que “En la Argentina no ha primado (o nunca ha llegado a ser hegemónico) un modelo de nación

que, haciendo pie en su historial precolombino y/o colonial, convirtiera a la hibridización en capital simbólico del ‘ser nacional’” (ibídem: 68).

A su vez, Tarragó (2000: 11) señala que el pasado criollo y americano no es considerado como parte de las raíces culturales de nuestra Nación, a diferencia de México y Perú donde la presencia indígena es tan evidente que fue utilizada como aspecto primordial y fundacional del sentido nacional.

Asimismo, en Brasil se admite que converge un trípode de representaciones peculiares de la nación: africanos, indígenas y portugueses (Segato, 1998), mientras que en México las elites hablan de la *raza cósmica mexicana* “operando como epítome de esa mezcla originaria que —amalgamando las mejores virtudes metropolitanas e indígenas— supuestamente habilitaría las bondades de la mexicanidad” (Knight, 1992). Si bien las ideologías del mestizaje varían según los países, un denominador común parece atravesarlas en América dado que, en general, se inscribe:

[...] como privilegio la ascendencia europea y con ambivalencia la indígena, muchas ideologías nacionalistas latinoamericanas que hacen del mestizaje un tropo maestro de la nación tienden a minimizar —cuando no abiertamente borrar— la negritud del panorama nacional. (Harrison, 1955)

Dentro de ese marco, el mestizo en la Argentina sería una “imagen subvaluada, como marca estigmatizante está siempre más cercana al componente indígena que al elemento no indígena que se toma como operador metonímico del signo *argentino tipo*” (Briones, 2002: 69).

La coloración de la piel sería el elemento que condiciona esa imagen, el “fenotipo moreno” marca la “raza indígena” en contraposición a la “blanquitud europea”.

En ese sentido, Briones menciona que en general el grupo dominante puede y suele aparecer como sin raza o racialmente neutral. Gordon, en un artículo publicado en 1995, comenta, siguiendo las palabras de Angela Davis, que “si ser de color significa no ser blanco, ser blanco entonces significa no tener color”.

Briones continúa señalando que un país como el nuestro se ha vanagloriado de carecer de negros y por ende de racismo como colorea este no color a un país supuestamente sin problemas raciales pero “lleno de cabecitas negras”. Finalmente, ¿cómo colorea este no color a un país donde curiosamente nadie llamaría “mestizo” a quien es hijo de euroargentinos de distintas colectividades? (Briones, 2002, 70-71).¹ En definitiva, como venimos de los barcos, el mestizaje e identidad nacional son términos que tienden a rechazarse mutuamente (ibídem).

¿Cómo lograron la historiografía oficial y las clases hegemónicas invisibilizar a las poblaciones nativas y africanas que forman parte de la historia cultural, social y económica de nuestro país? Una primera respuesta, aunque no la única, refiere al sistema educativo. Los libros de historia que leíamos en las escuelas primarias y secundarias así lo atestiguan. Eran escasas las menciones críticas a la llamada “Conquista del Desierto” y al etnogenocidio que la acompañó. Los indígenas eran el pasado “bárbaro” superado por el progreso y la civilización.

Dicha aseveración puede corroborarse actualmente en los libros de enseñanza para alumnos de primer y tercer grado, donde se señala que los pueblos originarios son temas del pasado, utilizando en esas frases u oraciones los

1 Esta aseveración de Briones es muy importante, porque de acuerdo con nuestra redefinición del concepto de mestizaje, todos los descendientes de progenitores de orígenes geográficos y étnicos diferentes deberían ser denominados mestizos, sin embargo, ese término se ha circunscripto, casi exclusivamente, a la descendencia de hispanos e indígenas.

términos “fueron”, “eran”, en referencia a algunas características físicas y culturales de los tehuelches, tobas y guaraníes, entre otros. También se introducen leyendas como “...que los cardones son indios convertidos en plantas y que vigilan valles y quebradas para que no entre el enemigo a robarles sus tierras” (Belvedere *et al.*, 2007). Estos autores, citan al respecto los libros *Argentinitos 1*, p. 95, *Argentinos 3*, p. 44 y *Redes 6*, p. 169, donde se mencionan esas expresiones que prácticamente refieren a la inexistencia actual de indígenas y africanos. Esta concepción perdura en la actualidad y permeó, principalmente, a gran parte de la clase media y alta de nuestro país.²

4. Relación entre el no reconocimiento de la “otredad” y el racismo

La falta de reconocimiento de esa “otredad” y la asociación que se estableció entre el “fenotipo moreno”, como consecuencia del mestizaje, y la clase social más vulnerable tuvo como consecuencia el desarrollo de un racismo explícito, expresado mediante la utilización de epítetos estigmatizantes sobre los mestizos argentinos. La nomenclatura de estos epítetos varió según la época, durante el primer Gobierno peronista se los denominó “cabecitas negras”, “raviol de fonda” o “jeep por ser cuadrados” (Ratier, 1971: 13).

2 Para profundizar estos temas, respecto a lo acontecido con las poblaciones indígenas, ver el trabajo de Belvedere *et al.* (2007). En relación con los africanos, Frigerio (2002), entre otros temas, analiza y visibiliza la contribución de los afrodescendientes a la cultura y a la vida social argentina, enfatizando el hecho de que la misma no se restringió exclusivamente al pasado. La cuestión africana en la Argentina está siendo sistemáticamente estudiada por el Grupo de Estudios Afrolatinoamericanos (GEALA) en el Instituto de Historia Argentina y Americana “Dr. Emilio Ravignani” de la Facultad de Filosofía y Letras de la Universidad de Buenos Aires. La Coordinadora Académica de ese grupo de investigación es Florencia Guzmán.

Estos “cabecitas negras” eran aquellos que habían llegado a la ciudad de Buenos Aires y al Conurbano Bonaerense desde distintas regiones, particularmente, del norte del país donde el mestizaje entre hispanos, indígenas y subsaharianos fue importante. En la actualidad, se estima que el gaucho sería una combinación o síntesis de esas tres ancestrías.

Después del golpe de Estado de 1955, el epíteto varió, más frecuentemente, hacia el vocablo “villero” o se trasladó a la utilización de términos más despectivos.³

Posteriormente, en el Plan Político y Objetivos de la Revolución Argentina de la dictadura cívico-militar de Onganía de 1966 se señala, entre otras propuestas, que el país debe “...propender a vigorizar las habituales relaciones con la Madre Patria y con las restantes naciones europeas que han nutrido su cultura cristiana occidental”. En el Plan de Acción del Gobierno se sostiene que nuestros males se deben, entre otras causas, a la “inmigración clandestina con aptitudes morales, intelectuales y físicas inferiores a las aceptadas y que termina por concentrarse alrededor de las grandes ciudades”. Ese libelo fue publicado por el diario *La Nación* el 05-08-1966, p. 4 y comentado por Ratier en la p. 92 de su trabajo *El Cabecita Negra*. A su vez, este autor menciona que la dictadura planteó también, “retornar a las fuentes ultramarinas que nos harán grandes... facilitando el desarrollo de una inmigración selectiva desde los países que han conformado la realidad actual de nuestra población por sus razas y creencias...” (Ratier, 1971: 94).⁴

3 Es importante señalar que el racismo tiene una larga trayectoria, fue aplicado por los conquistadores europeos en América y, posteriormente, en nuestro caso, “...formó parte del bagaje ideológico con que se organizó el país, después de Caseros. El momento histórico era propicio y el positivismo mostraba los caminos científicos para asegurar el progreso y las diferencias entre razas superiores e inferiores aparecen como *científicamente demostradas*” (Ratier, 1971: 19). Estas concepciones justificaron el genocidio y el etnocidio indígena porque estos impedían el “progreso” y el avance de la “civilización”.

4 Oteiza y Aruj (1995, citado por Avena en la p. 2 de su tesis doctoral) plantean que el discurso oficial tiene rasgos marcadamente xenófobos sobre los inmigrantes latinoamericanos, mientras

En ese sentido, otro dato interesante refiere al folleto publicado en inglés, en 1970, por la Dirección Nacional de Turismo, con la finalidad de estimular la llegada de turistas del exterior. En ese fascículo, en el capítulo sobre Población, se decía:

En la Argentina no hay negros, pues, los que se trajeron en la época de la esclavitud ya desaparecieron. Tampoco hay indios, derrotados en las largas luchas contra el blanco, no quedan más. Lo que resta de nosotros, pues, son los criollos descendientes de la más pura cepa española, a los que se agregó, la poderosa inmigración europea posterior. (Ver Ratier, 1971: 17)

Del análisis de esas propuestas se observa una clara negación del mestizaje, así como también un racismo notorio que permea parte de nuestra sociedad, estimulado por la clase dominante, a través de declaraciones y acciones desarrolladas por representantes del gobierno y sus aliados.⁵

Sin embargo, la información obtenida en los estudios genético-poblacionales indica la existencia de un marcado mestizaje en distintas regiones del país. Más aun, mediante la determinación de Marcadores Genéticos Informativos de Ancestrías (MIAs), se pudo estimar el grado de mestizaje a nivel individual, demostrándose que gran parte de los individuos estudiados presentaba las tres ancestrías: indígena, europea y subsahariana.

que idealiza la inmigración europea que nos permitirá mantener el carácter de blancos. Los autores concluyen que no es casual que mientras la inmigración deseada es irreal, prácticamente no existe, la real, proveniente de Latinoamérica, es ilegal.

5 Cuando estábamos revisando y concluyendo este libro se produjeron hechos lamentables. La separación forzada de Santiago Maldonado y su ulterior muerte y, posteriormente, el asesinato de Rafael Nahuel, jóvenes que lucharon para recuperar la cultura, la identidad y las tierras que ancestralmente le pertenecen al pueblo mapuche. Para cumplir con ese objetivo el Gobierno primero estigmatizó a los mapuches y luego los reprimió brutalmente.

En definitiva, debemos reconocer que somos un país compuesto por poblaciones cuya proporción de mestizaje biológico varía según las regiones, pero ninguna de ellas está exenta de la existencia de ese proceso. Los hechos son duros e incontestables.

Resumen final

En el primer capítulo se analizaron algunas definiciones del término mestizaje y se discutieron las imprecisiones y ambigüedades que arrastra ese concepto, como la consideración de que el mestizaje en América habría sido una clara demostración de “democracia racial”. Debido a esta y otras críticas algunos autores plantearon reemplazarlo por la noción de miscegenación, mientras que, otros sostuvieron la necesidad de dejar de utilizarlo por las confusiones que el concepto sigue acarreado.

Además, se evaluó y discutió críticamente la idea de si el mestizaje da lugar a la fusión de caracteres biológicos, cuyos componentes no pueden separarse o si en realidad estos mantienen su integridad y no se mezclan en la descendencia. Se consideró que esta última postura se correspondía con el conocimiento que en la actualidad se tiene sobre la genética y la genética de poblaciones.

También el vocablo mestizo fue objeto de análisis y críticas por entender que tiene un origen zootécnico y fue empleado, durante la época colonial, para definir a los descendientes de españoles e indígenas. Se comentó, de acuerdo con la información proporcionada por diversos autores, que el término podría haber sido introducido por los dominicos en las primeras décadas del siglo XVI.

En la primera parte del segundo capítulo, se desarrollaron temas vinculados con los contactos interétnicos que se

establecieron entre las diversas comunidades indígenas, previamente al arribo de los conquistadores europeos. Se consideró que, seguramente, esos acontecimientos facilitaron los intercambios culturales y las uniones biológicas entre ellas.

Estos procesos se produjeron en varias regiones, entre otras, en el área panaraucana, en el llamado complejo chiriguano-chané y entre los mitmakunas cuzqueños que participaban del control de las comunidades integradas al Tawantinsuyu. La segunda parte giró en torno al flujo génico que se generó entre los nativos y los conquistadores españoles, hecho que se extendió por todas las regiones del país.

El objetivo de este apartado consistió en demostrar que el mestizaje se produjo entre pueblos ya mestizados y no entre “razas” diferentes como se sostiene, erróneamente, en la definición de dicho concepto.

Por esta razón, en el tercer capítulo, intentamos fundamentar ese posicionamiento. Para ello, nos pareció conveniente comentar y criticar las diversas definiciones del concepto de raza, el origen del término y las clasificaciones raciales.

En principio, se mencionaron las definiciones que sobre esa noción sostuvieron Dobzhansky (1955), Mörner (1969), Mayr (1978) y Cavalli-Sforza (1999).

La primera crítica al concepto fue formulada por Darwin en 1871, cuando sostuvo que el número dispar de razas propuestas por diversos autores era una clara demostración de la imposibilidad de establecer categorías discretas en las poblaciones humanas.

Se discutió en qué momento surgió el término raza, categoría que llamativamente no figuró en la primera clasificación jerárquica de la especie humana formulada por Carl Von Linneo (1735). Posteriormente, a partir de la sistematización de Johann Friedrich Blumenbach (1776) se elaboraron otras en base a criterios antropométricos y somatológicos (Retzius, 1840). En general, todas siguieron un criterio geográ-

fico para clasificar a las razas humanas. Mencionamos que Boyd (1950) contribuyó con la primera sistematización racial de la especie en base a la información proporcionada por los grupos sanguíneos.

De acuerdo con otros autores, criticamos la utilización de la coloración de la piel para establecer clasificaciones raciales por considerar que esa variable tiene un claro componente adaptativo a ambientes particulares.

Remarcamos que todos esos intentos clasificatorios presentaron el mismo problema, ya sustentado por Darwin, es decir, la incapacidad de lograr establecer discontinuidades en las poblaciones humanas.

En ese sentido, señalamos que la imposibilidad de sistematizar nuestra especie, independientemente de las variables utilizadas para alcanzar ese objetivo, está indicando que el problema no es de naturaleza técnico-metodológica, sino teórico-conceptual, porque lo que se intenta discriminar —las razas humanas— parece no tener una existencia biológica real. Finalmente, recalamos que la genética de poblaciones y el reciente conocimiento del genoma humano ratifican esa aseveración.

Subrayamos que el mestizaje parece ser un denominador común o una carta de identidad de nuestra especie, ya que ese proceso comenzó a producirse desde los albores de la humanidad.

Al final del capítulo propusimos una redefinición tentativa de ese concepto, evitando introducir en el mismo las nociones de raza y mezcla génica, por entender que no son apropiadas para alcanzar ese propósito. Consideramos conveniente reemplazar el primer término por población y el segundo por “flujo génico” o alternativamente “combinación” por inferir que este vocablo es sinónimo de cambio, que es un hecho que acontece en ese proceso.

En el capítulo cuarto, analizamos el mestizaje biológico en poblaciones indígenas, describiendo los estudios rea-

lizados, mediante la determinación de marcadores genéticos grupales sanguíneos.

Se observó que la mayoría de los grupos nativos presentaron bajas proporciones de flujo génico con poblaciones alóctonas, salvo los mapuches y tehuelches de la Patagonia, los mocovíes que migraron a la provincia de Santa Fe y los puneños de las tierras bajas del noroeste argentino.

Destacamos el hecho de que, por primera vez, mediante la determinación de los grupos sanguíneos en poblaciones mapuches, se detectó flujo génico con componentes subsaharianos.

La determinación de marcadores genéticos moleculares uniparentales confirmó los datos serológicos, es decir, la baja o nula presencia de haplogrupos mitocondriales de origen europeo o subsahariano en los acervos génicos de las comunidades nativas, las cuales presentaron proporciones cercanas al 100% de ADNmt amerindio y, además, una elevada participación de linajes paternos del mismo origen. Los marcadores biparentales evidenciaron la misma tendencia, escaso flujo génico con grupos alóctonos en las poblaciones del norte del país y una relativa mayor participación del componente europeo y subsahariano en indígenas de la Patagonia.

Un denominador común en casi todas las poblaciones estudiadas fue la reducida variabilidad genética que, en general y en términos relativos, fue compartida con otros grupos de amerindios sudamericanos.

Los datos obtenidos se describieron en tablas que se organizaron por regiones y, en cada una de ellas, los autores fueron incorporados por orden alfabético para facilitar al lector la búsqueda de la información pertinente, indicada en el texto.

En el capítulo quinto, hemos evaluado el mestizaje en poblaciones urbanas que fueron investigadas, al igual que las comunidades indígenas, a través de la determinación de marcadores genéticos proteicos y moleculares. Las proporciones de flujo génico estimadas fueron presentadas en las tablas

correspondientes, siguiendo el mismo criterio que se aplicó para los grupos nativos.

Con la información obtenida, a partir de las determinaciones serológicas, se pudo detectar en toda la región del NOA, particularmente, en las ciudades de Jujuy y Salta, un elevado grado de participación nativa en el acervo génico de esas poblaciones. Esa tendencia, aunque con menores proporciones, se observó, también, en el sur del país.

En cambio, el componente europeo fue preponderante en la región central, particularmente, en las muestras poblacionales de las ciudades de Bahía Blanca, Rosario y en el Área Metropolitana de Buenos Aires (AMBA). No obstante, se pudo comprobar que la Ciudad Autónoma de Buenos Aires (CABA) y la primera corona del Conurbano Bonaerense registraron variaciones significativas respecto de la segunda corona de ese conglomerado que presentó, en términos relativos, una mayor proporción del componente indígena, seguramente porque fue en esa zona donde se radicó la mayoría de los migrantes internos y de los países limítrofes y del Perú, que son portadores de una elevada composición hispano-indígena.

El componente subsahariano se manifestó en todas las poblaciones en las que se trató de detectar su participación.

A nivel molecular, los marcadores genéticos biparentales ratificaron los datos proporcionados por las determinaciones serológicas, es decir, una elevada presencia indígena en el norte del país, particularmente, en la provincia de Salta, donde la proporción de ese componente superó de manera significativa al de origen europeo. También es alto el aporte indígena en la región patagónica, pero, sin alcanzar las proporciones detectadas en el NOA. Si bien la participación europea aumenta hacia la región central, el grado de presencia indígena siguió manteniendo elevados porcentajes en Córdoba (43,6%) y San Luis (40,3%).

En las provincias de Santa Fe y de Buenos Aires se registraron los valores más bajos del componente indígena, con un rango de variación que va del 14,7% al 27,8% en las ciudades de Rosario y Bahía Blanca, respectivamente. La excepción se dio, como hemos señalado anteriormente, en la segunda corona del Conurbano Bonaerense donde la participación amerindia fue levemente superior (29%) a las detectadas en esas dos ciudades.

El aporte subsahariano se manifestó homogéneamente en todas las regiones del país, pero los valores más elevados se registraron en las ciudades de Salta (5%) y La Plata (6,5%). Sin embargo, en este último caso, se discutió la probable causa que determinó el elevado porcentaje del componente subsahariano que, a nuestro criterio, está sobrestimado.

Cuando se analizaron los marcadores moleculares uniparentales, el ADN mitocondrial amerindio mostró una muy marcada participación en todas las poblaciones estudiadas y alcanzó valores cercanos o iguales al 100% en el noroeste argentino.

En el centro del país se observaron altos porcentajes en todas las ciudades con un rango de variación que va del 41% en Córdoba al 94% en Santa Rosa de Conlara en la provincia de San Luis.

En el AMBA alcanzó valores del 50% y en Rosario del 60%, en este caso el aporte indígena fue superior al del componente europeo.

Los linajes de origen materno africano presentaron su máxima expresión en la provincia de Córdoba (X = 8%) y Mendoza (7%).

Detectamos en todas las poblaciones de las distintas regiones del país un claro predominio de linajes paternos europeos lo que indicó una relación asimétrica entre los sexos, debido a que el mestizaje se produjo principalmente en la época colonial o poscolonial temprana entre el varón español y la mujer

indígena. Las excepciones se dieron en algunas localidades del Noroeste y de la Patagonia, pero, con un rango de variación que va del 5% en Susques al 43% en La Esperanza, localidades ubicadas en la provincia de Jujuy.

Fue reducida la presencia de linajes paternos subsaharianos, salvo en la provincia de Tucumán (5,9%) y en la localidad de La Esperanza en Jujuy (5,4%).

A su vez, a partir de las mismas muestras poblacionales estudiadas por nuestro equipo de investigación —AMBA, Bahía Blanca, Esquel, Comodoro Rivadavia y Salta— comparamos los valores de flujo génico que fueron estimados a nivel serológico y molecular. En ambas determinaciones se observaron porcentajes similares de participación amerindia y europea, la mayor disimilitud no alcanzó el 5%, mientras que los subsaharianos registraron proporciones semejantes en todos los casos. Este análisis demostró la solidez informativa que tienen los marcadores genéticos proteicos en los estudios genético-poblacionales.

Sin embargo, remarcamos que existen diferencias importantes en otros aspectos, dado que, mediante la determinación de SNPs muy informativos se pudo estimar no solo el porcentual de mestizaje poblacional sino, también, el individual.

En el último capítulo tratamos de fijar nuestro posicionamiento sobre determinados conceptos y definiciones que fueron desarrollados en el texto. Uno de ellos refiere a la causa por la cual desestimamos utilizar la noción de raza y explicamos las razones que nos llevaron a tomar esa determinación. Nos pareció conveniente refrescar algunas de estas cuestiones para señalar que las diferencias genéticas observables en las poblaciones humanas no son raciales, sino producto de la acción de los factores microevolutivos que han actuado sobre ellas y que explican la diversidad biológica hallada en la especie humana.

Por otra parte, desarrollamos temas que, si bien no son de nuestra especialidad, nos pareció conveniente incluir y que refieren a los conceptos de cultura, identidad, etnicidad y a las ideologías del mestizaje.

Uno de los objetivos de este capítulo era aclarar que no existe asociación alguna entre lo que se denomina “identidad genética” e “identidad étnica” y que la identidad se explica desde la cultura y no a partir de la biología.

Otro aspecto fue discutir críticamente las posiciones historiográficas oficiales tendientes no solo a invisibilizar a las poblaciones indígenas y de afrodescendientes, sino también, la propia existencia del mestizaje en nuestro país. Para el desarrollo de este ítem nos hemos basado en las contribuciones realizadas por autores provenientes de la historia, de la etnohistoria y de la antropología social.

Bibliografía

Acreche, N.; Caruso, G. y Albeza, M. V. (1996). Distancias genéticas en poblaciones del NOA. En *Revista Argentina de Antropología Biológica* 1 (1), pp. 139-152.

Acreche, N. (2006). *Microevolución en poblaciones andinas*. Salta, Continuos.

Albeza, V.; Picornell, A.; Acreche, N.; Carlos, T.; Castro Ocón, J. y Ramón, M. (2002). Genetic variability at 14 STR loci in the Puna population of north western Argentina. En *International Journal of Legal Medicine* 116, pp. 126-132.

Albeza, V.; Acreche, N.; Montes, N. y Caruso G. (2013). Polimorfismos de grupos sanguíneos en la ciudad de Salta. En *Lhawet. Nuestro Entorno II (I)*, pp. 7-12.

Aguirre Beltrán, G. (1970). *El proceso de aculturación*. México, Universidad Iberoamericana. Citado por Gruzinski, S. (2000). *El pensamiento mestizo*, p. 45. Paidós, Biblioteca del Presente.

Alfaro, E. L.; Dipierri, J. E.; Gutiérrez, N. I. y Vullo, C. M. (2005). Genetic structure and admixture in urban populations of the Argentine North-West. En *Annals of Human Biology* 32 (6), pp. 724-737.

Altuna, M. E. y Demarchi, D. A. (2003). Haplogrupos mitocondriales entre los Mbyá-Guaraní de la provincia de Misiones. En *Revista Argentina de Antropología Biológica* 5 (1), pp. 115.

Altuna, M. E.; García, A.; Ramallo, V.; Bailliet, G.; Modesti, N. M. y Demarchi, D. A. (2009). Origin of paternal lineages in an admixed population of Northern Argentina (La Esperanza, Jujuy). En *Forensic Science International Genetics Supplement Series* (2), pp. 451-452.

- Álvarez, A. G. (1939). Comprobaciones biológicas en aborígenes argentinos. Consideraciones sobre los grupos sanguíneos de los matacos. En *Publicación 6*, pp. 25-34.
- Amselle, J. L. (1990). *Logiques métisses. Anthropologie de l'identité en Afrique et ailleurs*, p. 248. París, Payot. Citado por Gruzinski, (2000). *El pensamiento mestizo*, p. 44. Paidós, Biblioteca del Presente.
- Andrews, G. R. (1989). *Los afroargentinos de Buenos Aires*. Buenos Aires, de la Flor.
- Ares Queija, B. (2005). Un borracho de chicha y vino. La construcción social del mestizo (Perú, siglo XVI). En *Mezclado y sospechoso. Movilidad e identidades, España y América (siglos XVI-XVIII)*, p. 125. Madrid, Casa de Velásquez.
- Argentinitos 1* (2004). Libro de texto autorizado para 1er. grado del Primer Ciclo de EGB. Buenos Aires, Estrada. Citado por Belvedere *et al.*, 2007, p. 83.
- Argentinitos 3* (2004). Libro de texto autorizado para 3er. grado del Primer Ciclo de EGB. Buenos Aires, Estrada. Citado por Belvedere *et al.*, 2007, p. 82.
- Assadourian, C.; Beato, G. y Chiamonte, J. C. (2005). *Historia Argentina: De la conquista a la independencia*. Buenos Aires, Paidós.
- Avena, S. A. (1998). Los componentes indígena y africano en poblaciones hospitalarias de la ciudad de Buenos Aires. Tesis de Licenciatura. Buenos Aires, Facultad de Filosofía y Letras, Universidad de Buenos Aires.
- . (2003). Análisis antropogenético de los aportes indígena y africano en muestras hospitalarias de la Ciudad de Buenos Aires. Tesis de Doctorado. Buenos Aires, Facultad de Filosofía y Letras, Universidad de Buenos Aires.
- Avena, S. A.; Goicoechea, A. S.; Rey, J. A.; Agosti, J. C. y Carnese, F. R. (1999). Análisis de la participación del componente indígena en una muestra hospitalaria de la Ciudad de Buenos Aires. En *Revista Argentina de Antropología Biológica 2 (1)*, pp. 211-225.
- Avena, S. A.; Goicoechea, A. S.; Dugoujon, J. M.; Slepoy, M. G.; Slepoy, A. S. y Carnese, F. R. (2001). Análisis antropogenético de los aportes indígena y africano en muestras hospitalarias de la Ciudad de Buenos Aires. En *Revista Argentina de Antropología Biológica 3 (1)*, pp. 79-99.
- Avena, S. A.; Goicoechea, A. S.; Dugoujon, J. M.; Rey, J. A.; Slepoy, A. S. y Carnese, F. R. (2003a). Estimación de los aportes europeo, indígena y africano en poblaciones cosmopolitas de Buenos Aires a partir de la determinación de los sistemas Gm y Km. En Aluja, M. P.; Malfosa, A. y Nogués, R. M. (eds.). *Antropología y Biodiversidad*, pp. 41-47. Barcelona, Bellaterra.

- Avena, S. A.; Goicoechea, A. S.; Clapsos, R.; Dugoujon, J. M.; Dejean, C. B.; Perosino, C. y Carnese, F. R. (2003b). Aporte aborigen y africano de diferentes regiones de la Argentina en Buenos Aires. En *Actas Sextas Jornadas Nacionales de Antropología Biológica*. Catamarca, Universidad Nacional de Catamarca.
- Avena, S. A.; Goicoechea, A. S.; Rey, J. A.; Dugoujon, J. M.; Dejean, C. B. y Carnese, F. R. (2006). Mezcla génica en una muestra poblacional de la Ciudad de Buenos Aires. En *Medicina* 66, pp. 113-118.
- Avena, S. A.; Goicoechea, A. S.; Bartomioli, M.; Fernández, V.; Cabrera, A.; Dugoujon, J. M.; Dejean, C. B.; Fabrykant, G. y Carnese, F. R. (2007). Mestizaje en el sur de la región pampeana (Argentina). Su estimación mediante el análisis de marcadores proteicos y moleculares uniparentales. En *Revista Argentina de Antropología Biológica* 9 (2), pp. 59-76.
- Avena, S. A.; Dejean, C. B.; Parolin, M. L.; Acreche, N.; Albeza, M. V.; Montes, N.; Di Fabio Rocca, F.; Mansilla, F. C.; Postillone, M. B.; Kristoff, M. J.; Álvarez Trentini, Y.; Dugoujon, J. M. y Carnese, F. R. (2009). Mezcla génica y linajes uniparentales en la ciudad de Salta, Argentina. En *Actas de las Novenas Jornadas Nacionales de Antropología Biológica* p. 84. Puerto Madryn, CENPAT.
- Avena, S. A.; Parolin, M. L.; Dejean, C. B.; Ríos Part, M. C.; Fabrikant, G.; Goicoechea, A. S.; Dugoujon, J. M. y Carnese, F. R. (2009a). Mezcla génica y linajes uniparentales en Comodoro Rivadavia (provincia del Chubut, Argentina). En *Revista Argentina de Antropología Biológica* 11 (1), pp. 25-41.
- Avena, S. A.; Parolin, M. L.; Boquet, M.; Dejean, C. B.; Postillone, M. B.; Álvarez Trentini, Y.; Di Fabio Rocca, F.; Mansilla, F.; Jones, L.; Dugoujon, J. M. y Carnese, F. R. (2010). Mezcla génica y linajes uniparentales en Esquel (provincia del Chubut). Su comparación con otras muestras poblacionales argentinas. En *Journal of Basic & Applied Genetics* 21 (1), pp. 1-14.
- Avena, S. A.; Via, M.; Ziv, E.; Pérez-Stable, E. J.; Gignoux, C.; Dejean, C. B.; Huntsman, S.; Torres-Mejía, G.; Dutil, J.; Matta, J. L.; Beckman, K.; González Burchard, E.; Parolin, M. L.; Goicoechea, A. S.; Acreche, N.; Boquet, M.; Ríos Part, M.; Fernández, V.; Rey, J. A.; Stern, M. C.; Carnese, F. R. y Fejerman, L. (2012). Heterogeneity in genetic admixture across different regions of Argentina. En *PLoS One* 7 (4), pp. e34695.
- Bailliet, G.; Rothhammer, F.; Carnese, F. R.; Bravi, C. M. y Bianchi, N. O. (1994). Founder mitochondrial haplotypes in Amerindian population. En *American Journal of Human Genetic* 54, pp. 27-33.
- Bailliet, G.; Ramallo, V.; Muzzio, M.; García, A.; Santos, M. R.; Alfaro, E. L.; Dipierri, J. E.; Salceda, S.; Carnese, F. R.; Bravi, C. M.; Bianchi, N. O. y Demarchi, D. A. (2009). Brief communications: Restricted geographic distribution for Y-Q* paragroup in South America. En *American Journal of Physical Anthropology* 140, pp. 578-582.

- Bailliet, G.; Ramallo, V.; Muzzio, M.; Santos, M. R.; Motti, J. M. B.; Bianchi, N. O. y Bravi, C. M. (2011). Antecedentes y nuevos aportes en el estudio del cromosoma Y en poblaciones humanas sudamericanas. En *BAG, Journal of Basic and Applied Genetics* 22 (1), Versión online.
- Balazote, A. (2015). Pueblos originarios: Disputas en el campo discursivo. En *Revista GeoPantanal UFMS/AGB* 10 (18), pp. 33-50.
- Barbero, M. I. y Cacopardo, M. C. (1991). La inmigración europea a la Argentina en la segunda posguerra: Viejos mitos y nuevas condiciones. En *Estudios Migratorios Latinoamericanos* 6 (19), pp. 291-321.
- Barbujani, G. (2005). Human races: Classifying people vs understanding diversity. En *Current Genomics* 6 (4), pp. 215-226.
- . (2003). *Genética molecular de poblaciones humanas. Su aplicación al estudio del hombre moderno*. Curso de Posgrado. La Plata, Departamento de Posgrado, Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Universidad Nacional de la Plata.
- Beiguelman, B. (1995). *Dinâmica dos Genes nas Famílias e nas Populações*. Capítulo 9, pp. 254-255. *Sociedade Brasileira de Genética, São Paulo, Brasil*.
- Belvedere, C.; Caggiano, S.; Casaravilla, D.; Courtis, C.; Halpern, G.; Lenton, D. y Pacecca, M. I. (2007). Racismo y discurso: Una semblanza de la situación argentina. En Van Dijk, T. (coord.). *Racismo y Discurso en América Latina*. Barcelona, Gedisa, Biblioteca Iberoamericana de Pensamiento.
- Bernier, F. (1685). *Nouvelle Division de la Terre par les différentes espèces ou races d'homme qu'il habitent*, p. 148. Citado por Hering Torres, 2007, p. 20.
- Bernard, C. (2001). Mestizos, mulatos y ladinos en Hispanoamérica: Un enfoque antropológico de un proceso histórico. En León Portilla, M. de. *Motivos de la Antropología Americanista. Indagaciones en la Diferencia*, pp. 105-133. México, Fondo de Cultura Económica.
- Bianchi, N. O.; Bailliet, G. y Bravi, C. M. (1995). Peopling of the Americas as inferred through the analysis of mitochondrial DNA. En *Brazilian Journal Genetic* 18(4), pp. 661-668.
- Bianchi, N. O.; Bailliet, G.; Bravi, C. M.; Carnese, F. R.; Rothhammer, F.; Martínez-Marignac, V. y Pena, S. D. J. (1997). Origin of Amerindian Y-chromosomes as inferred by the analysis of six polymorphic markers. En *American Journal of Physical Anthropology* 102, pp. 79-89.

- Bianchi, N. O.; Catanesi, C. I.; Bailliet, G.; Martínez-Marignac, V. L.; Bravi, C. M.; Vidal Rioja, L. B.; Herrera, R. J. y López-Camelo, J. S. (1998). Characterization of ancestral and derived Y-chromosome haplotypes of New World native populations. En *American Journal of Human Genetics* 63 (6), pp. 1862-1871.
- Bjerg, M. (2007). Vínculos mestizos. Historias de amor y parentesco en la campaña de Buenos Aires en el siglo XIX. En *Boletín del Instituto de Historia Argentina y Americana Dr. Emilio Ravignani* Tercera Serie 30, pp. 73-99.
- Blagitko, N.; O'Huigín, C.; Figueroa, F.; Horai, S.; Sonoda, S.; Tajima, K.; Watkins, D. y Klein, J. (1997). Polymorphism of the HLA-DRB1 locus in Colombian, Ecuadorian, and Chilean Amerinds. En *Human Immunology* 54, pp. 74-81.
- Bobbillo, M. C.; Zimmermann, B.; Sala, A.; Huber, G.; Röck, A.; Bandelt, H.-J.; Corach, D. y Parson, W. (2010). Amerindian mitochondrial DNA haplogroups predominate in the population of Argentina: Towards a first nationwide forensic mitochondrial DNA sequence database. En *International Journal of Legal Medicine* 124, pp. 263-268.
- Bortolini, M. C.; Weimer, T. de A.; Salzano, F. M.; Callegari-Jacques, S. M.; Schneider, H.; Layrisse, Z. y Bonatto, S. L. (1995). Evolutionary relationships between black South American and African populations. En *Human Biology* 67 (4), pp. 547-59.
- Boyd, W. C. (1952). *Genétiques et Races Humaines. Introduction à L'Anthropologie Physique Moderne*. Bourlièreet Sutter, F. (édition française). Paris, J. Payot.
- Bravi, C. M. (2004). Análisis de linajes maternos en poblaciones indígenas americanas. Tesis Doctoral Inédita. La Plata, Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Universidad Nacional de La Plata.
- . (2013). La evidencia molecular del poblamiento humano de América. En *Revista del Museo de La Plata, Sección Zoología*, Facultad de Ciencias Naturales, Universidad Nacional de La Plata 20 (177), pp. 40-57.
- Bravi, C. M.; Cejas, S.; Bailliet, G.; Goicoechea, A. S.; Carnese, F. R. y Bianchi, N. O. (1995). Haplotipos mitocondriales en amerindios. En *Resúmenes XXVI Congreso Argentino de Genética*, p. 152. San Carlos de Bariloche.
- Briones, C. (2002). Mestizaje y blanqueamiento como coordenadas de aboriginalidad y nación en Argentina. En *RUNA XXIII*, pp. 61-88.
- Brown, M. D.; Hosseini, S. H.; Torroni, A.; Bandelt, H.-J.; Allen, J. C.; Schurr, T. G.; Scozzari, R.; Cruciani, F. y Wallace, D. C. (1998). mtDNA haplogroup X: An ancient link between Europe/Western Asia and North America? En *American Journal of Human Genetics* 63, pp. 1852-1861.

- Cabana, G. S.; Merriwheter, A. D.; Hunley, K. y Demarchi, D. A. (2006). Is the genetic structure of Gran Chaco populations unique? Interregional perspectives on native South American mitochondrial DNA variation. En *American Journal of Physical Anthropology* 131 (1), pp. 108-119.
- Cacopardo, M. C. y Moreno, J. L. (1985). Características regionales, demográficas y ocupacionales de la inmigración italiana a la Argentina (1880-1930). En Devoto, F. y Rosoli, G. (2000). *La inmigración italiana en la Argentina*, pp. 63-85. Buenos Aires, Biblos.
- Callegari-Jacques, S.; Salzano, F. M.; Weimer, T. A.; Franco, M. H. L. P.; Mestriner, M. A.; Hutz, M. H. y Schüler, L. (1996). The Wai Wai Indians of South America: History and genetics. En *Annals of Human Biology* 23, pp. 189-201.
- Cann, R.; Stoneking, M. y Wilson, A. (1987). Mitochondrial DNA and human evolution. En *Nature* 325, pp. 31-36.
- Cañedo-Argüelles, T. (1988). *Un modelo de colonización en el Alto Paraná. La provincia de Corrientes en los siglos XVI y XVII*. Madrid, Consejo Superior de Investigaciones Científicas.
- Caputo, M. y Corach, D. (2016). Analysis of *locus* D9S1120 and its genetic admixture correlation in seven Argentina Native American ethnic groups. En *American Journal of Human Biology* 28, pp. 57-66.
- Caratini, A. L.; Carnese, F. R. y Gómez, P. (1996). Endogamia-exogamia grupal de los inmigrantes españoles en la ciudad de Buenos Aires: Su variación en el espacio y en el tiempo. En *Revista Española de Antropología Biológica* 17, pp. 63-75.
- Cardoso, S.; Merino, M.; Gómez, L.; Alfonso-Sánchez, M. A.; Dipierri, J. E.; Alfaro, E.; Valverde, L.; Odriozola, A.; Bravi, C. M.; Peña, J. A. y de Pancorbo, M. M. (2009). Mitochondrial DNA control region in native population from the province of Jujuy (Northwestern Argentina). En *Forensic Science International: Genetics Supplement Series* 2, pp. 340-341.
- Carnese, F. R. (1992). Demografía genética de poblaciones aborígenes de Argentina. En *Revista Brasileira de Genética* 15 (1), pp. 320-326.
- . (1995). Genetic markers in the aboriginal populations of Argentina. En *Brazilian Journal of Genetics* 18 (4), pp. 651-656.
- . (2011). Los aportes de la bioantropología al conocimiento de la variabilidad biológica de los sudamerindios. Descripción y análisis. En *Antípoda* 13, pp. 29-54.

- Carnese, F. R. y Palatnik, M. (1972). Estudios paleoserológicos de restos momificados de aborígenes argentinos. En *Sangre* 17, pp. 201-210.
- Carnese, F. R. y Goicoechea, A. S. (1990). Análisis preliminar sobre la distribución de los factores grupales sanguíneos ABO, Rh-Hr, MNSS, P, Kell-Cellano, Duffy, Kidd y Diego en una población toba de Villa IAPI, Quilmes, provincia de Buenos Aires. En *Revista Argentina de Transfusión XVI* (3), pp. 147-155.
- Carnese, F. R. y Caratini, A. L. (1991-1992). Demografía genética de la población toba de Villa IAPI (Quilmes, provincia de Buenos Aires). En *Etnia* 36-37, pp. 9-29.
- Carnese, F. R.; Cocilovo, J. A. y Goicoechea, A. S. (1991-1992). Análisis histórico y estado actual de la Antropología Biológica en la Argentina. En *RUNA* XX, pp. 35-67.
- Carnese, F. R.; Goicoechea, A. S.; Rey, J.; Niborsky, R. C.; Kohan, A. I. y Arrayago, A. M. (1993). Grupos sanguíneos en una población mapuche de Blancura Centro, provincia de Río Negro, Argentina. En *Boletín de la Sociedad Española de Antropología Biológica* 14, pp. 31-39.
- Carnese, F. R.; Caratini, A. L.; Goicoechea, A. S.; Weimer, T. A.; Franco, M. H. L.; Hutz, M. H. y Salzano, F. M. (1996). Demography and blood genetics of Argentinian Mapuche Indians. En *International Journal of Anthropology* 11 (2-4), pp. 33-42.
- Carnese, F. R.; Caratini, A. L. y Goicoechea, A. S. (2002). Interethnic relations in Native-American populations of Argentine Patagonia: A genetic demographic analysis. En Briones, C. y Lanata, J. L. (eds.), *Contemporary Perspectives on the Native Peoples of Pampa, Patagonia, and Tierra del Fuego. Living on the Edge*, pp. 121-134. Wespont/Londres, Bergin and Garvey.
- Carnese, F. R.; Avena, S. A.; Goicoechea, A. S.; Dejean, C. B.; Sevin, A. y Dugoujon, J. M. (2003). Sistemas Gm y Km en poblaciones aborígenes de la Patagonia Argentina. En Aluja, M. P.; Malgosa, A. y Nogués, R. M. (eds.). *Antropología y Biodiversidad*, pp. 67-73. Barcelona, Bellaterra
- Carnese, F. R. y Pucciarelli, H. M. (2007). Investigaciones antropológicas en Argentina, desde la década de 1930 hasta la actualidad. En *Relaciones de la Sociedad Argentina de Antropología XXXII*, pp. 243-280.
- Carnese, F. R.; Avena, S. A.; Parolin, M. L.; Postillone, M. B. y Dejean, C. B. (2011). Gene admixture analysis through genetic markers and genealogical data in a sample from the Buenos Aires metropolitan area. En Gibbon, S.; Ventura Santos, R. y Sans, M. (eds.). *Racial Identities, Genetic Ancestry, and Health in South America*, pp. 177-194. Nueva York, Palgrave Macmillan.

- Caruso, G.; Acreche, N. y Albeza, M. V. (1999a). Polimorfismos hematológicos en Santa Rosa de los Pastos Grandes (Salta). En *Revista Argentina de Antropología Biológica* 2 (1), pp. 227- 242.
- Caruso, G.; Acreche, N.; Albeza, M. V. y Broglia, V. (1999b). Grupos sanguíneos y demografía en localidades puneñas de la provincia de Salta. En *Revista Argentina de Antropología Biológica* 2 (1), pp. 243-256.
- Castro-Gómez, S. (2005). *La hybris del punto cero. Ciencia, Raza e Ilustración en la Nueva Granada (1750-1816)*. Bogotá, Pontificia Universidad Javeriana. Citado por Hering Torres, 2007, pp. 22.
- Catanesi, C. I.; Tourret, N.; Carnese, F. R. y Vidal Rioja, L. (2006). South American Amerindian diversity at the vWA STR locus. En *Journal of Basic & Applied Genetics* 17 (1), pp. 35-40.
- Catelli, L. (2010). Los hijos de la conquista: Otras perspectivas sobre el "mestizo" y la traducción a partir de *El Nueva Corónica y Buen Gobierno* de Felipe Guamán Poma de Ayala, 1611. En *Revista de Historia de la Traducción*, núm. 4. Disponible en: <http://www.Traduccionliteraria.org/1611/art/catelli.htm#>
- Catelli, M. L.; Álvarez-Iglesias, V.; Gómez-Carballa, A.; Mosquera-Miguel, A.; Romanini, C.; Borosky, A.; Amigo, J.; Carracedo, Á.; Vullo, C. y Salas, A. (2011). The impact of modern migrations on present-day multi-ethnic Argentina as recorded on the mitochondrial DNA genome. En *BMC Genetics* 12, pp. 77.
- Cavalli-Sforza, L. y Cavalli-Sforza, F. (1999). *¿Quiénes somos? Historia de la diversidad humana*. Barcelona, Crítica/Grijalbo Mondadori.
- Censo Nacional de Población, Hogares y Vivienda (2001). Buenos Aires, Instituto Nacional de Estadísticas y Censos, Secretaría de Política Económica, Ministerio de Economía y Producción.
- Cerna, M.; Falco, M.; Friedman, H.; Raimondi, E.; Maccagno, A.; Fernández-Viña, M. y Stasny, P. (1993). Differences in HLA class II alleles of isolated South American Indian populations from Brazil and Argentina. En *Human Immunology* 37, pp. 213-220.
- Comas, J. (1961). *El Mestizaje en la Historia de Ibero-América*. México, Cultura. Citado por Zermeño-Padilla, 2008, p. 81.
- . (1967). *Unidad y variedad de la especie humana*, p. 145. México D.F., Universidad Nacional Autónoma de México, Dirección General de Difusión Cultural.
- Corach, D.; Lao, O.; Bobillo, C.; van Der Gaag, K.; Zuniga, S.; Vermeulen, M.; van Duijn, K.; Goedbloed, M.; Vallone, P. M.; Parson, W.; de Knijff, P. y Kayser, M. (2010).

- Inferring continental ancestry of Argentineans from autosomal, Y-chromosomal and mitochondrial DNA. En *Annals of Human Genetics* 74 (1), pp. 65-76.
- Cortelazzo, M. y Zolli, P. (1984-1991). *Diccionario etimológico della lingua italiana*. Bologna, Italia.
- Covarrubias Orozco, S. de (1995 [1611]). *Tesoro de la lengua castellana o española*. Madrid, Castalia. Citado por Rappaport, 2015, p. 13.
- Crawford, M. H. (1992). *Antropología Biológica de los Indios Americanos*. Madrid, Mapfre.
- Crespo, C. M. (2015). Estudio de la variabilidad mitocondrial en poblaciones prehistóricas de la Patagonia. Sus implicancias en el proceso de poblamiento regional. Tesis Doctoral. Buenos Aires, Facultad de Filosofía y Letras, Universidad de Buenos Aires.
- Crespo, C. M.; Dejean, C. B.; Postillone, B. M.; Lanata, J. L. y Carnese, F. R. (2010). Historias en código genético. Los aportes de los estudios de ADN antiguo en Antropología y sus implicancias éticas. En *RUNA XXXI* (2), pp. 153-174.
- Curtis, H. N.; Barnes, S.; Schnek, A. y Massarini, A. (2011). *Biología*. Buenos Aires, Médica Panamericana.
- Darwin, C. (1977 [1845]). Naturalist's voyage round the world in H.M.S. Beagle. *Darwin, "un naturalista en el Plata"*. Buenos Aires, Centro Editor de América Latina.
- . (1939 [1871]). *El Origen del Hombre y la Selección en Relación al Sexo*, p. 146. Buenos Aires, Biblioteca Pluma de Oro.
- De Andrade, F. M.; Coimbra, C. E. A. Jr.; Santos, R. V.; Goicoechea, A.; Carnese, F. R.; Salzano, F. M. y Hutz, M. H. (2000). High heterogeneity of apolipoprotein E gene frequencies in South American Indians. En *Annals of Human Biology* 27 (1), pp. 29-34.
- De Jong, I. y Rodríguez, L. (2005). *Dossier* mestizaje, etnogénesis y frontera. Introducción. En *Memoria Americana* 13, pp. 7-19.
- De Saint Pierre, M.; Bravi, C. M.; Motti, J. M. B.; Fuku, N.; Tanaka, M.; Llop, E.; Bonatto, S. L. y Moraga, M. (2012). An alternative model for the early peopling of southern South America revealed by analyses of three mitochondrial DNA haplogroups. En *PLoS One* 7(9), pp. e43486.
- Dejean, C. B.; Goicoechea, A. S.; Avena, S. A.; Salaberry, M. T.; Slepoy, A. S. y Carnese, F. R. (2003). Linajes mitocondriales amerindios en una muestra poblacional de la región metropolitana de Buenos Aires. En *Actas Sextas Jornadas Nacionales de Antropología Biológica*. Catamarca.

- Dejean, C. B.; Crouau-Roi, B.; Goicoechea, A. S.; Avena, S. A. y Carnese, F. R. (2004). Genetic variability in Amerindian population from Northern Argentina. En *Genetic and Molecular Biology* 27(4), pp. 489-495.
- Dejean, C. B. (2016). Aportes de la paleogenética a la comprensión de la filogenia del *Homo sapiens*. En Madrigal, L. y González, J. R. (eds.). *Introducción a la Antropología Biológica* 17, pp. 496-512. Asociación Latinoamericana de Antropología Biológica. Disponible en http://scholarcommons.usf.edu/islac_alab_antropologia/1
- Demarchi, D. A. (2014). Análisis de la estructura genética en poblaciones nativas del Chaco. En *Folia Histórica del Nordeste* 22, pp. 169-185.
- Demarchi, D. A. y Mitchell, J. R. (2004). Genetic structure and gene flow in Gran Chaco populations of Argentina: Evidence from Y-Chromosome markers. En *Human Biology* 76 (3), pp. 413-429.
- Demarchi, D. A.; Marcellino, A. J.; Basualdo, M. de los A. L. de; Colantonio, S. E.; De Stefano, G. F.; Hutz, M. H.; Salzano, F. M.; Hill, K.; Hurtado, M. A.; Carnese, F. R.; Goicoechea, A. S.; Dejean, C. B.; Guevara, A. G. y Crawford, M. H. (1998). Apolipoprotein B signal peptide polymorphism distribution among South Amerindian populations. En *Human Biology* 71 (6), pp. 995-1000.
- Demarchi, D. A.; Panzetta-Dutari, G. M.; Motran, C. C.; López de Basualdo, M. de los A. y Marcellino, A. J. (2001). Mitochondrial DNA haplogroups in Amerindian populations from the Gran Chaco. En *American Journal of Physical Anthropology* 115 (3), pp. 199-203.
- Devoto, F. (2003). *Historia de la inmigración en la Argentina*. Buenos Aires, Sudamericana.
- Diccionario Enciclopédico Gran Espasa Ilustrado*. (1999). Madrid, Espasa Calpe.
- Di Fabio Roca, F.; Solís, E.; Ares, A.; Romaldini, M.; Rocco F.; Vaccaro, M. S.; Avena, S. A.; Dejean, C. B.; Carnese, F. R. y De La Vega, E. D. (2011). Análisis de marcadores autosómicos y mezcla génica en la población de Rosario, provincia de Santa Fe. En *Actas Décimas Jornadas Nacionales de Antropología Biológica*, p.112.
- Di Fabio Roca, F.; De La Vega, D.; Russo, M. G.; Raggio, M.; Dejean, C. B. y Avena, S. A. (2013). El aporte africano al acervo génico de la población de Rosario, provincia de Santa Fe. Estudios afrolatinoamericanos: Nuevos enfoques multidisciplinarios. En Ghidoli, M. de L. y Martínez Peria, J. F. (comps.). En *Actas de las Terceras Jornadas del GEALA*, 1ª ed, pp. 383-398.
- Di Fabio Roca, F.; Albeza, M. V.; Postillone, M. B.; Acreche, N.; Lafage, L.; Parolin, M. L.; Dejean, C. B.; Carnese, F. R. y Avena, S. A. (2016). Historia poblacional y análisis antropogenético de la ciudad de Salta. En *Revista Andes* 27.

- Dipierri, J. E.; Alfaro, E.; Martínez-Marignac, V. L.; Bailliet, G.; Bravi, C. M.; Cejas, S. y Bianchi, N. O. (1998). Paternal directional mating in two Amerindian subpopulations located at different altitudes in Northwestern Argentina. En *Human Biology* 70 (6), pp. 1001-1010.
- Dipierri, J. E.; Alfaro, E. y Bejarano, I. F. (1999). Surnames, ABO system and miscegenation in highland populations of Province of Jujuy (Northwest Argentine). En *Homo* 50 (1), pp. 14-20.
- Dipierri, J. E.; Alfaro, E.; Peña, J. A.; Constants, J. y Dugoujon, J. M. (2000). GM, KM, immunoglobulin allotypes and other serum genetic markers (HP, GC, PI and TF) among South American populations living at different altitudes (Jujuy Province, Argentina): Admixture estimates. En *Human Biology* 72 (2), pp. 305-319.
- Dobzhansky, T. (1969). *Herencia y Naturaleza del Hombre*. Buenos Aires, Losada.
- Domínguez Ortiz, A. (1993). *Los Judeoconversos en España Moderna*, p. 138. Madrid, Mapfre. Citado por Hering Torres, 2011, p. 33.
- Dulitzky, A. E. (2001). A region in denial: Racial discrimination and racism in Latin America. En *Beyond Law* 8(24), pp. 85-107.
- Erllich, H. A.; Mack, S. J.; Bergstrom, T. y Gyllensten, U. B. (1997). HLA class II alleles in Amerindian populations: Implications for the evolution of HLA polymorphism and the colonization of the Americas. En *Hereditas* 127 (1-2), pp. 19-24.
- Esteve Fabregat, C. (1981). La hispanización del mestizaje cultural en América. En *Quinto Centenario* 1-3, pp. 99-141.
- Etcheverry, M. A. (1947). El factor Rhesus en personas de ascendencia ibérica e itálica residentes en Argentina. En *La Semana Médica* 2 (2082), p. 500.
- . (1949). Frecuencia de los tipos sanguíneos Rh en la población de Buenos Aires. En *Revista de la Sociedad Argentina de Hematología y Hemoterapia* 1, pp. 166-168.
- Etcheverry, R.; Guzmán, C.; Hille, A.; Nagel, R.; Covarrubias, E.; Regonesi, C.; Miranda, M. y Duran, N. (1967). Investigación de grupos sanguíneos y otros caracteres genéticos sanguíneos en indígenas de Chile. I. En Atacameños y Mapuches. En *Revista Médica de Chile* 95, pp. 599-604.
- Fainboim, L.; Satz, M. L. y Geffner, J. (1999). *Introducción a la inmunología humana*, p. 387. Buenos Aires, Médica Panamericana.

- Fejerman, L.; Carnese, F. R.; Goicoechea, A. S.; Avena, S. A.; Dejean, C. R. y Ward, R. H. (2005). African ancestry of the population of Buenos Aires. En *American Journal of Physical Anthropology* 128 (1), pp. 164-170.
- Fernández Viña, M.; Lázaro, A. M.; Marcos, C.; Nulf, C. Y.; Raimondi, E.; Haas, Emilio J. y Stastny, P. (1997). Dissimilar evolution of B-locus versus A-locus and class II loci of the HLA region in South American Indian tribes. En *Tissue Antigens* 50, pp. 233-250.
- Fink de Cabutti, N. E. y Palatnik, M. (1975). Aspectos genéticos monofactoriales eritrocitarios. En Barbieri, F. D. y Legname, A. M. (eds.). *Simposio sobre Genética de la Población Toba del Chaco Argentino, Progresos en Biología*, pp. 57-68.
- Fondevila, M.; Jaime, J. C.; Salas, A.; Lareu, M. V. y Carracedo, Á. (2003). Y-chromosome STR haplotypes in Córdoba (Argentina). En *Forensic Science International* 137, pp. 217-220.
- Forster, P.; Harding, R.; Torroni, A. y Bandelt, H.-J. (1996). Origin and evolution of Native American mtDNA variation: A reappraisal. En *American Journal of Human Genetics* 59, pp. 935-945.
- Fradkin, R. y Garavaglia, J. C. (2009). *La Argentina Colonial. El Río de la Plata entre los siglos XVI y XIX*. Buenos Aires, Siglo XXI, Biblioteca Básica de Historia.
- Frigerio, A. (2002). "Negros" y "Blancos" en Buenos Aires: Repensando nuestras categorías raciales. En Conferencia presentada en las jornadas: "Buenos Aires Negra: Memorias, representaciones y prácticas de las comunidades Afro". Buenos Aires, Dirección General de Museos de Buenos Aires, Instituto Histórico de la ciudad de Buenos Aires.
- García, A. y Demarchi, D. A. (2006). Linajes parentales amerindios en poblaciones del norte de Córdoba. En *Revista Argentina de Antropología Biológica* 8(1), pp. 57-71.
- . (2009). Incidence and distribution of Native American mtDNA haplogroups in Central Argentina. En *Human Biology* 81 (1), pp. 59-69.
- García, A.; Demarchi, D. A.; Tovo-Rodrigues, L.; Pauro, M.; Callegari-Jacques, S.; Salzano, F. M. y Hutz, M. H. (2015). High interpopulation homogeneity in Central Argentina as assessed by ancestry informative markers (AIMs). En *Genetics and Molecular Biology* 38 (3), pp. 324-331.
- Georges, L.; Seidenberg, V.; Hummel, S. y Fehren-Schmitz, L. (2012). Molecular characterization of ABO blood group frequencies in pre-Columbian Peruvian highlanders. En *American Journal of Physical Anthropology* 149 (2), pp. 242-249.
- Gilroy, P. (2000). *Against race: Imagining political culture beyond the color line*. Cambridge, Harvard University Press. Citado por Ventura Santos, R. y Chor Maio, M., 2011.

- Giménez, P.; Albeza, M. V.; Acreche, N.; Castro, J. A.; Ramon, M. M. y Picornell, A. (2006). Genetic variability at eleven STR *loci* and mtDNA in NOA populations (Puna and Calchaquí Valleys). En *International Congress Series 1288*, pp. 97-99.
- Giménez, G. (2000). Identidades étnicas: Estado de la cuestión. En Reina, L. *Los retos de la etnicidad de los Estados-nación del siglo XXI*. México, Centro de Investigaciones y Estudios Superiores en Antropología Social, Instituto Nacional Indigenista Miguel Ángel Porrúa.
- Ginther, C.; Corach, D.; Penacino, G.; Rey, J.; Carnese, F. R.; Hutz, M. H.; Anderson, A.; Just, J.; Salzano, F. M. y 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, S.; Chakraborty, R.; Epplen, J. y Jeffreys, A. (eds.) *DNA Fingerprinting: State of the Science*, pp. 211-219. Basilea, Birkhauser Verlag.
- Giraudó, C. A.; Gómez, V. y Marcellino, A. J. (1982). Estudio inmunogenético en un semiaislado humano de la Sierra de Comechingones (Córdoba, Argentina). En *Medicina* 42 (1), pp. 51-55.
- Giraudó, C. A.; Marcellino, A. J. y Dipierri, J. E. (1985). Primera investigación de antígenos leucocitarios (Sistema HLA) en nativos de altura del territorio argentino. En *Actas IIº Jornadas Científicas de la Sociedad de Biología de Córdoba*.
- Glesmann, L. A.; Martina, P. F. y Catanesi, C. I. (2013). Genetic variation of X-STRs in the Wichi population from Chaco Province, Argentina. En *Human Biology Paper* 32. Disponible en <http://digitalcommons.wayne.edu/humbiol/preprint/32>.
- Gobineau, A. D. (1853-1855). *Essai sur l'inégalité des races humaines*. París, Firmin Didot. Citado por Hering Torres, 2007, p. 22.
- Goebel, T.; Waters, M. R. y O'Rourke, D. H. (2008). The late pleistocene dispersal of modern humans in the Americas. En *Science* 319, pp. 1497-1502.
- Goicoechea, A. S.; Soria, M.; Haedo, A.; Crognier, E. y Carnese, F. R. (1996). Distancias genéticas en poblaciones aborígenes de la Argentina. En *Revista Argentina de Antropología Biológica* 1 (1), pp. 153-166.
- Goicoechea, A. S.; Carnese, F. R.; Caratini, A. L.; Avena, S.; Salaberry, M. y Salzano, F. M. (2000). Demography, genetic diversity and population relationships among Argentina Mapuche Indians. En *Genetics and Molecular Biology* 23 (3), pp. 513-518.
- Goicoechea, A. S.; Carnese, F. R.; Dejean, C. B.; Avena, S. A.; Weimer, T. A.; Franco, M. H. L. P.; Callegari-Jacques, S. M.; Estalote, A. C.; Simões, M. L.; Palatnik, M. y Salzano, F. M. (2001). Genetic relationships between Amerindian Populations of Argentina. En *American Journal of Physical Anthropology* 115 (2), pp. 133-143.

- Goicoechea, A. S.; Carnese, F. R.; Dejean, C. B.; Avena, S. A.; Weimer, T. A.; Estalote, A. C.; Simoes, M. L. M. S.; Palatnik, M.; Salamoni, S. P.; Salzano, F. M. y Callegari-Jaques, S. M. (2001a). New genetic data on Amerindians from the Paraguayan Chaco. En *American Journal of Human Biology* 13, pp. 660-667.
- Goldberg, M. B. (1976). La población negra y mulata de la ciudad de Buenos Aires, 1810-1840. En *Desarrollo económico* pp. 75-99.
- Goldberg, M. y Mallo, S. (1993). La población africana en Buenos Aires y su campaña. Formas de vida y de subsistencia (1750-1850). En *Temas de Asia y África* 2. Buenos Aires, Facultad de Filosofía y Letras, Universidad de Buenos Aires.
- Gordon, L. (1995). Critical "Mixed Race"? En *Social Identities* 1(2), pp. 381-395. Citado por Briones, 2002, p. 70.
- Gould, S. J. (1994). The geometer of race. Disponible en http://discovermagazine.com/1994/nov/the_geometer_of_race_441.
- Green, R. E.; Krause, J.; Briggs, A. W.; Maricic, T.; Stenzel, U.; Kircher, M.; Patterson, N.; Li, H.; Zhai, W.; Fritz, M.; Hsi-Yang; Hansen, N. F.; Durand, E. Y.; Malaspina, A.-S.; Jensen, J. D.; Marques-Bonet, T.; Alkan, C.; Prüfer, K.; Meyer, M.; Burbano, H. A.; Good, J. M.; Schultz, R.; Aximu-Petri, A.; Butthof, A.; Höber, B.; Höffner, B.; Siegemund, M.; Weihmann, A.; Nusbaum, C.; Lander, E. S.; Russ, C.; Novod, N.; Affourtit, J.; Egholm, M.; Verna, C.; Rudan, P.; Brajkovic, D.; Kucan, Ž.; Gušić, I.; Doronichev, V. B.; Golovanova, L. V.; Lalueza-Fox, C.; de la Rasilla, M.; Fortea, J.; Rosas, A.; Schmitz, R. W.; Johnson, P. L. F.; Eichler, E. E.; Falush, D.; Birney, E.; Mullikin, J. C.; Slatkin, M.; Nielsen, R., K, J.; Lachmann, M.; Reich, D. y Pääbo, S. (2010). A draft sequence of the Neandertal genome. En *Science* 328, pp. 710-722.
- Gruzinski, S. (2000). *El pensamiento mestizo*, p. 364. Barcelona/Buenos Aires/México, Paidós.
- Guimarey, L. M.; Carnese, F. R.; Pinotti, L. V.; Pucciarelli, H. M. y Goicoechea, A. S. (1993). Crecimiento en escolares de Villa IAPI (Quilmes, provincia de Buenos Aires, Argentina). En *Archivos Latinoamericanos de Nutrición*. 43 (2), pp. 139-145.
- Guzmán, F. (2010). Los clarososcuros del mestizaje. Negros, indios y castas en la Catamarca Colonial, p. 234. Córdoba, Encuentro Grupo Editor.
- Haas, E. J. C.; Salzano, F. M.; Araujo, H. A.; Grossman, F.; Barbetti, A.; Weimer, T. A.; Franco, M. H. L. P.; Verruno, L.; Nasif, O.; Morales, V. H. y Arienti, R. (1985). HLA antigens and other genetic markers in the Mapuche Indians of Argentina. En *Human Heredity* 35, pp. 306-313.

- Hammer, M. F. (1994). A recent insertion of an Alu element on the Y chromosome is a useful marker for human population studies. En *Molecular Biology and Evolution* 11(5), pp. 749-761.
- . (2013). Híbridos Humanos. En *Investigación y Ciencia* 442, pp. 76-81.
- Harrison, F. (1995). The persistent power of "race" in the cultural and political economy or racism. En *Annual Review of Anthropology* 24, pp. 7-74. Citado por Briones 2002, p. 68.
- Hering Torres, M. S. (2007). "Raza": Variables históricas. En *Revista de Estudios Sociales* 26, pp.16-27.
- . (2011). La limpieza de sangre. Problemas de interpretación: Acercamientos históricos y metodológicos. En *Historia Crítica* 45, pp. 32-55.
- Hershkovitz, I; Weber, G. W.; Quam, R.; Duval M.; Grün, R.; Kinsley, L.; Ayalon, A.; Bar-Matthews, M.; Valladas, H.; Mercier, N.; Arsuaga, J. L.; Martínón-Torres, M.; Bermúdez de Castro, J. M.; Fornai C.; Martín-Francés, L.; Sarig, R.; May H.; Krenn, V. A.; Slon, V.; Rodríguez, L.; García, R.; Lorenzo, C.; Carretero, J. M.; Frumkin, A.; Shahack-Gross, R.; Bar-Yosef Mayer, D. E.; Cui, Y.; Wu, X.; Peled, N.; Groman-Yaroslavski, I.; Weissbrod, L.; Yeshurun, R.; Tsatskin, A.; Zaidne, Y; Weinstein-Evro, M. (2018). The earliest modern humans outside. En *Science* 359, pp. 456-459.
- Herzog, T. (2003). *Defining Nations: Immigrants and citizens in early modern Spain and Spanish America*. New Haven, Yale University Press. Citado por Rappaport, 2005, p. 13.
- Hirsch, S. (2004). Ser guaraní en el Noroeste Argentino: Variantes de la construcción identitaria. En *Revista de Indias* LXIV (230), pp. 67-80.
- Horai, S.; Kondo, R.; Nakagawa-Hattori, Y.; Hayasaki, S.; Sonoda, S. y Tarima, K. (1993). Peopling of the Americas, founded by four major lineages of mitochondrial DNA. En *Molecular Biology and Evolution* 10 (1), pp. 23-47.
- Hutz, M. H.; Mattevi, V. S.; Callegari-Jacques, S. M.; Salzano, F. M.; Coimbra Jr., C. E. A.; Santos, R. V.; Carnese, F. R.; Goicoechea, A. S. y Dejean, C. B. (1997). D1S80 locus variability in South American indians. En *Annals of Human Biology* 24 (3), pp. 249-255.
- Imbelloni, J. (1937). Razas humanas y grupos sanguíneos. En *Relaciones de la Sociedad Argentina de Antropología* 1, pp. 23-49.
- Jablonski, N. G. y Chaplin, G. (2000). The evolution of human skin coloration. En *Journal of Human Evolution* 39, pp. 57-106.

- Juzeniene, A.; Setlow, R.; Porojnicu, R.; Alina, S. y Arnfinn Hykkerud, M. J. (2009). Development of different human skin colors: A review highlighting photobiological and photobiophysical aspect. En *Journal of Photochemistry and Photobiology B: Biology* 96, pp. 93-100. Trabajo comentado por Pérez Iglesias, J. I. en http://www.blogseitb.com/cienciay_humanismo/2010/12/04/pieles-oscuras-y-pieles-claras/. Tema por NeoFase. Válido XHTML 1.1 y CSS 3.
- Kant, I. (1968 [1808]). *Physische geographie*. En *Kants Werke*, IX. Berlín, Walter de Gruyter. Citado por Hering Torres, 2007, p. 22.
- . (1996 [1775]). Von den Verschiedenen Rassen der Menschen. En *Schriften zur Anthropologie Geschichtsphilosophie, Politik und Pädagogik*. Werkausgabe, XI. Frankfurt/M., Suhrkamp. Citado por Hering Torres, 2007, p. 22.
- Kaufman, L.; Carnese, F. R.; Goicoechea, A. S.; Dejean, C. B.; Salzano, F. M. y Hutz, M. H. (1998). Beta-Globin gene cluster haplotypes in the Mapuche indians of Argentina. En *Genetics and Molecular Biology* 21 (4), pp. 435-437.
- Knight, A. (1992). Racism, revolution, and indigenismo: Mexico, 1910-1940. En Graham, R. (ed.). *The idea of Race in Latin America, 1870-1940*, pp. 71-113. Austin, University of Texas press. Citado por Briones 2002, p. 68.
- Konetzke, R. (1946). Documentos para la historia y crítica de los registros parroquiales en las Indias. En *Revista de Indias* 7(3), pp. 7-44.
- Laluzea-Fox, C.; Pérez-Pérez, A.; Prats, E.; Cornudella, L. y Turbón, D. (1997). Lack of founding Amerindian mitochondrial DNA lineages in extinct aborigenes from Tierra del Fuego-Patagonia. *Human Molecular Genetics* 6 (1), pp. 41-46.
- Laplantine, F. y Nouss, A. (1997). *Le métissage*, pp. 8-10. París, Flammarion. Citado por Gruzinski, 2000, p. 44.
- Larrain, H. B. (1993). ¿Pueblo, Etnia o Nación? Hacia una clarificación antropológica de conceptos corporativos aplicables a las comunidades indígenas. En *Revista de Ciencias Sociales (CI)* 002, pp. 28-53.
- Larrain J. (2003). El concepto de identidad. En *Revista Famecos* 21, pp. 30-42.
- Lao, O.; Vallone, P. M.; Coble, M. D.; Diegoli, T. M.; van Oven, M.; van der Gaag, K. J.; Pijpe, J.; de Knijff, P. y Kayser, M. (2010). Evaluating self-declared ancestry of U.S. Americans with autosomal, Y-chromosomal and mitochondrial DNA. *Human mutation*. En *Mutation in Brief* 31(12), pp. E1875-E1893 online.
- Larrouy, P. A. (1927). *Documentos del Archivo de Indias para la historia del Tucumán*. Madrid, Biblioteca de Autores Españoles, t. II. Citado por Zacca, I. E., 1997.

- Lewis, C. M.; Tito, R. Y.; Lizárraga, B. y Stone, A. C. (2005). Land, language, and loci: mtDNA in Native American and the genetic history of Perú. En *American Journal of Physical Anthropology* 127 (3), pp. 351-360.
- Lewontin, R. C. (1984). *La diversidad humana*. Barcelona, Prensa Científica/Labor.
- Lin, Z.; Kondo, T.; Minamino, T.; Sun, E.; Liu, G. y Ohshima, T. (1996). Genotyping of ABO blood group system by PCR and RFLP on mummies discovered at Taklamakan desert in 1912. *Nihon Hoigaku Zasshi*. En *The Japanese Journal of Legal Medicine* 50 (5), pp. 336-342.
- Livingstone, F. B. y Dobzhansky, T. (1962). On the non-existence of human races. En *Current Anthropology* 3(3), pp. 279-281.
- López Camelo, J. S.; Cabello, P. H. y Dutra, M. G. (1996). A simple model for the estimation of congenital malformations frequency in racially mixed populations. En *Brazilian Journal of Genetics* 19 (4), pp. 659-663.
- López Parra, A. M.; Dipierri, J. E.; Marrodán, M. D.; Gómez, B. A.; Baeza, C.; Pacheco, J. L.; Bejarano, I. F.; Alfaro, E.; García, M.; Tirado, M.; Testillano, D.; Arroyo-Pardo, E.; Lomaglio, D. B. y Mesa, M. S. (2011). Preliminary results of mitochondrial DNA sequence variation in Jujuy population (Argentina). En *Forensic Science International: Genetics Supplement Series* 3, pp. e7-e8.
- Lorandi, A. M. (1992). El mestizaje interétnico en el noroeste argentino. En *Senri Ethnological Studies* 33, pp. 133-166.
- Lucaioli, C. (2010). Los espacios de frontera en el Chaco desde la Conquista hasta mediados del siglo XVIII. En Lucaioli, C. y Nacuzzi, L. R. (comps.). *Fronteras. Espacios de Interacción en tierras bajas del sur de América*, pp. 21-68. Buenos Aires, Sociedad Argentina de Antropología. Citado por Avena *et al.*, 2012, p. 7.
- Madrigal Díaz, L. y González-José, R. (2016). *Introducción a la Antropología Biológica*. Asociación Latinoamericana de Antropología Biológica. Disponible en http://scholarcommons.usf.edu/islac_alab_antropologia/1
- Malgesini, G. y Giménez, C. (2000). *Guía de conceptos sobre migración, racismo e interculturalidad*. Madrid, Catarata. Citado por Rodríguez Mir, 2012, p. 44.
- Mandrini, R. (2008). *La Argentina aborigen. De los primeros pobladores a 1910*. Buenos Aires, Siglo XXI, Colección Básica de Historia.
- Manual Técnico* (1997). Asociación Argentina de Hemoterapia e Inmunohematología. Buenos Aires.

- Marcellino, A. J.; Dipierri, J. E.; Leonardi, M.; Seisedos, L. y Giraudo, C. A. (1984). Fenotipos eritrocitarios y haptoglobínicos en la población aborigen de altura de la provincia de Jujuy (República Argentina). En *Actas XVº Congreso Argentino de Genética*, p. 56.
- Marcos, C. (2000). Disponible en <http://www.allelefrequencies.net>. Citado por Parolin M. L. y Carnese, F. R., 2009, p. 217.
- Marino, M. E. (2010). El origen amerindio de los mendocinos. Plataforma de Información para Políticas Públicas. Universidad Nacional de Cuyo. Disponible en <http://www.politicaspublicas.uncu.edu.ar/articulo/buscando-la-identidad-genetica-de-los-mendocinos>.
- Marino, M. y Furfuro, S. (2010). Genetic population data of 12 Y-chromosome STRs *loci* in Mendoza population (Argentina). En *Forensic Science International: Genetics* 4(4), pp. e89-e93.
- Marino, M.; Sala, A. y Corach, D. (2006). Genetic analysis of the populations from Northern and Mesopotamian provinces of Argentina by means of 15 autosomal STRs. En *Forensic Science International* 160 (2-3), pp. 224-230.
- Marks, J. (1997). La raza, teoría popular de la herencia. En *Mundo Científico* 185, pp. 1045-1051.
- Márquez Villanueva, F. (1965). The converso problem: An assessment. En Hornik, M. (ed.). *Collected Studies in Honour of Américo Castro's Eightieth Year*. Oxford Lincombe Lodge Research Library, 324. Citado por Hering Torres, 2011, p. 34.
- Marrero, A. R., Silva-Junior, W. A.; Bravi, C. M.; Hutz, M. H.; Petzl-Erler, M. L.; Ruiz-Linares, A.; Salzano, F. M. y Bortolini, M. C. (2007). Demographic and evolutionary trajectories of the Guarani and Kaingang natives of Brazil. En *American Journal of Physical Anthropology* 132 (2), pp. 301-310.
- Martínez-Echazábal, L. (1998). Mestizaje and the discourse of national/cultural identity in Latin America, 1845-1959. *Latin American Perspectives* 25(3), pp. 21-42. Race and National Identity in the Americas. P Sage Publications, Inc. Stable. Disponible en www.jstor.org/stable/2634165.
- Martínez Marignac, V. L.; Bravi, C. M.; Lahitte, H. B. y Bianchi, N. O. (1999). Estudio del ADN mitocondrial de una muestra de la ciudad de La Plata. En *Revista Argentina de Antropología Biológica* 2(1), pp. 281-300.
- Martínez Marignac, V. L.; Bertoni, B.; Parra, E. J. y Bianchi, N. O. (2004). Characterization of admixture in an urban sample from Buenos Aires, Argentina, using uniparentally and biparentally inherited genetic markers. En *Human Biology* 76(4), pp. 543-557.

- Martínez Sarasola, C. (1992). *Nuestros paisanos los indios. Vida, historia y destino de las comunidades indígenas en la Argentina*. Buenos Aires, Emecé.
- Mata de López, S.; Zacca, I. E.; Marchionni, M. y Caretta, G. (1996). La sociedad urbana de Salta a fines del período colonial. En *Cuadernos de Humanidades (Salta)* 8, pp. 213-236.
- Matson, G. A.; Sutton, H. E.; Etcheverry, R. B.; Swanson, J. y Robinson, A. (1969). Distribution of hereditary blood groups among Indians in South American.VII. In Argentina. En *American Journal of Physical Anthropology* 30, pp. 61-83.
- Mayr, E. (1978). La evolución. *Investigación y Ciencia*. 26, pp. 7-16.
- Mazza, S. (1939). Los factores MN en sangre de indígenas del Chaco argentino comparados con los nativos de Buenos Aires. En *Actas Novena Reunión de la Sociedad Argentina de Patología Regional* 3, pp. 1916-1918.
- Mazza, S. y Franke, I. (1927). Grupos sanguíneos de indios y de autóctonos del norte argentino (Nota preliminar). En *Prensa Médica Argentina* 14, pp. 408-409.
- . (1928). Grupos sanguíneos de indios y de argentinos. (Segunda comunicación). En *Prensa Médica Argentina* 15, pp. 607-610.
- Mercado Maldonado, A. y Hernández Oliva, A. V. (2010). El proceso de construcción de la identidad colectiva. Convergencia. En *Revista de Ciencias Sociales* 53, pp. 229-251.
- Miozzo, M. C.; Pacharoni, C. M.; Mutal, S. A.; Maxzud, M. K.; Casanova, A. E. y Modesti, N. M. (2003). STRs data for the *loci* D3S1385, vWA, FGA, D8S1179, D21S11, D18S51, D5S818, D13S317 and D7S820 from Córdoba (Argentina). En *Forensic Science International* 131, pp. 214-217.
- Moraga, M. L.; Rocco, P.; Miquel, J. F.; Nervi, F.; Llop, E.; Chakraborty, R.; Rothhammer, F. y Carvallo, P. (2000). Mitochondrial DNA polymorphisms in Chilean aboriginal populations: Implications for the peopling of the southern cone of the continent. En *American Journal of Physical Anthropology* 113, pp. 19-29.
- Morales, J. O.; Dipierri, E. J.; Alfaro, E. y Bejarano, I. F. (2000). Distribution of the ABO system in the Argentine Northwest: Miscegenation and genetic diversity. En *Interciencia* 25(9), pp. 432-435.
- Morales, J.; Alfaro, E.; Dipierri, J. y Bejarano, I. (2003). Apellidos y sistema Rh (D/d) en poblaciones jujeñas. En *Revista Argentina de Antropología Biológica* 5 (2), pp. 7-13.
- Mörner, M. (1969). *La mezcla de razas en la historia de América Latina*. Buenos Aires, Paidós.

- Motti, J. M. B.; Rodenak, B.; Muzzio, M.; Ramallo, V.; Santos, M. R.; Castro, C.; Alfaro, E. L.; Dipierri, J. E.; Scheible, M.; Saunier, J. L.; Irwin, J. A.; Coble, M. D.; Baillet, G. y Bravi, C. M. (2009). The genetic composition of Argentina prior to the massive immigration era: Insights from matrilineages of extant criollos in Central-Western Argentina. En *Forensic Science International: Genetics Supplement Series 2*, pp. 342-343.
- Motti, J. M. B.; Muzzio, M.; Ramallo, V.; Rodenak, K. B.; Alfaro, E. L.; Dipierri, J. E.; Baillet, G. y Bravi, C. M. (2013). Origen y distribución espacial de linajes maternos nativos en el Noroeste y Centro Oeste argentinos. En *Revista Argentina de Antropología Biológica 15(1)*, pp. 3-14.
- Muñoz, A.; Albeza, M. V.; Acreche, N.; Castro, J.; Ramón, M. M. y Picornell, A. (2012). Allele frequencies of 15 STRs in the Calchaquí Valleys population (North Western Argentina). En *Forensic Science International Genetics 6 (1)*, pp. e58-e60.
- Musters, G. C. [1964 (1871)]. *Vida entre los Patagones. Un año de excursiones por tierras no frecuentadas desde el Estrecho de Magallanes hasta el Río Negro*. Buenos Aires, Solar/Hachette.
- Mutchinik, O. M. y Castilla, E. E. (1970). Observaciones genealógicas y dermatoglíficas y distribución de grupos sanguíneos. En Degrossi, D. J.; Pecorini, V. y Altschuler, N. (eds.), *Bocio endémico*, pp. 41-60.
- Olaechea Labayen, J. B. (1992). *El mestizaje como gesta*. cap. XI, pp. 260-306. Madrid, Mapfre.
- Oteyza E. y Aruj, R. (1995). Inmigración real, inmigración imaginaria y discriminación en la Argentina. En *Actas V Jornadas sobre colectividades*. Buenos Aires, Instituto de Investigaciones "Gino Germani", Facultad de Ciencias Sociales, Universidad de Buenos Aires. Citado por Avena, S. A., 1998, p. 6.
- Pagés Larraya, F.; Wyller de Contardi, N. y Servy, E. (1978). Marcadores genéticos de la población aborigen del Chaco argentino. En *Revista del Instituto de Antropología 6*, pp. 217-241.
- Palatnik, M. (1966). Seroantropología argentina. En *Sangre 11*, pp. 395-412.
- . (1968). Grupos sanguíneos en Ranqueles de Argentina. En *Sangre 13*, pp. 31-60.
- . (1980). Diversidad genética en poblaciones argentinas. En *Actas IVº Congreso Latinoamericano de Genética 2*, pp. 369-375.
- . (1987). Antropogenética de los grupos sanguíneos en Latinoamérica. En *Revista Argentina de Transfusión 13 (1)*, pp. 3-10.

- Palazzo, R. y Tenconi, J. (1939). Estadística sobre 15.000 clasificaciones de grupos sanguíneos, realizadas en Buenos Aires. En *Semana Médica* 2, pp. 459-460.
- Pando, M. (1998). Estudio molecular de la distribución de alelos HLA-DR-DQ en poblaciones normales argentinas y en pacientes con hepatitis crónica autoinmune. Tesis Doctoral, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires. Citado por Parolin, M. L. y Carnese, F. R., 2009, p. 217.
- Parolin, M. L. y Carnese, F. R. (2007). Distribución Alélica del *locus* HLA-DRB1 en poblaciones nativas americanas. Evaluación de afinidades evolutivas intra e intercontinental. En *Revista Argentina de Antropología Biológica* 9 (2), pp. 123-144.
- . (2009). HLA-DRB1 alleles in four Amerindian populations from Argentina and Paraguay. En *Genetics and Molecular Biology* 32 (2), pp. 212-219.
- Parolin, M. L.; Sala, A.; Carnese, F. R.; Theiler, G.; Fainboim, L.; Dejean, C. B.; Avena, S. A. y Corach, D. (2010). Análisis de linajes maternos en chiriguano del Gran Chaco Argentino (Orán, Provincia de Salta). En *Actas del XI Congreso de la Asociación Latinoamericana de Antropología Biológica (ALAB)*, pp. 140-141.
- Parolin, M. L.; Avena, S. A.; Dejean, C. B.; Jaureguiberry, S. M.; Sambuco, L. A. y Carnese, F. R. (2012). Y-chromosomal STR haplotype diversity in a sample from the metropolitan area of Buenos Aires (Argentina). En *Revista del Museo de Antropología* 5, pp. 53-64.
- Parolin, M. L.; Avena, S. A.; Fleischer, S.; Pretell, M.; Di Fabio Rocca, F.; Rodríguez, D. A.; Dejean, C. B.; Postillone, M. B.; Vaccaro, M. S.; Dahinten, S. L.; Manera, G. y Carnese, F. R. (2013). Análisis de la diversidad biológica y mestizaje en la ciudad de Puerto Madryn (provincia del Chubut, Argentina). En *Revista Argentina de Antropología Biológica* 15 (1), pp. 61-75.
- Parolin, M. L.; Carreras-Torres, R.; Sambuco, L. A.; Jaureguiberry, S. M. y Ludica, C. E. (2014). Analysis of 15 autosomal STR *loci* from Mar del Plata and Bahía Blanca (Central region of Argentina). En *International Journal of Legal Medicine* 128, pp. 457-459.
- Paulotti, O. L. (1948). Los Toba. Contribución a la somatología de los indígenas del Chaco. En *RUNA I* (Partes 1-2), pp. 9-110.
- Paulotti, O. L. y González Alegría, L. (1943-1945). Grupos sanguíneos de los nativos de la Puna Jujeña. En *Anales del Museo Argentino de Ciencias Naturales "Bernardino Rivadavia"*, XLI (83), pp. 21-28.
- Pauro, M.; García, A.; Bravi, C. M. y Demarchi, D. A. (2010). Distribución de haplogrupos mitocondriales autóctonos en poblaciones rurales de Córdoba y San Luis. En *Revista Argentina de Antropología Biológica* 12 (1), pp. 47-55.

- Pauro, M.; García, A. y Demarchi, D. A. (2013). Análisis de linajes mitocondriales en poblaciones de la llanura del Sudeste cordobés. En *Actas XI Jornadas Nacionales de Antropología Biológica*, p. 23.
- Pauro, M.; García, A.; Nores, R. y Demarchi, D. M. (2013a). Analysis of uniparental lineages in two villages of Santiago del Estero, Argentina, seat of "Pueblos de Indios" in colonial times. En *Human Biology* 85(5), pp. 699-720.
- Pena, S. D. J.; Santos, F. R.; Bianchi, N. O.; Bravi, C. M.; Carnese, F. R.; Rothhammer, F.; Gerelsaikhan, T.; Munkhtuja, B. y Oyunsuren, T. (1995). A major founder Y-chromosome haplotype in Amerindians. En *Nature Genetics* 11, pp. 15-16.
- Pena, S. D. J.; Carvalho-Silva, D. R.; Alves-Silva, J. y Prado, V. F. (2000). Retrato molecular do Brasil. En *Ciência Hoje* 159, pp. 16-25.
- Pérez Iglesias, J. I. (2010). Pielos oscuras y pieles claras. Disponible en: <http://www.blogseitb.com/cienciayhumanismo/2010/12/04/pielos-oscuras-y-pielos-claras>
- Piazza, A. (1997). Un concepto sin fundamento biológico. En *Mundo Científico* 185, pp. 1052-1056.
- Picotti, D. V. (2001). *El negro en la Argentina: Presencia y negación*. p. 513. Buenos Aires, Editores de América Latina.
- Pirosky, I.; Tantora, M.; Vellard, J.; Braunstein, J. y Alessandria, J. (1983). Análisis genético de una población indígena toba. Estudio de la frecuencia del HLA-DR. En *Medicina* 43, pp. 281-284.
- Poma de Ayala, F. G. (1980 [1615]). *El primer nueva corónica y buen gobierno*. Murra, J. y Adorno, R. (eds.). México, Siglo XXI. Citado por Rappaport, 2015, p. 14.
- Pucciarelli, H. M.; Carnese, F. R.; Pinotti, L. V.; Guimarey, L. M. y Goicoechea, A. S. (1993). Sexual dimorphism in schoolchildren of the Villa IAPI neighborhood (Quilmes, Buenos Aires, Argentina). En *American Journal of Physical Anthropology* 92 (2), pp. 165-172.
- Pucciarelli, H. M.; Carnese, F. R. y Guimarey, L. M. (1996). Desnutrición y dimorfismo sexual. En *Ciencia Hoy* 6 (34), pp. 53-59.
- Quiroga Micheo, E.; Vilaseca, A. B.; Bonder, M. C. y Quiroga Vergara, E. R. (1988). Frecuencia de los grupos sanguíneos y análisis de la progresiva disminución del factor Rh negativo en la población argentina. En *Medicina* 48, pp. 355-360.
- Radovich, J. C. (2002). Identidad y conflicto en territorio mapuche: El caso Pulmarí. En *Actas 50º Congreso Internacional de Americanistas (CIA)*. Varsovia, Polonia.

- . (2004). Procesos migratorios en comunidades mapuches de la Patagonia Argentina. En *Actas II Congreso Internacional de Investigación y Desarrollo Socio-Cultural (AGIR)*. Paredes de Coura, Portugal.
- . (2013). Los mapuches y el Estado neuquino: Algunas características de la política indígena. En *RUNA XXXIV (1)*, pp. 13-29.
- Radovich, J. C. y Balazote, A. (2009). El pueblo mapuche contra la discriminación y el etnocidio. *Archivos del Sur* (comp.) "Historia de las familias Paichil Antriao y Quintriqueo. Villa la Angostura." Villa La Angostura, Biblioteca Popular "Osvaldo Bayer".
- Ramallo, V.; Santos, M. R.; Muzzio, M.; Motti, J. M. B.; Salceda, S. y Bailliet, G. (2009a). Linajes masculinos y su diversidad en comunidades wichi de Formosa. En *Revista del Museo de Antropología 2*, pp. 67-74.
- Ramallo, V.; Mucci, J. M.; García, A.; Muzzio, M.; Motti, J. M. B.; Santos, M. R.; Pérez, M. E.; Alfaro, E. L.; Dipierrri, J. E.; Demarchi, D. A.; Bravi, C. M. y Bailliet, G. (2009b). Comparison of Y-chromosome haplogroup frequencies in eight provinces of Argentina. En *Forensic Science International: Genetics Supplement Series 2*, pp. 451-452.
- Ramallo, V.; Salceda, S. y Bailliet, G. (2011). Apellidos, familias y linajes moleculares: El caso de Azampay, Catamarca. En *RUNA XXXII (2)*, pp. 163-184.
- Ratier, H. (1971). *El cabecita negra*. Buenos Aires, Centro Editor de América Latina.
- Rappaport, J. (2012). Buena sangre y hábitos españoles: Repensando a Alonso de Silva y Diego de Torres. En *Anuario Colombiano de Historia Social y de la Cultura 39 (1)*, pp. 19-48.
- . (2015). Letramiento y mestizaje en el Nuevo Reino de Granada, Siglos XVI y XVII (Literacy and Mestizaje in the Nuevo Reino de Granada, Sixteenth and Seventeenth Centuries). En *Diálogo Andino (46)*, pp. 9-26.
- Ratto, S. (2003). *La frontera bonaerense (1810-1828): Espacio de conflicto, negociación y convivencia*. La Plata, Archivo Histórico de la Provincia de Buenos Aires "Dr. Ricardo Levene".
- Real Academia Española (2001). *Diccionario de la lengua española*. Madrid, Espasa. Disponible en: <http://www.rae.es/obras-academicas/diccionarios/diccionario-de-la-lengua-espanola#sthash.3UDjmbQO.dpuf>
- Redes 6* (2001). Libro de texto autorizado para 3er. grado del Segundo Ciclo de EGB. Buenos Aires, Proyecto Base. Citado por Belvedere *et al.*, 2007, p. 83.

- Resano, M.; Esteban, E.; González Pérez, E.; Via Marc, A. G.; Avena, S. A.; Goicoechea, A. S.; Bartomioli, M.; Fernández, V.; Cabrera, A.; Dejean, C. B.; Carnese, F. R. y Moral, P. (2007). How many populations set foot through the Patagonian door? Genetic Composition of the current population of Bahía Blanca (Argentina) based on data from 19 Alu polymorphisms. En *American Journal of Human Biology* 19 (6), pp. 827-835.
- Ribeiro, L.; Berardinelli, W. y Roiter, M. (1934). *Grupo Sanguineo dos Índios Guaranys*. O En Hospital 6 (12), pp. 1129-1135.
- Rodríguez Mir, J. (2012). Los sinuosos caminos del racismo: El racismo ambiental en Argentina. En *Revista de Antropología Experimental* 12, pp. 43-59.
- Roewer, L.; Arnemann, J.; Spurr, N. K.; Grzeschik, K. H. y Epplen, J. T. (1992). Simple repeat sequences on the human Y chromosome are equally polymorphic as their autosomal counterparts. En *Human Genetics* 89, pp. 389-394.
- Roth, C. (1940). Marranos and racial anti-semitism: A study in parallels. En *Jewish Social Studies* 2: 3. Citado por Hering Torres, 2011, p. 33.
- Roychoudhury, A. K. y Nei, M. (1988). *Human polymorphic genes world distribution*. Nueva York/Oxford, Oxford University Press.
- Sala, A. y Corach, D. (2014). Analysis of admixture and genetic structure of two Native American groups of Southern Argentinean Patagonia. En *Molecular Biology Reports* 41, pp. 1533-1543.
- Sala, A.; Penacino, G.; Carnese F. R. y Corach, D. (1999). Reference database of hyper-variable genetic markers of Argentina: Application for molecular anthropology and forensic casework. En *Electrophoresis* 20, pp. 1733-1739.
- Sala, A.; Marino, M. E.; Bobillo, M. C. y Corach, D. (2006). Evaluación de la correlación entre atributos genéticos y apellidos: Características de STRs autosómicos en individuos con apellido mapuche y europeo. En *Revista Argentina de Antropología Biológica* 8(1), pp. 9-21.
- Sala, A.; Argüelles, C. F.; Marino, M. E.; Bobillo, C.; Fenocchio, A. y Corach, D. (2010). Genetic analysis of six communities of mbyá-guaraní inhabiting North Eastern Argentina by means of nuclear and mitochondrial polymorphic markers. En *Human Biology* 82 (4), pp. 433-456.
- Salaberry, M. T.; Goicoechea, A. S.; Dejean, C. B. y Carnese, F. R. (1999). Grupos sanguíneos en restos momificados de una población prehispánica: "Las Pirguas" (Salta, Argentina). En *Revista Argentina de Antropología Biológica* 2 (1), pp. 267-280.

- Salas, A.; Jaime, J. C.; Álvarez-Iglesias, V. y Carracedo, A. (2008). Gender bias in the multiethnic composition of Central Argentina. En *Journal of Human Genetics* 53, pp. 662-674.
- Salzano, F. M. (2002). Molecular variability in Amerindians: Widespread but uneven information. En *Anais da Academia Brasileira de Ciências* 74 (2), pp. 223-263.
- Salzano, F. M. y Callegari-Jacques, S. (1988). *South American Indians. A case study in evolution*. Oxford, Clarendon Press.
- Sans, M. (2011). National identity, census data, and genetics in Uruguay. En Gibbon, S.; Ventura Santos, R. y Sans, M. (eds.). *Racial identities, genetic ancestry, and health in South American. Argentina, Brazil, Colombia, and Uruguay*, pp. 195-211. Nueva York, Palgrave Macmillan.
- Sans, M. y Figueiro, G. (2005). Aporte indígena a la población uruguaya: ¿charrúas o guaraníes? En *Revista Argentina de Antropología Biológica* 7 (1), p. 59.
- Sans, M.; Weimer, T. A.; Franco, M. H. L. P.; Salzano, F. M.; Bentancor, N.; Alvarez, I.; Bianchi, N. O. y Chakraborty, R. (2002). Unequal contributions of male and female gene pools from parental populations in the African descendants of the city of Melo, Uruguay. En *American Journal of Physical Anthropology* 118 (1), pp. 33-44.
- Scaro, J. L. (1957). Distribución racial de los sistemas ABO, Rh y MN en la población de la provincia de Jujuy. En *Revista de la Sociedad Argentina de Biología* 33, pp. 117-120.
- . (1958). Investigación del factor Diego en aborígenes de la Quebrada de Humahuaca. En *Revista de la Sociedad Argentina de Biología* 34, pp. 71-74.
- Schurr, T. G.; Ballinger, S. W.; Gan, Y.Y.; Hodge, J. A.; Merriwether, D. A.; Lawrence, D. N.; Knowler, W. C.; Weiss, K. M. y Wallace, D. C. (1990). Amerindian mitochondrial DNAs have rare Asian mutation at high frequencies, suggesting they derived from four primary maternal lineages. En *American Journal of Human Genetics* 46 (3), pp. 613-623.
- Seefeld, R. F. (1986). La integración social de los extranjeros en Buenos Aires según sus pautas matrimoniales: ¿pluralismo cultural o crisol de razas? (1860-1923). En *Estudios Migratorios Latinoamericanos* 1 (2), pp. 203-231.
- Segato, R. (1998). The color-blind subject of Myth; or, where to find Africa in the nation. En *Annual Review of Anthropology* 27, pp. 129-151. Citado por Briones, 2002, p. 68.
- Seielstad, M.; Herbert, J. M.; Lin, A. A.; Underhill, P. A.; Ibrahim, M.; Vollrath, D. y Cavalli-Sforza, L. (1994). Construction of human Y-chromosomal haplotypes

- using a new polymorphic A to G transition. En *Human Molecular Genetics* 3(12), pp. 2159-2161.
- Seldin, M. F.; Tian, C.; Shigeta, R.; Scherbarth, H. R.; Silva, G.; Belmont, J. W.; Kittles, R.; Gamron, S.; Allevi, A.; Palatnik, S. A.; Alvarellos, A.; Paira, S.; Caprarulo, C.; Guillerón, C.; Catoggio, L. J.; Prigione, C.; Berbotto, G. A.; García, M. A.; Perandones, C. E.; Pons-Estel, B. A. y Alarcon-Riquelme, M. A. (2007). Argentine population genetic structure: Large variance in Amerindian contribution. En *American Journal of Physical Anthropology* 132 (3), pp. 455-462.
- Sicroff, A. (1985). *Los estatutos de limpieza de sangre. Controversias entre los siglos XV y XVII*, p. 47, Madrid, Taurus. Citado por Hering Torres, 2011, p. 33.
- Socolow, S. M. (1987). Los cautivos españoles en las sociedades indígenas: El contacto cultural a través de la frontera argentina. En *Anuario del IEHS* 2.
- Stolcke, V. (2008). Los mestizos no nacen sino se hacen. En *Actas IX Congreso Argentino de Antropología Social*. Obra previamente publicada en: Verena, S. y Coello, A. (eds.). (2007). *Identidades ambivalentes en América Latina (siglos XVI-XXI)*. Barcelona, Belaterra.
- Schwartz, S. y Salomon, F. (1999). New peoples and new kinds of people: Adaptation, readjustment, and ethnogenesis in South American indigenous societies (Colonial Era). En Salomon, F. y Schwartz, S. B. (eds.). *The Cambridge History of the Native Peoples of the Americas*, vol. 3: South America, part 2, pp. 443-501. Cambridge, Cambridge University Press. Citado por Rappaport, 2015, p. 14.
- Tarragó, M. N. (2000). *Nueva Historia Argentina*, t. I: Los pueblos originarios y la Conquista, p. 11. Buenos Aires, Sudamericana.
- The American Heritage Dictionary of the English Language*. (2009). Houghton Mifflin Company.
- Thieme, F. P. y Otten, C. M. (1957). The unreliability of blood typing aged bone. En *American Journal of Physical Anthropology* 15, pp. 387-397.
- Thompson, J. (1990). *Ideology and modern culture*. Cambridge, Polity Press. Citado por Larrain, 2003, p. 31.
- Torrioni, A.; Schurr, T. G.; Cabell, M. F.; Brown, M. D.; Neel, J. V.; Larsen, M.; Smith, D. G.; Vullo, C. M. y Wallace, D. C. (1993). Asian affinities and continental radiation of the four founding Native American mtDNAs. En *American Journal of Human Genetics* 53, pp. 563-590.

- Toscanini, U.; Berardi, G.; Amorim, A.; Carracedo, A.; Salas, A.; Gusmão, L. y Raimondi, E. (2006). Forensic considerations on STR databases in Argentina. En *International Congress Series* 1288, pp. 337-339.
- . (2007). Testing for genetic structure in different urban Argentinian populations. En *Forensic Science International* 165 (1), pp. 35-40.
- . (2008a). Y chromosome microsatellite genetic variation in two Native American population stratification and mutation data. En *Forensic Science International Genetic* 2 (4), pp. 274-280.
- . (2008b). A simulation-based approach to evaluate population stratification in Argentina. 1 (1), pp. 662-663.
- Trachtenberg, E.; Erlich, H.; Rickards, O.; DeStefano, G. F. y Klitz, W. (1995). HLA class II linkage disequilibrium and haplotype evolution in the Cayapa Indians of Ecuador. En *American Journal of Human Genetics* 57(2), pp. 415-424.
- Tsuneto, L.; Probst, C.; Hutz, M.; Salzano, F. M.; Rodriguez-Delfin, L.; Zago, M.; Hill, K.; Hurtado, A.; Ribeiro-dos-Santos, A. y Petzl-Erler, M. (2003). HLA class II diversity in seven Amerindian populations. Clues about the origins of the Ache. En *Tissue Antigens* 62, pp. 512-526.
- Underhill, P. A.; Jin Li, Z. R.; Oefner, P. J. y Cavalli-Sforza, L. (1996). A pre-Columbian Y chromosome-specific transition and its implications for human evolutionary history. En *Proceedings of the National Academy of Science of the United States of America* 93, pp. 196-200.
- Valls, A. (1975). Seroantropología de la población española. En *Revista de la Universidad Complutense* 24, pp. 111-139.
- Vasconcelos, J. (1948). *La raza cósmica. Misión de la raza iberoamericana, Argentina y Brasil*, Cap. 1, El Mestizaje pp. 13-170. Buenos Aires, Espasa-Calpe.
- Ventura Santos, R. y Chor Maio, M. (2004). Qual "retrato do Brasil". Raça, biologia, identidades e política na era da genómica. En *Mana: Estudos de Antropologia Social*. 10 (1), pp. 61-95.
- . (2011). Anthropology, race, and the dilemmas of identity in the age of genomics: A view from Brazil. En Gibbon, S.; Ventura Santos, R. y Sans, M. (eds.). *Racial identities, genetic ancestry, and health in South America. Argentina, Brazil, Colombia and Uruguay*, pp. 19- 40. Nueva York, Palgrave Macmillan.
- Vezub, J. (2005). Etnicidad y poder en el país de las manzanas. Tesis Doctoral. Universidad Nacional del Centro de la Provincia de Buenos Aires. Citado por Avena et al., 2007, p. 72.

- Viqueira, J. P. (2010). Reflexiones contra la noción histórica de Mestizaje. En *Revista Nexos*. Disponible en: <http://www.nexos.com.mx/?p=13750>.
- Vullo, C. M.; Celis, E. M.; Serra, H. M. y Riera, C. M. (1984). Study of HLA system in a Mataco population: A geographically isolated American Indian tribe. En *Tissue Antigens* 23, pp. 33-40.
- Vullo, C. M.; Delfino, L.; Angelini, G. y Ferrara, G. B. (1992). HLA Polymorphism in a mataco South American indian tribe: Serology of class I and II antigens. Molecular analysis of class II polymorphic variants. En *Human Immunology* 35, pp. 209-214.
- Wade, P. (1997). *Race and ethnicity in Latin America*. Pluto Press, UK.
- Wallace, D. C.; Garrison, K. y Knowler, W. C. (1985). Dramatic founder effects in Amerindian mitochondrial DNAs. En *American Journal of Physical Anthropology* 68 (2), pp. 149-155.
- Wang Sijia, R. N.; Rojas, W.; Parra, M. V.; Bedoya, G.; Gallo, C.; Poletti, G.; Mazzotti, G.; Hill, K.; Hurtado, A. M.; Camrena, B.; Nicolini, H.; Klitz, W.; Barrantes, R.; Molina, J. A.; Freimer, N. B.; Bortolini, M. C.; Salzano, F. M.; Petzl-Erler, M. L.; Tsuneto, L. T.; Dipierri, J. E.; Alfaro, E. L.; Bailliet, G.; Bianchi, N. O.; Llop, E.; Rothhammer, F.; Excoffier, L. y Ruiz-Linares, A. (2008). Geographic patterns of genome admixture in latin american mestizos. En *PLoS Genetics* 4(3), pp. e1000037.
- Weidle de Araujo, E.; Ghinzelli, M.; Franco, M.; Carnese, F. y Salzano F. (1995). Polimorfismos protéicos em índios mapuche da Argentina. En *Revista Brasileira de Genética* 18 (suppl.), pp. 335.
- Williams, R. (1977). Marxism and literature. En *El concepto de identidad*, p. 13, Oxford OUP, Famecos/Porto Alegre, Famecos, 21, p. 30. Citado por Larrain, J., 2003.
- Zacca, I. E. (1997). Matrimonio y mestizaje entre los indios, negros, mestizos y afro-mestizos en la ciudad de Salta (1766-1800). En *ANDES* 8, pp. 243-269.
- Zermeño-Padilla, G. (2008). Del mestizo al mestizaje: Arqueología de un concepto. En *Memoria y Sociedad* 12 (24), pp. 79-95.
- Zúñiga, J.-P. (1999). La voix du sang: Du métis à l'idée de métissage en Amérique espagnole. En *Annales HSS* 54 (2), pp. 425-452.

Glosario

Tomado de Griffiths, A. J. F. *et al.* (2002). *Genética*. Madrid, McGraw-Hill. Interamericana.

Raisman, J. S. y González, A. M. (1998-2007). *Glosario de Genética. Hipertextos del Área de Biología*. Universidad Nacional del Nordeste.

Aportes nuestros en algunas definiciones, en general, ejemplificaciones.

ADN (ÁCIDO DESOXIRRIBONUCLEICO). Doble cadena de nucleótidos engarzados que tienen como azúcar la desoxirribosa. Se trata de la materia fundamental de la que están compuestos los genes.

ADN MICROSATÉLITE (STRs). Tipo de ADN repetido formado por reiteraciones sucesivas de un tramo muy pequeño de 2 a 7 pares de bases. Su variabilidad reside en cuántas veces se repite ese tramo de ADN.

ADN MITOCONDRIAL. (ADNmt). ADN extranuclear que está contenido en las mitocondrias y que se hereda por vía materna.

ALELO. Una de varias formas alternativas de un gen que ocupa un *locus* dado en un cromosoma. Por ejemplo, el alelo A de los grupos sanguíneos que codifica al antígeno A en la superficie de los glóbulos rojos es un gen alternativo al B y 0.

ALELO DOMINANTE. El que determina el fenotipo aunque esté presente otro alelo (recesivo). Ejemplo, los alelos A o B son dominantes respecto al alelo O (recesivo), por lo tanto un individuo A o B puede ser homocigoto AA o BB o heterocigoto AO o BO. En todos estos casos siempre el fenotipo será A o B.

ALELOS CODOMINANTES. Contribuyen ambos al fenotipo, ninguno domina sobre el otro. Ejemplo: grupo sanguíneo AB.

ALELO RECESIVO. Alelo enmascarado por el alelo dominante en el fenotipo de un heterocigoto a menudo debido a inactivación o ausencia del producto del alelo recesivo.

ALU. Secuencia de ADN altamente repetida de aproximadamente 300 pares de bases que se encuentra en el genoma de primates. Reconocida por la enzima de restricción Alu I. En genomas humanos está presente entre 300.000-600.000 copias, representando un 3-6% del genoma.

ANTÍGENO. Molécula reconocida por un anticuerpo. Es cualquier molécula cuya entrada dentro de un organismo da lugar a la síntesis de un anticuerpo (inmunoglobulina).

ANTICUERPO. Proteína (inmunoglobulina) producida por los linfocitos B que reconoce un antígeno extraño particular y así pone en marcha la respuesta inmune.

ARN. Ácido Ribonucleico. Ácido nucleico de una sola cadena similar de ADN, aunque con el azúcar ribosa en lugar de la desoxirribosa y, respecto de las bases nitrogenadas, uracilo en vez de timina.

AUTOSOMAS. Todos los cromosomas con excepción de los cromosomas sexuales (X e Y); una célula diploide tiene dos copias de cada autosoma.

CLADO. Porción de una filogenia que desciende de un antecesor común. Un clado por definición es un grupo monofilético.

CROMOSOMA. Unidad discreta del genoma que transporta muchos genes. Cada cromosoma consiste en una molécula muy larga de ADN dúplex y una masa aproximadamente igual de proteínas. Solo es visible como entidad morfológica durante la división celular.

CROMOSOMAS SEXUALES. Cromosoma que desempeña una función en la determinación del sexo. En la especie humana, son los cromosomas X e Y.

DELECCIÓN. Eliminación de un segmento de un cromosoma.

DERIVA GENÉTICA ALEATORIA. Cambios en las frecuencias alélicas debidos a que los alelos que aparecen en la descendencia no constituyen una muestra representativa de los alelos presentes en los parentales.

- EFFECTO FUNDADOR.** Diferencia en las frecuencias de alelos entre una población donante y una pequeña población que deriva de ella, debida al muestreo en la primera generación de colonización.
- ENZIMAS.** Proteína soluble producida por las células del organismo, que favorece y regula las reacciones químicas en los seres vivos. Las enzimas se unen a uno de los componentes de la reacción (sustrato) y lo modifican para facilitarla.
- ENZIMA DE RESTRICCIÓN.** Endonucleasa que reconoce una secuencia nucleotídica concreta de ADN, denominada diana, cortando en ese punto las dos cadenas del ADN.
- EXÓN.** Cualquier tramo no intrónico de la secuencia que codifica un gen, conjuntamente, los exones forman el mRNA y se traducen a una proteína.
- FENOTIPO.** Forma que toma un carácter en un individuo concreto. Manifestación externa observable de un genotipo.
- FRECUENCIA ALÉLICA O FRECUENCIA GÉNICA.** Medida de la abundancia de un alelo en una población, proporción en la población de todos los alelos de un gen.
- GEN.** Unidad fundamental, física y funcional, de la herencia, que transmite la información de una generación a la otra, porción de ADN compuesto de una región que se transcribe y una secuencia reguladora que hace posible la transcripción.
- GENES DE HISTOCOMPATIBILIDAD.** Genes que determinan los antígenos de histocompatibilidad.
- GENOTIPO.** Composición alélica específica de una célula, bien referida al total de un genoma o, más comúnmente, a un gen determinado o a un conjunto de genes. También se lo define como la constitución genética de un organismo.
- GLICOPROTEÍNAS.** Moléculas compuestas por una proteína unida a uno o varios glúcidos. Por ejemplo, los antígenos de grupos sanguíneos distribuidos en la superficie de los hematíes son determinados por anticuerpos anti-A o anti-B; los primeros reconocen al grupo sanguíneo A por poseer una cadena de N-acetilgalactosamina y los segundos una cadena de galactosa; ambas son glicoproteínas.
- GRUPOS SANGUÍNEOS.** Sustancias antigénicas ubicadas en la superficie de los glóbulos rojos, que presentan variaciones y que pueden ser detectadas por anticuerpos de origen "natural" o inmune. En la actualidad se conocen alrededor de 270 antígenos grupales sanguíneos, contenidos en su mayoría en 26 sistemas eritrocitarios, que son grupos de antígenos genéticamente discretos controlados por un par o más de genes, algunos de los cuales están estrechamente ligados.

HAPLOGRUPO. Grupo de haplotipos que comparten un ancestro común. Es decir, estos haplotipos forman un conjunto que se repite en una población y que define el haplogrupo.

HAPLOTIPO. Combinación particular de alelos en una región definida de un cromosoma.

HETEROCIGOTO. Individuo con diferentes alelos en algún *locus* particular.

HOMOCIGOTO. Individuo con el mismo alelo en los *loci* correspondientes de cromosomas homólogos.

HOMÓLOGOS. Cromosomas que transportan los mismos *loci* genéticos; una célula diploide tiene dos copias de cada homólogo, una derivada de cada progenitor.

INMUNOGLOBULINA. Cualquier proteína que actúa como anticuerpo. Las cinco clases principales de inmunoglobulinas de vertebrados (Ig A, Ig D, Ig E, Ig G e Ig M) difieren en sus funciones específicas en la respuesta inmune. Los linfocitos T son parte del sistema inmunitario y se forman a partir de células madre en la médula ósea. Ayudan a proteger el cuerpo de las infecciones y podrían ayudar a combatir el cáncer. También se llama célula T y tímocito. Diccionario de cáncer - National Cancer L . Disponible en: www.cancer.gov/espanol/publicaciones/diccionario?cdrid=46734.

LINE. Del inglés (*Long interspersed Element*). Una clase de segmentos largos de ADN repetido que se encuentran dispersos por todo el genoma.

LOCUS. Posición de un cromosoma en la que reside un gen para un rasgo particular.

MITOCONDRIA. Organela de gran tamaño rodeada por dos membranas de bicapa fosfolipídica, que contiene ADN y efectúa la fosforilación oxidativa, por lo que produce la mayor parte del ATP de las células eucariontes.

mARN. (ARN mensajero). Molécula de ARN transcrita del ADN de un gen cuya traducción en los ribosomas genera una proteína.

MUTACIÓN. Proceso que produce un gen o una dotación cromosómica distinta de la silvestre.

NUCLEASA. Enzima que degrada ADN mediante la ruptura de sus enlaces fosfodiésteres.

NUCLEÓTIDO. Molécula compuesta por una base nitrogenada, un azúcar y un grupo fosfato, se trata del elemento estructural básico de los ácidos nucleicos.

POLIMORFISMO. Presencia simultánea en la población de genomas que muestran variaciones alélicas (como se ve bien en alelos que producen fenotipos diferentes).

POLIPÉPTIDO. Polímero lineal de aminoácidos conectados mediante enlaces peptídicos. Las proteínas son polipéptidos grandes, a menudo se utilizan ambos términos en forma indistinta.

REACCIÓN EN CADENA DE LA POLIMERASA (PCR). Método que permite la amplificación de tramos concretos de ADN mediante la explotación de ciertas características de la replicación de ADN.

RECOMBINACIÓN. Cualquier proceso que ocurre en una célula diploide que genera nuevas combinaciones alélicas o cromosómicas, ausente en dicha célula o en sus progenitores.

RFLP (del inglés, Restriction Fragment Length Polymorphism). Polimorfismo en la longitud de los fragmentos de restricción. En algunas posiciones cromosómicas, una sonda detecta a veces diferencias en los tamaños o en el número de los fragmentos de restricción (a menudo como resultado de la presencia o ausencia de dianas de restricción), siendo esta situación un RFLP. Si un individuo es heterocigoto para esta diferencia cromosómica, la región implicada se puede usar como marcador en cartografía genética.

RIBOSOMA. Orgánulo complejo que cataliza la traducción de ARN mensajero en una secuencia de aminoácidos. Se compone de proteínas y ARN.

SNPs (Single-Nucleotide Polymorphisms). En español se lo traduce como Polimorfismo de un Único Nucleótido. Es el tipo de polimorfismo más común en el genoma humano, y se refiere a la diferencia en un solo par de bases de un gen, con respecto al mismo gen en otro individuo. Los SNPs son estables y en promedio se encuentran cada 1.000 pb en el genoma. Aquellos incluidos en secuencias codificadoras se llaman cSNPs y pueden ser utilizados como marcadores de enfermedades. (Tomado de Raisman, J. S. y González, Ana M. *Glosario de Genética. Hipertextos del Área de Biología.* (1998-2007). Universidad Nacional del Nordeste).

SONDA. Segmento de ácido nucleico que se utiliza para identificar moléculas concretas del mismo y que contiene la secuencia complementaria, normalmente mediante autorradiografía.

TIMINA. Base pirimidínica que empareja con la adenina.

URACILO. Base pirimidínica que aparece en el ARN en lugar de la timina.

VNTR (en inglés, Variable Number Tandem Repeat). Número variable de repeticiones en tándem. *Locus* cromosómico en el que el número de repeticiones de una determinada secuencia difiere en individuos distintos o en los dos cromosomas homólogos de un individuo diploide.

El autor

Francisco Raúl Carnese

Su carrera docente y de investigación la inició en las Facultades de Ciencias Naturales y, posteriormente, en la de Exactas de la Universidad Nacional de La Plata, como Ayudante Alumno hasta alcanzar el cargo de Profesor Adjunto.

Fue Decano de la Facultad de Ciencias Naturales y Museo (UNLP) (1974).

Director Alterno del Instituto de Ciencias Antropológicas de la Facultad de Filosofía y Letras (UBA) (2013-2017). Director de la Sección de Antropología Biológica. Instituto de Ciencias Antropológicas. Facultad de Filosofía y Letras (UBA) (1990 a la fecha) Director del Departamento de Ciencias Antropológicas. Facultad de Filosofía y Letras (UBA) (1997).

Decano de la Facultad de Filosofía y Letras (UBA) (1998-2001). Director de la Escuela de Posgrado. Facultad de Filosofía y Letras (UBA) (2012-2016).

Actualmente es Profesor Titular Consulto de la Universidad de Buenos Aires.

Dirigió a Becarios de Iniciación, Perfeccionamiento, Posdoctorales y de Miembros de la Carrera del Investigador Científico del CONICET y de la UBA. Director de trece Tesis de Licenciatura y Doctorado (Facultad de Ciencias Naturales y Museo de la Universidad Nacional de La Plata y de la Facultad de Filosofía y Letras (UBA)). Director de investigadores de la Sección Antropología Biológica, Instituto de Ciencias Antropológicas, Facultad de Filosofía y Letras (UBA).

Dictó varios cursos de postgrado sobre temas de la especialidad, en el país, en España y en Francia.

Dirigió veinticuatro Proyectos de Investigación financiados por CONICET, UBACyT, ANPCyT, CNRS (Francia), CNPq (Brasil), Universidad de Oviedo (España), ECOS (Francia)-SECyT (Argentina). Presentó ciento setenta y siete Comunicaciones Científicas en Congresos Nacionales e Internacionales de la especialidad y publicó noventa y dos trabajos en revistas y libros, nacionales e internacionales (Revista Argentina de Antropología Biológica, RUNA, Medicina, Antípoda, American Journal of Physical Anthropology, Palgrave Macmillan Academic Publishers, USA. PLoS ONE, International Journal of Legal Medicine, entre otras).

Jurado en treinta y siete concursos para cargos docentes en distintas universidades del país y del extranjero y en tesis doctorales y de licenciatura en Universidades Nacionales.

PREMIOS Y DISTINCIONES OBTENIDAS: Beca Thalmann. Universidad de Buenos Aires, 1996. Vicepresidente, Asociación de Antropología Biológica de la República Argentina (AABRA) 1993-1995. Secretario, Asociación Latinoamericana de Antropología Biológica (ALAB) 1995-1996. Presidente, Asociación Latinoamericana de Antropología Biológica (ALAB) 1996-1998. Miembro de la International Association of Human Biology. Miembro de Honor de la Sociedad Cubana de Antropología Biológica, 2000. Presidente de la Asociación Latinoamericana de Antropología Biológica (ALAB) 2006-2008.

Miembro Editor. Revista RUNA. Facultad de Filosofía y Letras (UBA). Editor en Jefe de la Revista Argentina de Antropología Biológica. Órgano Oficial de la Asociación de Antropología Biológica de la República Argentina. Socio Fundador de la Sociedad Argentina de Genética. Miembro Fundador de la Asociación Latinoamericana de Antropología Biológica (ALAB). Miembro Fundador de la Asociación Argentina de Antropología Biológica.

Esta publicación se terminó de imprimir
en los talleres gráficos de la Imprenta de
la Facultad de Filosofía y Letras de la Universidad de Buenos Aires
en el mes de agosto de 2019