

## Mestizaje genético en las poblaciones humanas actuales de Argentina. Revisión

*Genetic admixture in current Argentinian human populations. Revision*

Magdalena Resano<sup>1</sup> y Pedro Moral<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Unitat d'Antropologia, Departament de Biologia Evolutiva, Ecologia i Ciències Ambientals, Universitat de Barcelona, Barcelona, Spain.

<sup>2</sup>Institut de Recerca de la Biodiversitat (IRBio), Universitat de Barcelona, Barcelona, Spain.

**Correspondencia a:** Magdalena Resano Fantino. m.resano@ub.edu, magdaresano@yahoo.com

**Palabras Clave:** Mestizaje, Argentina

**Key Words:** Admixture, Argentina

### Resumen

Los datos demográficos existentes indican que la composición poblacional del territorio Argentino es el resultado de la mezcla de tres poblaciones parentales: europea, nativa americana y africana (sub-sahariana). El objetivo principal del presente estudio es hacer una revisión de los datos de mestizaje genético publicados sobre poblaciones de Argentina. Con ello, se pretende valorar la distribución territorial y regional del mestizaje y contrastarla con la información histórica y demográfica correspondiente, evaluando asimismo los patrones de mestizaje según el tipo de marcador genético utilizado y su utilidad e interés poblacional. Los datos indican una gran diversidad regional y que es coincidente con la historia demográfica del país, siendo un país poblacionalmente muy heterogéneo y diverso. Destaca la región central con una mayor contribución europea, en contraste con las regiones del norte y sur del país con mayor contribución americana nativa. Los datos de mezcla génica obtenidos resaltan el carácter de desequilibrio o asimetría por género en la historia poblacional de la Argentina, poniendo de relieve una mayor contribución nativa americana por el lado materno (hasta un 86%), y una mayor contribución europea por el lado paterno (hasta un 96%). Hay muy poca información basada en marcadores del cromosoma X por lo que sería deseable incrementar el número de estudios. Como cabría esperar, los datos de mestizaje son dependientes del tipo de marcador utilizado.

## Abstract

The available demographic data show that the population composition of the Argentinian territory is the result of the mixture of three parental populations: European, Native American and Sub-Saharan African populations. The main objective of this study is to revise all the available data on genetic admixture of human populations in Argentina, with the aim of evaluating the regional distribution from admixture processes and to contrast it with historical and demographic information. Also, to examine the admixture patterns according to each genetic marker used, and how this is relevant for population studies. The data give a wide range of regional variability, which is consistent with the demographic history of the country, as it is a very heterogeneous and diverse country in terms of its current population. The central region has major European contribution, in contrast to the south and north regions, which have major Native American contribution. The obtained genetic admixture data highlights an asymmetry in terms of gender along the Argentinian history, giving more Native American contribution on the maternal side (up to an 86%) and, in contrast, more European contribution on the paternal side (up to a 96%). There is little information based on markers of the X chromosome, and therefore it would be desirable to have more studies with this type of marker. As it was expected, the genetic admixture data depend on the type of marker used.

## Introducción

### *Breve historia demográfica del país*

La composición poblacional de la Argentina actual es el resultado de la mezcla de tres poblaciones parentales: la europea, la nativa americana y un tercer componente minoritario de población africana sub-sahariana.

La hipótesis más aceptada del poblamiento americano, es que América fue poblada hace aproximadamente 20.000 años por grupos asiáticos que atravesaron el estrecho de Bering, en varias oleadas migratorias. Estas poblaciones luego se expandieron, poblando las tres Américas (Norte, Central y Sur), llegando al actual territorio argentino hace unos 11.000 años, y conformando la población nativa americana. Hasta el momento de la conquista española datada en Argentina en 1536, los grupos humanos que habitaban la actual región eran exclusivamente americanos nativos (Sánchez Albornoz, 1999).

La población europea llega al territorio de lo que es hoy la actual Argentina (Figura 1) en tres grandes oleadas migratorias. La primera migración europea data de la época de la colonización española y la etapa colonial, entre finales de siglo XVI y principios del siglo XIX. Los inmigrantes eran principalmente varones españoles, que después de varias generaciones forman una población local “criolla” constituida por descendientes de europeos nacidos en Argentina. Por otro lado, la llegada de los europeos también contribuye a la formación de un grupo de población mestiza debida a la mezcla de europeos con población americana nativa. A estos grupos iniciales se les sumó un nuevo componente, aportado por aportes de esclavos desde África. Este último aporte tuvo un impacto puntual considerable en la pequeña población colonial, ya que hacia 1770 en Córdoba la población afro-argentina representaba aproximadamente el 40% de la población, y en 1810, en Buenos Aires el 30% (Sánchez Albornoz, 1999).

El mestizaje en esta etapa colonial es asimétrico y sesgado a favor de varones de origen europeo que se mezclan con mujeres nativas americanas y africanas. (Avena *et al.*, 2009; Corach, 2005; Di Fabio Rocca *et al.*, 2018; Oteiza y Novick, 2000; Vitale, 1981).

La siguiente y mayor oleada migratoria europea ocurre entre 1870 y 1930. Los inmigrantes eran predominantemente italianos y españoles, escapando de las hambrunas y guerras europeas. Al igual que en la inmigración de la época colonial, existe un sesgo de género que se traduce en el mestizaje preferencial entre varones europeos con mujeres tanto nativo-americanas, africanas, como mestizas de segunda generación. Es de destacar también el desequilibrio cultural de este mestizaje, ya que a raíz de las ideas sociales y políticas de la época, se imponen la cultura y el idioma paterno proveniente de Europa y la pérdida correspondiente por el lado materno de

culturas nativo-americanas y africanas. (Di Fabio Rocca *et al.*, 2018; Heguy, 2005; Oteiza y Novick, 2000; Ribeiro, 1985; Romero, 1951).

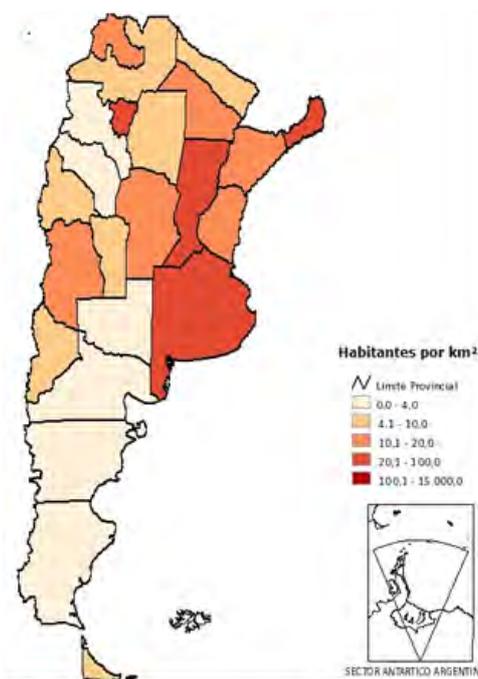


**Figura 1.** Mapa político y regiones de Argentina. INDEC 2010  
**Figure 1.** Political map and regions of Argentina. INDEC 2010

Por lo tanto, el cruzamiento diferencial por sexo comenzó durante la Conquista con la llegada de varones europeos sin familia, se continuó posteriormente en la etapa colonial y, en menor medida, durante finales del siglo XIX y la primera parte del XX, con las oleadas migratorias desde Europa con un alto índice de masculinidad (Di Fabio Rocca *et al.*, 2018).

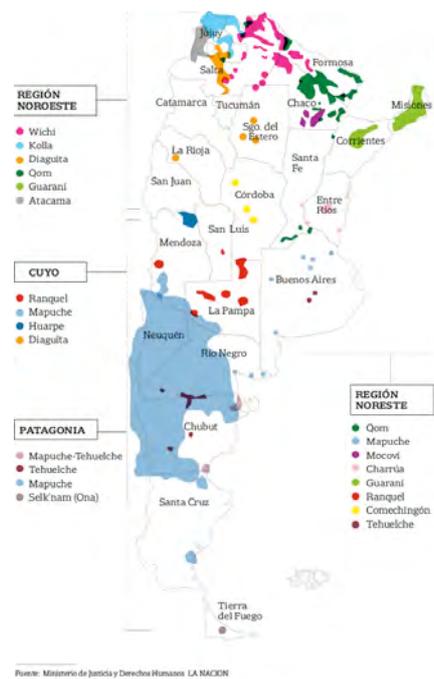
La tercera oleada migratoria es menor y ocurre a partir de mediados del siglo XX. En este caso, disminuye considerablemente la inmigración europea y las principales migraciones están promovidas por la industrialización y son sobre todo internas desde las zonas rurales hacia las grandes urbes. También existe una mayor inmigración de los países limítrofes o sudamericanos: Paraguay y Bolivia principalmente y en menor medida de Perú, Chile, Uruguay y Brasil. Estas últimas migraciones han producido nuevas mezclas poblacionales, con un mayor aporte genético y cultural de ascendencia nativa americana y africana que en las oleadas migratorias anteriores, ya que de los países limítrofes llegan migrantes resultantes de un mestizaje con mayor componente nativo-americano y africano, dado que en estos países la contribución europea no fue tan preponderante como en Argentina (Avena *et al.*, 2006; Oteiza *et al.*, 2000; Ribeiro, 1985; Romero, 1951).

Territorialmente, la composición poblacional de Argentina varía entre las distintas provincias (división política del país en veinticuatro provincias) y ciudades, dependiendo de las migraciones e historia demográfica de cada región. Cada región geográfica agrupa una serie de provincias cada una. Las regiones usualmente consideradas son cinco: Pampeana, que incluye el área Metropolitana (Centro), Patagónica (Sur), Nordeste, Noroeste y Cuyo (Centro-Oeste) (Fig. 1). Respecto a la densidad poblacional, las principales ciudades de cada provincia y la región central o Pampeana son las que tienen mayor densidad de población. En la Figura 2 se observa la densidad poblacional actual para cada provincia, acorde con el último censo nacional (INDEC, 2010). Los datos de mayor densidad poblacional coinciden con los datos censales, que en la región central de la Argentina tiene un componente europeo mayoritario, mientras que en las regiones del sur, noroeste y noreste aumenta el componente amerindio. En la Figura 3 se puede apreciar las distintas comunidades nativas actuales y su distribución territorial (INDEC, 2010).



**Figura 2.** Densidad poblacional en cada provincia de la República Argentina (INDEC, 2010). Fuente: Ministerio de Justicia y derechos humanos

**Figure 2.** Population density for each province of Argentina (INDEC, 2010). Font: Ministerio de Justicia y derechos humanos



**Figura 3.** Mapa de Argentina con poblaciones nativas actuales (INDEC, 2010). Fuente: Ministerio de Justicia y derechos humanos

**Figure 3.** Map of Argentina with current Native populations (INDEC, 2010). Font: Ministerio de Justicia y derechos humanos

**Estudios genéticos en Argentina vs. ideario político-social**

En general los estudios genéticos de las últimas décadas muestran resultados dispares y muy heterogéneos respecto a la mezcla génica de las poblaciones para cada región. Aunque históricamente se ha puesto el énfasis en que la población argentina actual es de ascendencia principalmente europea, los nuevos estudios genéticos poblacionales indican una presencia más relevante de los componentes nativo-americano y africano (Avena *et al.*, 2006, 2012; Corach 2005; Homburguer *et al.*, 2015; Parolín *et al.*, 2014, 2015; Resano *et al.*, 2016).

Estos datos genéticos contradicen el ideario social y la imagen oficial pre-establecida desde finales del siglo XIX, que favorecía una imagen de población blanca-europea para la sociedad argentina por razones político-sociales. Esta narrativa dominante dejó fuera todo rasgo cultural, fenotípico e histórico nativo-americano o afro-descendiente e ignorando cualquier proceso de mestizaje y sincretismo cultural o genético. Este proceso de negación de la presencia nativa americana y africana en la población argentina se concretó en interacciones sociales y estatales

como persecución, matanzas y desplazamiento de comunidades nativas (Di Fabio Rocca *et al.*, 2018; Romero, 2005). El origen de esta narrativa, donde se considera que Argentina era un país de población europea, homogéneo y unificado fue activamente difundido a finales del siglo XIX desde el propio estado Argentino, como evidencia el Informe del Segundo Censo de la República Argentina (1895) que dice: “La cuestión de las razas, tan importante en los Estados Unidos, no existe pues en la República Argentina, donde no tardará en quedar su población unificada por completo, formando una nueva y hermosa raza blanca producto del contacto de todas las naciones europeas fecundadas en el suelo americano”.

En este contexto, el objetivo del presente estudio es hacer una revisión de los datos de mestizaje genético de las poblaciones humanas de la Argentina publicados y disponibles en la literatura científica. Con ello, se pretende valorar la distribución territorial y regional del mestizaje y su posible concordancia con la información histórica y demográfica correspondiente. Finalmente se evalúan los patrones de mestizaje según el tipo de marcador genético utilizado, así como su utilidad e interés poblacional.

### **Material y métodos**

Este estudio está basado en los valores de mezcla génica poblacional humana de Argentina, a partir de los trabajos científicos sobre datos genéticos poblacionales realizados hasta ahora. Estos valores se agruparon en función de la región del país.

Los datos recogidos se clasificaron por marcadores genéticos diferenciándose entre biparentales o uniparentales. Los marcadores biparentales a su vez, se diferencian entre marcadores moleculares de cromosomas autosómicos, marcadores del cromosoma X y marcadores serológicos/proteicos/sanguíneos. Los marcadores uniparentales incluyen datos del ADN mitocondrial y del cromosoma Y.

En lo referente a los marcadores utilizados en los estudios de mestizaje, en este estudio se han considerado: SNPs, STRs, RFLP, Proteicos/serológicos (sistema HLA, sistema ABO, RH), ALU's. En el caso de estudios de ADN mitocondrial se analizan los haplogrupos A, B, C, D, L, H, N y de estudios del cromosoma Y, el locus DYS199 y diversos SNPs.

#### ***Poblaciones parentales***

Se consideran como poblaciones parentales a las poblaciones europea, americana nativa y africana sub-sahariana, en base a la historia demográfica del país y estudios y bibliografía que lo avalan (Avena *et al.*, 2012; Corach *et al.*, 2009; Di Fabio Rocca *et al.*, 2018; INDEC 2010).

En el contexto de este trabajo, se denomina población americana nativa a los individuos que habitaban el continente americano antes de la colonización europea y a sus descendientes biológicos hasta la actualidad. La población europea se refiere a los habitantes de Europa que llegaron a América, ya sea en la época de la conquista y la colonia o en las migraciones de los siglos XIX y XX. Y por último se denomina a la población sub-sahariana africana como aquellos esclavizados africanos que llegaron a América (Di Fabio Rocca *et al.*, 2016).

#### ***Regiones del país***

Para el análisis global y regional del país, se divide el territorio argentino en 5 regiones bien definidas que engloban cada una, una serie de provincias. La definición de cada región está basada en el Censo Nacional de 2010 y datos históricos, movimientos demográficos y geografía de cada una, coincidiendo con datos bibliográficos y estudios científicos realizados (Avena *et al.*, 2012).

Las cinco regiones definidas en este estudio (Figura 1) son:

- Región Pampeana o Centro de Argentina (C): Buenos Aires, Córdoba, Santa Fe, Entre Ríos y La Pampa e incluye también la región Metropolitana que es la Ciudad Autónoma de Buenos Aires (CABA)
- Región Noroeste de Argentina (NOA): Salta, Jujuy, Tucumán, Santiago del Estero, Catamarca y La Rioja
- Región Noreste de Argentina (NEA): Chaco, Formosa, Corrientes y Misiones

- Región Cuyo o Centro-Oeste de Argentina (COA): San Luis, San Juan y Mendoza
- Región Patagonia o Sur de Argentina (S): Río Negro, Neuquén, Chubut, Santa Cruz y Tierra del Fuego

Para cada región se analizaron los valores medios (de diversos estudios) de mestizaje y se realizó un análisis comparativo. También se compararon los valores regionales de mestizaje en función de los distintos marcadores genéticos utilizados. Por último, se valoraron los datos de mestizaje genético de poblaciones nativo-americanas autóctonas en Argentina, con poco contacto con poblaciones urbanas.

## Resultados y discusión

### *Valores de mestizaje en función del tipo de marcador y la región del país*

En las Tabla 1 y Tabla 2 se presentan los resultados de valores de mezcla génica a partir de marcadores biparentales (Tabla 1) y uniparentales (Tabla 2).

*Distribución poblacional de los estudios analizados.* Los marcadores utilizados en todas las regiones son los de tipo clásico (polimorfismos proteicos/sanguíneos/serológicos usados en los primeros estudios poblacionales del siglo XX) y los del ADN mitocondrial. Los datos sobre marcadores moleculares (ADN) autosómicos son predominantes en la actualidad. Los marcadores del cromosoma Y se han utilizado sobre todo en las regiones Pampeana (centro) y Patagónica (sur) y son muy escasos en las regiones Noroeste y Centro-Oeste del país. La región Pampeana o Central, que engloba a más del 62% de la población del país según censo nacional (INDEC, 2010), es la que presenta mayor número de estudios genéticos.

*Información variable según el tipo de marcador.* La información sobre mestizaje genético es diferente según el tipo de marcador utilizado.

El tipo de marcador utilizado acentúa o detecta de forma diferencial la contribución relativa de cada población parental. Los marcadores de herencia materna como el ADN mitocondrial y, en cierto grado, el cromosoma X, tienden a acentuar la ascendencia nativa americana y africana. En cambio, los marcadores que reflejan una mayor proporción de ascendencia europea son los del cromosoma Y y, de forma substancialmente menos acentuada, los autosómicos.

Hay un sólo trabajo (Resano *et al*, 2016) en el cual se dan valores de mestizaje utilizando marcadores del cromosoma X. Estos datos indican un componente de ascendencia nativa americana del 47% en la población de Bahía Blanca (región Pampeana). Estos valores son similares a los obtenidos con el ADN mitocondrial (47% contribución nativa americana, 52% europea y entre 2-5% africana). Estos resultados contrastan con los obtenidos con marcadores autosómicos que indican tan sólo un 20-21% de ascendencia nativa americana, y casi un 80% de ascendencia europea. Mientras que para el cromosoma Y la contribución nativa americana es detectable tan sólo en un 4% (Tablas 1 y 2).

*La contribución africana.* En lo que se refiere a la contribución africana, que en todos los estudios es la minoritaria, no es posible identificar un patrón concreto asociado al tipo de marcador o a la región geográfica. Los valores de contribución africana varían entre 0,45 y 4,4% en todos los marcadores y regiones. La única excepción la constituye una contribución del 14% en la región del Noroeste (NOA), basada en un estudio con marcadores sanguíneos (Tabla 1).

*Mestizaje y demografía.* Los valores de mestizaje genético poblacionales varían en función de la región. Se observa una concordancia entre mestizaje y la historia demográfica de cada región o ciudad. En aquellas regiones con mayor inmigración europea, especialmente las regiones del centro del país y grandes ciudades, las contribuciones europeas son mayores. En las regiones del sur y norte (Nordeste y Noroeste) del país, en cambio hay mayor contribución nativa americana.

Región de Argentina	provincia/ ciudad/ pueblo	Marcadores biparentales																						
		cromosoma X					moleculares autosómicos					Proteicos/Sanguíneos (grupos sanguíneos e inmunoglobulinas)												
		N	Eu	Am	Af	tipo marcador	Ref	N	Eu	Am	Af	tipo marcador	Ref	N	Eu	Am	Af	tipo marcador	Ref					
	TOTAL (Ref 6)						94	33,0	64,0	3,0	AIM-SNPs	7	152	36,9	58,4	4,7	Abo, Rh, Duffy, Diego, GM	6						
	Salta						200	25,2	71,9	3,0	MICROSAT	13	200	23,0	67,0	10,0	Gm, duffy, Diego	5						
	Salta (ciudad)												223	46,3	50,2	3,5	ABO	13						
	La Puna (Jujuy)						47	0,0	100,0	0,0	8 ALUs	33					HLA	13						
	Quebrada Alta (Jujuy)						36	4,7	92,0	3,3	8 ALUs	33					13 sistemas	34						
	Quebrada Baja (Jujuy)						36	0,0	87,5	12,5	8 ALUs	33												
	Valle (Jujuy)						62	16,3	77,1	6,5	8 ALUs	33												
	Selva (Jujuy)						45	22,6	77,4	0,0	8 ALUs	33												
	Santiago del Estero												200	39,0	30,0	31,0	ABO	13						
													200	46,0	30,4	23,6	HLA	13						
	Tucumán						200	25,2	30,5	3,0	MICROSAT	13	200	46,0	28,0	26,0	ABO	13						
							44	58,0	38,8	3,2	AIM-Indels	31	200	66,9	24,2	8,9	HLA	13						
	Catamarca												200	48,0	32,0	20,0	ABO	13						
							200	53,2	43,7	3,0	MICROSAT	13	200	52,9	37,0	18,7	HLA	13						
	La Rioja												200	49,0	40,0	11,0	ABO	13						
													200	50,3	31,0	10,1	HLA	13						
	MEDIA NOA						96	23,8	68,3	3,8			198	47,0	38,8	14,2								
	Noreste (NEA)	NE (chaco+ formosa+ corrientes+misiones)					71	54,0	42,0	4,0	AIMs-SNPs	7		68,3	28,5	3,2	Abo, Rh, Duffy, Diego, GM	6						
	MEDIA NEA						61	78,5	17,3	4,3	SNPs	12												
	MEDIA NEA						66	66,2	29,6	4,1				68,3	28,5	3,2								
	Cuyo/ Centro-Oeste (COA)	San Luis					47	76,1	21,1	2,8	AIM-Indels	31												
		Traslasierra (San Luis)						58,2	40,3	1,5	AIM	36												
	MEDIA COA	TOTAL (Ref 6)												71,5	25,0	3,5	Abo, Rh, Duffy, Diego, GM	6						
							47	67,2	30,7	2,2				71,5	25,0	3,5								
		Área Metropolitana Buenos Aires (AMBA)					98	79,0	17,0	4,0	AIMs-SNPs	7	218	79,9	15,8	4,3	ABO, Rh, MNS, Diego, Duffy, Kell, Lutheran, Gm,Km	2						
		Bs As ciudad					90			2,2	indel-RFLP (SNPs)	14	8338	86,0	14,0		ABO, Rh	1						
		Bs As (provincia)					276	76,0	20,0	4,0	AIM-SNPs	7	8114	78,0	22,0		ABO, Rh	1						
							46	86,8	11,0	2,2	AIM-Indels	31												
		Bs As (AMBA)					17	87,8	12,2	0,0	SNPs	30		82,3	14,6	3,1	Abo, Rh, Duffy, Diego, GM	6						
													218	80,7	15,5	3,8	ABO, Rh, MNS, Diego, Duffy, Kell, Lutheran, Gm,Km	3						
	Pampeana/ Centro (C)	Bs As ref 9					154	50-85	0-10	0-5	24 SNPs	9												
		La Plata					87	67,6	25,9	6,5	PAAAs	17												
		La Pampa					48	81,1	16,0	2,9	AIM-Indels	31												
								55,1	43,6	1,3	AIM	36												
		Córdoba					33	77,2	22,8	0,0	SNPs	30												
		Rosario											200	81,2	14,7	4,1	11 sistemas	35						
		Santa Fe					33	84,5	15,5	0,0	SNPs	30												
		Mar del Plata					11	66,9	33,1	0,0	SNPs	30												

Región de Argentina	provincia/ ciudad/ pueblo	Marcadores biparentales																		
		cromosoma X					moleculares autosómicos						Proteicos/Sanguíneos (grupos sanguíneos e inmunoglobulinas)							
		N	Eu	Am	Af	tipo marcador	Ref	N	Eu	Am	Af	tipo marcador	Ref	N	Eu	Am	Af	tipo marcador	Ref	
	Total Centro (ref 12)						153	80,7	15,1	4,2	SNPs	12								
	Bahia Blanca	81	47,9	47,2	4,9	ALU	29	119	79,0	20,9	0,0	ALU	28	183	76,9	19,5	3,6	ABO, Rh, MNS, Diego, Gm	3	
MEDIA C		81	47,9	47,2	4,9		90	76,8	21,1	2,1			2879	80,2	17,1	3,5	Abo, Rh, Duffy, Diego, GM	6		
	Esquel (ESQ) + Comodoro Rivadavia (CR)						117	52,0	44,0	4,0	AIMs-SNPs	7								
	Chubut (ESQ+CR+PM)						150	56,0	39,0	5,0	16 ALU	26								
	S (Chubut+ Río Negro)						32	68,5	27,7	3,8	SNPs	12								
	Chubut provincia						770	50,0	46,0	4,0	22 STRs	24								
	San Carlos de Bariloche (Río Negro)										25,0	AIM-Indels	23							
											41,0	AIM-Indels	23							
	Comodoro Rivadavia (CR)						50	58,0	40,5	1,5	ALU	26	72	55,6	41,1	3,4	Abo, Rh, Duffy, Diego, GM	6		
Patagónica/ Sur (S)											25,0	AIM-Indels	23		59,0	37,0	4,0	ABO, Rh, Gm	4	
	Puerto Madryn (PM)						50	56,0	39,0	5,0	ALU	26	82	67,2	29,4	3,4	ABO, Diego, Rh, Duffy, Gm, LPL, AT3, GC y APO	21		
											44,0	AIM-Indels	23							
	Esquel (ESQ)						50	54,4	42,3	3,3	ALU	26	59	51,2	46,9	1,9	ABO, Rh, Gm	6		
											27,0	AIM-Indels	23							
	Trelew (TW)						110	95,0	3,0	1,7	Di*A, Fy*null	22								
	Neuquen						46	71,9	26,4	1,8	AIM-Indels	31								
	Santa Cruz						48	59,5	38,3	2,2	AIM-Indels	31								
MEDIA S							142	62,1	33,9	3,2			71	58,3	38,6	3,2				
MEDIA ARG	TOTAL Ref 12						246	78,6	17,3	4,2	SNPs	12								
	TOTAL Ref 7						441	65,0	31,0	4,0	AIM-SNPs	7								
	TOTAL Ref 31						279	72,3	25,2	2,5	AIM-Indels	31								
	TOTAL Ref 30						94	78,0	19,4	2,5	SNPs	30								

Referencias. EU: europeo, AM: americano nativo, AF: africano. 1) Avena, *et al.* 1999. 2) Avena, *et al.* 2006. 3) Avena, *et al.* 2007. 4) Avena, *et al.* 2009. 5) Avena, *et al.* 2009. 6) Avena, *et al.* 2010. 7) Avena, S. *et al.* 2012. 8) Bobillo *et al.* 2010. 9) Bobillo *et al.* 2012. 10) Catelli *et al.* 2009. 11) Catelli *et al.* 2011. 12) Corach *et al.* 2009. 13) Dipierrri *et al.* 2011. 14) Fejerman *et al.* 2005. 15) Goicoechea *et al.* 2001. 16) Martínez Marignac *et al.* 1999. 17) Martínez Marignac *et al.* 2004. 18) Motti *et al.* 2009. 19) Motti *et al.* 2013. 20) Parolin *et al.* 2012. 21) Parolin *et al.* 2013. 22) Parolin *et al.* 2014. 23) Parolin *et al.* 2015. 24) Parolin *et al.* 2015. 25) Parolin *et al.* 2015. 26) Parolin *et al.* 2017. 27) Pauro *et al.* 2010. 28) Resano *et al.* 2007. 29) Resano *et al.* 2016. 30) Seldin *et al.* 2007. 31) Toscanini *et al.* 2011a. 32) Toscanini *et al.* 2011b. 33) Gómez Pérez *et al.* 2011. 34) Di Fabio Rocca *et al.* 2016. 35) Di Fabio Rocca *et al.* 2013. 36) García *et al.* 2011. 37) Pauro *et al.* 2013 38) Schwab *et al.* 2013. 39) Badano *et al.* 2013. 40) Salas *et al.* 2008. 41) Beltramo *et al.* 2011.

**Tabla 1.** Mestizaje genético en función de marcadores biparentales en Argentina  
**Table 1.** Genetic admixture according to biparental markers in Argentina

Región de Argentina	provincia/ ciudad/ pueblo	Marcadores uniparentales												
		ADN mitocondrial				cromosoma Y								
		N	Eu	Am	Af	tipo marcador	Ref	N	Eu	Am	Af	tipo marcador	Ref	
Norte (NOA + NEA)	TOTAL (ref 11)	98	29,0	70,0	1,0	SNPs y Hgs	11							
	TOTAL (ref 8)	98	38,0	60,0	2,0	SNPs	8							
MEDIA N	TOTAL (Ref 6)	98	33,5	65,0	1,5									
	Salta	152	18,0	82,0	0,0	A,B,C,D; L1,L2	5	152	10,0		locus DYS199	5		
	Salta (ciudad)	100	26,4	62,7	10,9	A,B,C,D	13							
	Tartagal (Salta)	65	6,2	93,9	0,0	A,B,C,D; N; L	19							
	La Quiaca (Jujuy)	258	1,9	97,3	0,8	A,B,C,D; N; L	19							
	Maimará (Jujuy)	222	1,4	98,2	0,5	A,B,C,D; N; L	19							
	La Puna (Jujuy)	192	1,0	99,0	0,0	A,B,C,D; N; L	19							
	Quebrada Alta (Jujuy)													
	Quebrada Baja (Jujuy)													
	Valle (Jujuy)													
	Selva (Jujuy)													
Noroeste (NOA)	San Salvador de jujuy (Jujuy)	42	0,0	97,6	2,4	A,B,C,D; N; L	19							
	Santiago del Estero		2,8	96,0	1,2		37							
			7,0	90,0	3,0		38							
	TOTAL (Ref 18)	779	2,1	97,2	0,7	A,B,C,D; N; L	19							
	Tucumán	100	39,5	44,7	15,8	A,B,C,D	13							
	Catamarca	100	23,8	64,3	2,0	A,B,C,D	13							
	Belén (Catamarca)	161	3,7	92,5	3,7	A,B,C,D; N; L	19							
	Catamarca (Catamarca)	99	9,1	88,9	2,0	A,B,C,D; N; L	19							
	Santa María (Catamarca)	170	4,7	94,1	1,2	A,B,C,D; N; L	19							
	La Rioja													
	Chepes (La Rioja)	73	13,7	86,3	0,0	A,B,C,D; N; L	19							
	La Rioja (La Rioja)	82	8,5	88,0	3,7	A,B,C,D,L,N	18							
MEDIA NOA		236	14,0	82,2	3,8	A,B,C,D; N; L	19							
		177	10,2	86,4	2,9			152	10,0					
Noreste (NEA)	NE (chaco+ formosa+ corrientes+misiones)	61	31,1	67,2	1,6	CR-SNPs	12	61	95,8	2,5	1,7	NRY-SNPs	12	
	Posadas (Misiones)		7,0	87,0	6,0	A,B,C,D; N; L	39							
MEDIA NEA		61	19,1	77,1	3,8			61	95,8	2,5	1,7			
	San Luis													
	Traslasierra (San Luis)	119	9,0	88,0	3,0	M,N,L	27							
	Calingasta (san Juan)	71	2,8	93,0	4,2	A,B,C,D; N; L	19							
	San Juan (San Juan)	83	9,6	87,0	3,6	A,B,C,D,L,N	18							
Cuyo/ Centro-Oeste (COA)	Mendoza (Mendoza)	119	13,5	83,2	3,4	A,B,C,D; N; L	19							
	V. Tulumaya (Mendoza)	141	21,3	71,6	7,1	A,B,C,D; N; L	19							
	TOTAL (Ref 6)	102	14,7	79,4	5,9	A,B,C,D; N; L	19							
	TOTAL (ref 18)	1755	12,0	84,5	3,5	A,B,C,D; N; L	19							
MEDIA COA			11,8	83,8	4,4									

Región de Argentina	provincia/ ciudad/ pueblo	Marcadores uniparentales											
		ADN mitocondrial				cromosoma Y							
		N	Eu	Am	Af	tipo marcador	Ref	N	Eu	Am	Af	tipo marcador	Ref
Área Metropolitana Buenos Aires (AMBA)													
	Bs As ciudad												
	Bs As (provincia)												
	Bs As (AMBA)	218	55,6	43,6	0,8	A,B,C,D; L1,L2	3	85	93,0	6,0	0,9	17 STRs	20
	Bs As ref 9	154	52,0	46,0	1,3	SNPs	9	154	95,5	4,5	0,0	locus DYS199	3
	La Plata	107	47,0	44,0	2,0		16	87		10,6		24 SNPs	9
	La Plata	87	35,6	45,6	1,2	17 haplo	17					locus DYS199	17
	La Pampa												
Pampeana/ Centro (C)	Córdoba	335	57,0	41,0	2,0		40						
	Córdoba		16,0	76,0	8,0	M,N,L	27						
	Rosario												
	Santa Fe												
	Gauleguaychú (Entre Ríos)		26,0	71,0	3,0		41						
	Mar del Plata												
	Total Centro (ref 12)	153	52,9	45,7	1,3	CR-SNPs	12	153	94,7	4,8	0,5	NRY-SNPs	12
	Bahía Blanca	183	51,8	46,7	1,5	A,B,C,D; L1,L2	3	104		3,8		locus DYS199	3
	TOTAL C (ref 11)	295	56,0	41,0	3,0	SNPs y Hgs	11						
	total C (ref 8)	193	50,8	48,2	1,0	SNPs	8						
MEDIA C		192	45,5	49,9	2,3			134	94,4	5,3	0,5		
	Esquel (ESQ) + Comodoro Rivadavia (CR)												
	S (Chubut+ Rio Negro)	32	28,1	65,6	3,1	CR-SNPs	12	32	87,5	10,9	1,6	NRY-SNPs	12
	Chubut provincia												
	San Carlos de Bariloche (Rio Negro)												
										15,0			23
								50	80,0	16,7		12 STRs , SNP M3	25
	Comodoro Rivadavia (CR)			73,0			23			6,0			23
		72	30,0	70,0	0,0	A,B,C,D; L1,L2	4	72		6,0		locus DYS199	4
				60,0			23			8,0			23
Patagónica/ Sur (S)	Puerto Madryn (PM)	82	37,7	60,0	2,4	A,B,C,D; L1,L2	21	82		8,7		locus DYS199	21
				78,0			23			23,0			23
	Esquel (ESQ)	59	20,4	79,6	0,0	A,B,C,D; L1,L2; X,U	6	59		23,0		M3 cromo Y	6
				50,0			23			11,0			23
	Trelew (TW)	110	48,0	51,0	0,9		22	110	74,0	14,0	2,0	12 STRs	22
	Neuquen												
	Santa Cruz												
	TOTAL SUR Ref 11	47	32,0	66,0	2,0	SNPs y Hgs	11						
	total ref 8	47	38,0	60,0	2,0	SNPs	8						
MEDIA S		64	33,5	64,8	1,5			68	80,5	12,9	1,8		
MEDIA ARG	TOTAL Ref 12	246	44,3	53,7	2,0	CR-SNPs	12	246	94,1	4,9	0,9	NRY-SNPs	12
	TOTAL Ref 7												
	TOTAL Ref 31												
	TOTAL Ref 30												
	TOTAL Ref 10	403	53,0	39,0	3,5	78 Hgs	10						

---

Referencias. EU: europeo, AM: americano nativo, AF: africano. 1) Avena, *et al.* 1999. 2) Avena, *et al.* 2006. 3) Avena, *et al.* 2007. 4) Avena, *et al.* 2009. 5) Avena, *et al.* 2009. 6) Avena, *et al.* 2010. 7) Avena, S. *et al.* 2012. 8) Bobillo *et al.* 2010. 9) Bobillo *et al.* 2012. 10) Catelli *et al.* 2009. 11) Catelli *et al.* 2011. 12) Corach *et al.* 2009. 13) Dipierri *et al.* 2011. 14) Fejerman *et al.* 2005. 15) Goicoechea *et al.* 2001. 16) Martínez Marignac *et al.* 1999. 17) Martínez Marignac *et al.* 2004. 18) Motti *et al.* 2009. 19) Motti *et al.* 2013. 20) Parolín *et al.* 2012. 21) Parolín *et al.* 2013. 22) Parolín *et al.* 2014. 23) Parolín *et al.* 2015. 24) Parolín *et al.* 2015. 25) Parolín *et al.* 2015. 26) Parolín *et al.* 2017. 27) Pauro *et al.* 2010. 28) Resano *et al.* 2007. 29) Resano *et al.* 2016. 30) Seldin *et al.* 2007. 31) Toscanini *et al.* 2011a. 32) Toscanini *et al.* 2011b. 33) Gómez Pérez *et al.* 2011. 34) Di Fabio Rocca *et al.* 2016. 35) Di Fabio Rocca *et al.* 2013. 36) García *et al.* 2011. 37) Pauro *et al.* 2013. 38) Schwab *et al.* 2013. 39) Badano *et al.* 2013. 40) Salas *et al.* 2008. 41) Beltramo *et al.* 2011.

---

**Tabla 2.** Mestizaje genético basado en marcadores uniparentales en Argentina

**Table 2.** Genetic admixture according to uniparental markers in Argentina

**Valores medios de mezcla génica por regiones y según marcador genético**

En la tabla 3 se aprecia una importante diversidad de los valores medios de mezcla génica por región y tipo de marcador.

Región de Argentina	cromosoma X			moleculares autosómicos			Proteicos/ Sanguíneos			ADN mitocondrial			cromosoma Y		
	Eu	Am	Af	Eu	Am	Af	Eu	Am	Af	Eu	Am	Af	Eu	Am	Af
Promedio Noroeste (NOA)				23,82	68,29	3,75	46,99	38,77	14,24	10,20	86,40	2,90			10,00
Promedio Noreste (NEA)				66,24	29,63	4,14	68,30	28,50	3,20	19,10	77,10	3,80	95,80	2,50	1,70
Promedio Cuyo (COA)				67,20	30,70	2,20	71,50	25,00	3,50	11,85	83,80	4,40			
Promedio Centro (C)	47,90	47,17	4,91	76,80	21,10	2,10	80,24	17,12	3,54	45,50	49,90	2,30	94,40	5,32	0,45
Promedio Sur (S)				62,13	33,88	3,23	55,27	41,67	3,10	32,75	64,84	1,33	80,50	13,36	1,80
Promedio ARG	48	47	5	59	37	3	64	30	6	24	72	3	90	8	1

Eu: europeo, Am: americano nativo, Af: africano

**Tabla 3.** Valores promedios de mezcla génica por región y tipo de marcador

**Table 3.** Media values for genetic admixture per region and type of marker

**Región Noroeste (NOA)**

Esta región se caracteriza por una elevada contribución del componente americano nativo (69% en marcadores autosómicos, 86% en mitocondrial, 39% en proteicos/serológicos y 10% en cromosoma Y) y una baja contribución del aporte europeo (24% en autosómicos, 10% en mitocondrial, 47% en proteicos/serológicos). Llama la atención el valor excepcionalmente alto de aporte africano basado en marcadores serológicos (14%) en claro contraste con otras regiones argentinas donde esta contribución oscila entre 0 y 5%, por lo que debería considerarse con cierta precaución.

**Región Noreste (NEA)**

En esta región se observan valores similares para los marcadores moleculares autosómicos y proteicos que se sitúan alrededor del 30% para el componente americano nativo, del 65-70% para el aporte europeo y del 3-4% para la contribución africana.

Los valores de mestizaje a partir del ADN mitocondrial muestran que el componente americano nativo es predominante (77%) y el europeo se reduce considerablemente (19%), mientras que el componente africano se mantiene en torno al 3-4%.

La situación es claramente diferente cuando se consideran los valores del cromosoma Y encontrándose una muy baja contribución americana nativa del 2,5%, mientras que el aporte europeo estimado es del 96%, y la contribución africana es del 1,7%.

**Región Cuyo (COA)**

La región del Cuyo (Centro-Oeste) presenta valores de mestizaje similares a la región colindante del Noroeste (12% europeo, 84% americano nativo y 4% africano) en cuanto a los marcadores de ADN Mitocondrial. Sin embargo, los valores basados en marcadores autosómicos y proteicos son similares a los de la región central (Pampeana), con elevada contribución europea (67-72%), aporte americano nativo en torno al 25-30% y contribución africana del 2-3,5%.

**Región Centro (C)**

Esta región es la que históricamente experimentó mayor inmigración europea a finales del siglo XIX y principios del siglo XX y donde se ubican las ciudades más pobladas como Buenos Aires y alrededores (CABA) que representan el 25% de la población argentina (INDEC, 2010).

En esta región, la contribución europea es más elevada y disminuye la contribución nativa americana en todos los marcadores, en comparación con las otras regiones del país. Es la única región con datos de mestizaje para el cromosoma X como se ha comentado anteriormente.

Los valores de marcadores autosómicos y/o proteicos indican una elevada contribución europea, cercana al 80%, mientras que la nativa americana disminuye al 20%. Los datos del cromosoma Y muestran que el porcentaje de aporte europeo es aproximadamente del 95% y el americano nativo del 5%.

La contribución africana en esta región es minoritaria para los distintos tipos de marcadores genéticos oscilando entre el 0 y 5%.

*Región Sur (S)*

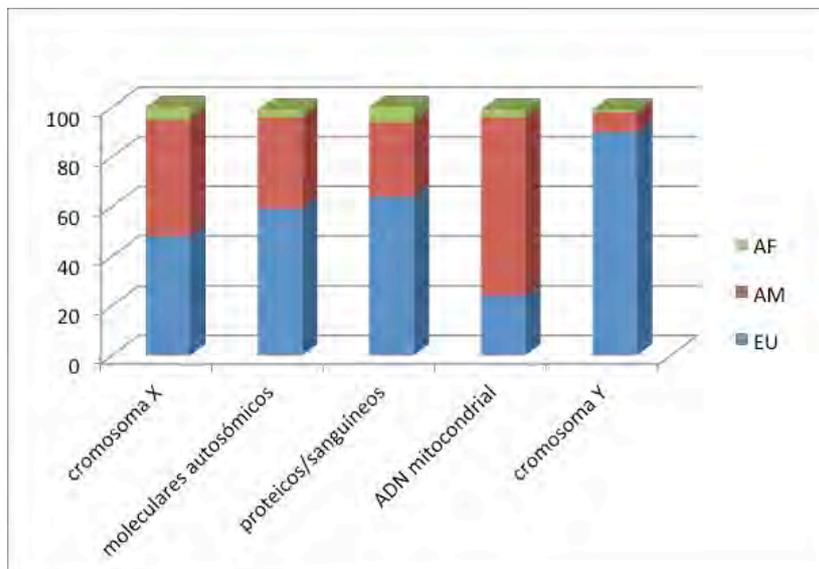
Esta región presenta alta variabilidad según el tipo de marcador. Los valores a partir de marcadores proteicos son: 55% contribución europea, 40% de americano nativo y un 3% africano, con la misma tendencia de mayor aporte europeo que los marcadores de ADN autosómicos (62% europea, 34% americana nativa y 3% africana).

En cambio, el ADN mitocondrial tiene como predominante al componente americano nativo (65%) mientras que el europeo se reduce (33%), y el componente africano se mantiene en torno al 1,5%.

Cuando se consideran los valores del cromosoma Y en esta región, se encuentra la mayor contribución americana nativa (13%) respecto a las otras regiones. El aporte europeo estimado es del 80% en el Sur.

**Valores medios del mestizaje en Argentina en función del tipo de marcador genético**

En el conjunto de todas las poblaciones argentinas, como se ilustra en la Figura 4, existen diferencias en cuanto a las contribuciones Americana Nativa, Europea y Africana en función del tipo de marcador genético analizado.



**Figura 4.** Valores promedio de mezcla génica para cada población parental (en %) según el tipo de marcador utilizado. EU: Europeo, AM: Americano Nativo, AF: Africano

**Figure 4.** Media values for genetic admixture for each parental population (in %), according to type of marker used. EU: European, AM: Native American, AF: African

Por un lado, sólo los valores en el cromosoma Y (exclusivos de la vía paterna), concuerdan con los datos histórico-sociales relacionados con censos nacionales basados en rasgos fenotípicos, donde la contribución europea se mantiene en valores del 90%, la nativa americana cercana al 10% y la africana es apenas detectable (Avena *et al.*, 2009; Corach *et al.*, 2009; Di Fabio Rocca *et al.*, 2018; Parolín *et al.*, 2015; Resano *et al.*, 2007, 2016).

Pero si se atiende al mestizaje basado en marcadores moleculares autosómicos y proteicos, el componente europeo es tan sólo del 60-65%, el americano nativo asciende al 30-35%, y existe una mayor contribución africana (próxima al 5%).

La mayor contribución nativa americana es detectable cuando se utilizan marcadores de vía materna. Si se consideran los marcadores mitocondriales la contribución nativa americana asciende considerablemente hasta un 72%, y la europea desciende por debajo del 25%.

Los valores del cromosoma X no reflejan la media de todo el país, ya que son sólo valores de la región central. Estos valores muestran mayor contribución nativa americana similar a lo que indica el mitocondrial para la misma región.

En general, las contribuciones parentales medias para todo el país, indican que existe una gran asimetría en los componentes de mezcla génica en función del tipo de marcador. Los marcadores de herencia materna estiman una mayor contribución nativa americana. Por el contrario, se aprecia un mayor grado de contribución europea cuando se analizan marcadores específicos de la vía paterna (cromosoma Y).

Esta distribución asimétrica dependiente del sexo podría interpretarse a la luz de los acontecimientos históricos, incluyendo la colonización y la demografía. La colonización argentina supuso un mestizaje diferencial por género, con una preponderancia de la migración del hombre europeo frente a la mujer europea. Por otro lado, la explotación laboral, guerras, hambruna, desplazamiento social y geográfico hasta el final del siglo XIX, podría asociarse con una menor descendencia masculina de las poblaciones autóctonas de nativos americanos, que habría sido un fenómeno general en todas las regiones y se reflejaría en los valores de mestizaje del cromosoma Y. En contraste, las uniones extramatrimoniales, en la época colonial predominantes entre mujeres de origen americano con hombres europeos, podría asociarse con la mayor contribución nativa americana que indican los marcadores mitocondriales de herencia materna (Andrews, 1989; Avena *et al.*, 2012; Gomes, 2006; Romero, 2005; Torrado, 2007).

#### ***Valores de mestizaje genético en poblaciones nativas americanas de Argentina***

En poblaciones nativo-americanas de Argentina también se han realizado unos pocos estudios de mestizaje genético utilizando marcadores clásicos y de herencia uniparental (Catelli *et al.*, 2011; Goicoechea *et al.*, 2001; Toscanini *et al.*, 2011a), pero no para el cromosoma X ni de marcadores autosómicos de ADN (Tabla 4).

Los marcadores proteicos indican un elevado grado de contribución nativa americana (más del 93%) en todas las muestras estudiadas, claramente diferentes a los valores hallados en otras poblaciones argentinas consideradas anteriormente. En el caso de la población Mapuche la contribución nativa americana desciende al 82%, mientras que la europea aumenta al 11% y se detecta un 7% de contribución africana (valor elevado en relación a otras muestras poblacionales). Estos resultados podrían relacionarse con un mayor contacto de los Mapuches con poblaciones alóctonas (europea y africana).

En los marcadores del ADN mitocondrial, también se observa un alto grado de contribución nativa americana (97-100%), poco rastro de contribución europea (3%) y no es posible detectar la contribución africana, valores diferentes pero que muestran la misma tendencia que lo encontrado en otras poblaciones urbanas argentinas.

El único trabajo de mestizaje con datos del cromosoma Y (Toscanini *et al.*, 2011b) encuentra resultados variables en función de la muestra poblacional estudiada (49% vs 90% de contribución nativa americana) y sustancialmente distintos a los descritos anteriormente en otras poblaciones cosmopolitas.

Región de Argentina	Provincia/ Ciudad/ Pueblo	Marcadores																
		Biparentales					Uniparentales					cromosoma Y						
		Proteicos/Sanguíneos					DNA Mitocondrial											
N	Eu	Am	Af	tipo marcador	Ref	N	Eu	Am	Af	tipo marcador	Ref	N	Eu	Am	Af	tipo marcador	Ref	
(NOA + NEA)	Tribu Amerindias Norte (ref 11)						265	3	97	SNPs y Hgs	11							
	Tribu Amerindia Toba (Salta)	9	4	96	0	23 sist. sanguíneos	15											
Noroeste (NOA)	Tribu Amerindia Mataco (Salta)	72	3	97	0	23 sist. sanguíneos	15											
	Tribu Amerindia Chorotí (Salta)	20	2	98	0	23 sist. sanguíneos	15											
Noreste (NEA)	Tribu Amerindia Colla (Tucumán)											29	41	49		27 SNPs	32	
	Tribu Amerindia Toba (Formosa)											49	4,1	90		27 SNPs	32	
SUR (S)	Tribu Amerindia Mapuche	97	11	82	7	23 sist. sanguíneos	15											
	Tribu Amerindia Tehuelche (Chubut)	29	7	93	0	23 sist. sanguíneos	15											
	Tribu Amerindia Mapuche (ref 11)							39	0	100	0	SNPs y Hgs	11					

Referencias. Eu: europeo, Am: americano nativo, Af: africano. 11) Catelli *et al.*, 2011; 15) Goicoechea *et al.*, 2001; 32) Toscanini *et al.*, 2011a

**Tabla 4.** Valores de mezcla génica en poblaciones nativas actuales  
**Table 4.** Values of genetic admixture in current Native American populations

## Conclusiones

La variabilidad de mezcla génica por regiones es coincidente con la historia demográfica de Argentina, siendo un país muy heterogéneo y diverso en su población actual.

Los datos de mezcla génica son claramente diferentes en función del tipo de marcador que se utilice y, por tanto, siempre hay que tener en cuenta el tipo de marcador para cualquier tipo de análisis de mestizaje poblacional.

Los datos de mezcla génica obtenidos resaltan el carácter de desequilibrio o asimetría por género en la historia poblacional de la Argentina, poniendo de relieve una mayor herencia genética nativa americana por el lado materno, y una mayor contribución europea por el lado paterno. Estos datos son susceptibles de interpretación de acuerdo a la historia y demografía del país.

Hay muy poca información de datos de frecuencias de mezcla génica en los marcadores del cromosoma X; sería interesante tener mayores estudios con este tipo de marcador, ya que son muy informativos para el estudio poblacional y esenciales para completar el análisis comparativo con otros tipos de marcadores.

**Agradecimientos.** Este trabajo se realizó en el marco del proyecto CGL2011-27866 del *Ministerio de Ciencia e Innovación*, en la Unitat d'Antropologia, Departament de Biologia Evolutiva, Ecologia i Ciències Ambientals, Universitat de Barcelona, Barcelona, España.

## Referencias

- Andrews, G.R., 1989, Los Afroargentinos de Buenos Aires. (Buenos Aires: Ed. De la Flor) pp 9-256.
- Avena, S., Dejean, C., Parolín, M.L., Acreche, N., Albeza, M.V., Di Fabio Rocca, F., Dugoujon, J.M., Carnese, F.R., Álvarez Trentini, Y., Montes, N., Postillone, M.B., Kristoff, M.J. y Mansilla, F., 2009, Mezcla génica y linajes uniparentales en la ciudad de Salta, Argentina. Conferencia. IX Jornadas Nacionales de Antropología Biológica, Argentina.
- Avena, S., Goicoechea, A.S., Bartomioli, M., Fernández, V., Cabrera, A., Dugoujon, J., Dejean, C., 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. *Revista Argentina de antropología biológica*, 9, 59-76.
- Avena, S., Goicoechea, A.S., Dugoujon, J., Rey, J., Dejean, C. y Carnese, F.R., 2006, Mezcla génica en la Región Metropolitana de Buenos Aires. *Medicina*, 66 (2): 113-118. Buenos Aires.
- Avena, S., 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. *Revista Argentina de Antropología Biológica* 2 (1): 211-226.
- Avena, S., Parolín, L., Boquet, M., Dejean, C., Postillone, M., Álvarez Trentini, Di Fabio Rocca, F., Mansilla, F., Jones, L., Dugoujon, J. y Carnese, F.R., 2010, Mezcla génica y linajes uniparentales en Esquel (prov. de Chubut). Su comparación con otras muestras poblacionales argentinas. *Journal of basic and applied genetics*, (1) 21, 1-14.
- Avena, S., Parolín, M., Dejean, C., Ríos Part, M., Fabrykant, G., Goicoechea, A., Dugoujon, J. y Carnese, F.R., 2009, Mezcla génica y linajes uniparentales en Comodoro Rivadavia (Provincia de Chubut, Argentina). *Revista Argentina de antropología biológica*, 11 (1): 25-41.
- Avena, S., Via, M. Ziv, E., Pérez-Stable, E., Gignoux, C., Dejean, C., Huntsman, S., Torres-Mejía, G., Dutil, J., Matta, J., Beckman, K., González Burchard, E., Parolín, M., Goicoechea, A., Acreche, N., Boquet, M., Ríos Part, M., Fernández, V., Rey, J., Stern, M., Carnese, F.R. y Fejerman, L., 2012, Heterogeneity in genetic admixture across different regions of Argentina. *PlosONE*. (4) 7, e34695. Doi:10.1371/journal.pone.0034695.
- Badano, I., Sanabria, D., Totaro, M., Rubinstein, S., Schurr, T., Liotta, D. y Campos, R., 2013, Estudios genéticos del poblamiento de Misiones a través de marcadores moleculares

- humanos (ADNmt) y virales (HPV-16). Trabajo presentado en las XI Jornadas nacionales de antropología biológica. Buenos Aires, Argentina.
- Beltramo, J., Motti, J., Muzzio, M., Santos, R., Jurado Medina, L., Bailliet, G. y Bravi, C., 2011, Origen continental de los linajes maternos y paternos de Gualaguaychú, Entre Ríos. Trabajo presentado en las X Jornadas Nacionales de Antropología Biológica. La Plata, Argentina.
- Bobillo, M. y Corach, D., 2012, Desplazamiento étnico en la región bonaerense. Empleo de marcadores genéticos en la detección del nivel de heterogeneidad genética en la población actual. *Revista del Museo de Antropología* 5, 45-52.
- Bobillo, M.C., Zimmermann, B., Sala, A., Huber, G., Röck, A., Bandelt, H.J., Corach, D. y Walther Parson, W., 2010, Amerindian mitochondrial DNA haplogroups predominate in the population of Argentina: towards a first nationwide forensic mitochondrial DNA sequence database. *Int J Legal Med* (2010) 124:263–268. DOI 10.1007/s00414-009-0366-3
- Catelli, L., Álvarez-Iglesias, V., Gómez-Carballa, A., Mosquera-Miguel, A., Romanini, C., Borosky, A., Amigo, J., Carracedo, J., Carlos Vullo, C. y Salas, A., 2011, The impact of modern migrations on present-day multi-ethnic Argentina as recorded on the mitochondrial DNA genome. *BMC Genetics*. 12:77.
- Catelli, L., Romanini, C., Borosky, A., Salado Puerto, M., Prieto L. y Vullo, C., 2009, Common mitochondrial DNA haplogroups observed in an Argentine population database sample. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series* 2 329–330.
- Corach, D., Lao, O., Bobillo C., Van der Gaag K., Zuniga S., Vermeulen M., Goedbloed M., Vallone P.M., Parson W., De Knijff P. y Kayser M., 2009, Inferring continental ancestry of Argentineans from autosomal, Y-chromosomal and mitochondrial DNA. *Annals of Human Genetics*, 28 (1): 65-76.
- Corach, D., 2005, La historia también se escribe en los genes. *Diario Página/12*, 10 de agosto de 2005, Buenos Aires, Argentina.
- Di Fabio Rocca, F., 2016, La presencia subsahariana en el acervo génico de poblaciones cosmopolitas de la Argentina. Tesis Doctoral. Facultad de Filosofía y Letras, Universidad de Buenos Aires. Buenos Aires, Argentina.
- Di Fabio Rocca, F., Albeza, M., Postillone, B., Acreche, N., Lafage, L., Parolin, M., Dejean, C., Carnese, F.R. y Avena, S., 2016, Historia poblacional y análisis antropogenético de la ciudad de Salta. *Andes*, vol. 27. Instituto de Investigaciones Sociales y Humanidades. Salta, Argentina.
- Di Fabio Rocca, F., De la Vega, C., Russo, G., Raggio, M., Dejean, C. y Avena, S., 2013, El aporte africano al acervo génico de Rosario, Provincia de Santa Fe. *Estudios Afro-latino-americanos. Nuevos enfoques multidisciplinares. Actas de las terceras jornadas del GEALA*, Buenos Aires 2013, pp 383-398.
- Di Fabio Rocca, F., Pina, S., Gago, J., Patiño, J., Dejean, C. y Avena, S., 2018, Mestizaje e identidad en Buenos Aires, Argentina. *Experiencias desde la búsqueda individual de datos genéticos. Anales de Antropología* 52-1: 165-177.
- Dipierrri, J.E., Alfaro, E.L., Bailliet, G., Bravi, C., Albeck, M.E., Muzzio, M., Ramallo, V. y Motti J., 2011, Estructura Genético-Isonímica del Noroeste Argentino. *Journal of Basic & Applied Genetics* (2011) Vol. 22, Issue 2, Article 1.
- Fejerman, L., Carnese, R.F., Goicoechea, A., Avena, S., Dejean, C. y Ward, R.H., 2005, African Ancestry of the Population of Buenos Aires. *American Journal of physical Anthropology* 128:164–170.
- García, A., Tovo-Rodrigues, L., Pauro, M., Callegari-Jacques, S.M., Salzano, F.M., Hutz, M.H. y Demarchi, D.A., 2011, Caracterización del mestizaje en poblaciones del centro de Argentina a partir de marcadores moleculares informativos de ancestralidad (AIM). Trabajo presentado en las Jornadas Nacionales de Antropología Biológica. La Plata, Argentina.
- Goicoechea A.S., Carnese, F.R., Dejean, C., Avena, S.A., Weimer, T.A., Franco, M.H.L.P., Callegari-Jacques, S.M., Estalote, A.C., Simoes, M.L.M.S., Palatnik, M., y Salzano, F.M., 2001, Genetic Relationships Between Amerindian Populations of Argentina. *American Journal of Physical Anthropology* 115:133–143.

- Gomes, M.V., 2006, La presencia negro-africana en la Argentina: pasado y permanencia. *Boletín Digital de la Biblioteca del Congreso*, N° 9. Buenos Aires, Argentina.
- Gómez-Pérez, I., Alfonso-Sánchez, M., Dipierri, J., Alfaro, E., García-Obregón, S., de Pancorbo, M., Bailliet, G. y Peña, J., 2011, Microevolutionary processes due to landscape features in the province of Jujuy (Argentina). *American Journal of Human Biology*, 23, 177–184.
- Heguy, S., 2005, El mapa genético de la Argentina: estudio de expertos de la UBA. El 56% de los argentinos tiene antepasados indígenas. *Clarín. Sociedad*, 16 de enero de 2005 (Buenos Aires).
- Homburger, J.R., Moreno-Estrada, A., Gignoux, C.R., Nelson, D., Sanchez, E. y Ortiz-Tello, P., 2015, Genomic Insights into the Ancestry and Demographic History of South America. *PLoS Genet* 11(12): e1005602. doi:10.1371/journal.pgen.1005602.
- INDEC (Instituto Nacional de Estadística y Censos), 2010, Censo Nacional de población, hogares y viviendas 2010.
- Martínez Marignac, V., Bertoni, B., Parra, J. y Bianchi, N.O., 2004, Characterization of Admixture in an Urban Sample from Buenos Aires, Argentina, Using Uniparentally and Biparentally Inherited Genetic Markers. *Human Biology*, August 2004, v. 76, no. 4, pp. 543-557.
- Martínez Marignac, V., Bravi, C., Lahitte, H.B. y Bianchi, N., 1999, Estudio del ADN mitocondrial de una muestra de la ciudad de La Plata. *Revista Argentina de Antrop. Biológ.* 2 (1): 281-300.
- Motti, J.M.B., Muzzio, M., Rodenak Kladniew, B., Alfaro, E.L., Dipierri, J.E., Bailliet, G. y Bravi, C.M., 2013, Origen y distribución espacial de linajes maternos nativos en el noroeste y centro oeste argentinos. *Rev. Arg. Antrop. Biol.* 15 (1): 3-14.
- Motti, J.M.B., Rodenak, B., Muzzio, M., Ramallo, V., Santos, M.R., Castro, C., E.L. Alfaro, E.L., Dipierri, J.E., Scheible, M., Saunier, J.L., Irwin, J.A., Coble, M.D., Bailliet, 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. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series* 2 (2009) 342–343.
- Oteiza, E. y Novick, S., 2000, *Inmigración y derechos humanos. Política y discursos en el tramo final del menemismo*. Buenos Aires: Instituto de Investigaciones Gino Germani, Facultad de Ciencias Sociales, Universidad de Buenos Aires, 2000.
- Parolín, M.L., Zanetti, D., Calò, C.M., Esteban, E., Avena, S., Carnese, F.R. y Moral, P., 2017, Migrations, Admixture and Genetic diversity in Central Argentinian Patagonia: analysis of autosomal Alu Polymorphisms. *Journal of Basic and Applied Genetics Vol XXVIII* (2): 29-42.
- Parolín, M.L., Arce, L.F., Tamburrini, C., Surai Molina, I., Real, L.E., Furque, M.D.A., Encarnação, M., Parra Accinelli, G., Lanata, J.L., Avena, S., Carnese, F.R. y Basso, N.G., 2015, Diversidad genética de los linajes paternos en la localidad de San Carlos de Bariloche (Prov. Rio Negro): Origen étnico y autopercepción. II Jornadas Patagónicas de Ciencias Ambientales, III Jornadas Patagónicas de Biología, V Jornadas Estudiantiles de Ciencias Biológicas.
- Parolín, M.L., Avena S., Dejean, C., Jaureguiberry, S., Sambuco, L.A. y Carnese F.R., 2012, Y-chromosomal STR haplotype diversity in a sample from the Metropolitan Area of Buenos Aires (Argentina). *Revista del Museo de Antropología* 5: 53-64.
- Parolin, M.L., Avena, S.A. y Di Fabio Rocca, F., 2013, Análisis de la variación regional en el proceso de mestizaje de la Argentina. *J. Basic Appl. Genet. Supp.* 24: 30.
- 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 (Prov. de Chubut, Argentina). *Rev. Arg. Antrop. Biol.* 15 (1): 61-75.
- Parolin, M.L., Basso, N.G. y Avena, S.A., 2014, Mestizaje en la Patagonia Argentina: Diversidad genética y poblamiento de Trelew (Prov. Chubut). *Basic Appl. Genet. Supp.* 25: 250.

- Parolin, M.L., Real, L.E., Martinazzo, L.B. y Basso N.G., 2015, Population genetic analyses of the Powerplex® Fusion kit in a cosmopolitan sample of Chubut Province (Patagonia Argentina). *Forensic Science International: Genetics* 19: 221-222.
- Parolin, M.L., Toscanini, U. y Llull, C., 2015, No tan aislados: el componente nativo presente en poblaciones cosmopolitas de la Patagonia Argentina. Simposio: Historia y prehistoria de los Pueblos Patagónicos contada por el ADN. Libro de resúmenes, XLVIII Reunión Anual de la Sociedad de Genética de Chile, Valdivia, e9.
- Pauro, M., García, A., Bravi, C. y D. Demarchi., 2010, Distribución de haplogrupos mitocondriales alóctonos en poblaciones rurales de Córdoba y San Luis. *Revista Argentina de Antropología Biológica*, 12 (1), 47-55.
- Pauro, M., García, A., Nores R. y Demarchi, D., 2013, Analysis of uniparental lineales in two villages of Santiago del Estero, Argentina, SEAT of “Pueblos de Indios” in colonial times. *Human Biology Open Access pre-prints* 33.
- Resano, M., Esteban, E., González-Pérez, E., Vía, M., Athanasiadis, G., Avena, S., Goicoechea, A., Bartomioli, M., Fernández, V., Cabrera, A., Dejean, C., Carnese, R.F. 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. *Am. J. Hum. Biol.* 19: 827-385.
- Resano, M., Zanetti, D., Esteban, E. y Moral, P., 2016, X-Chromosome Alu Insertions in Bahía Blanca (Argentina): Assessment of Population Information from Varied Genetic Markers and Usefulness of X-Chromosome Markers to Trace Sex-Biased Parental Contributions. *Human Biology Fall 2016*, V. 88,nº 4 pp. 275-286.
- Ribeiro, D., 1985, *Las Américas y la civilización*. (Buenos Aires: Eudeba). p. 449 y ss.
- Romero, J.L., 1951, Indicación sobre la situación de las masas en Argentina (1951), en *La experiencia argentina y otros ensayos*. (Buenos Aires: Universidad de Belgrano, 1980). p. 64.
- Romero, J.L., 2005. *Breve historia de la Argentina*. (Ed. Tierra Firme, Fondo de Cultura Económica). Argentina
- Salas, A., Jaime, J. y Álvarez-Iglesias, V., 2008, Gender bias in the multi-ethnic genetic composition of central Argentina. *Journal of Human Genetics* 53, 662-674.
- Sánchez Albornoz, N., 1999, *La población de América Latina desde los tiempos precolombinos al año 2000*. (Madrid, Alianza Editorial, 1973).
- Schwab, M., Cuello, M., Beltramo, J., Motti, J., Muzzio, M., Santos, R., Jurado Medina, L., Bailliet, G. y Bravi, C, 2013, Origen continental de los linajes maternos de Santiago del Estero. Trabajo presentado en las XI Jornadas nacionales de Antropología Biológica. Buenos Aires, Argentina.
- Segundo Censo de la República Argentina, 1895, Tomo I. Territorio. Taller tipográfico de la penitenciaría nacional. Buenos Aires, Argentina. <http://www.cervantesvirtual.com/research/segundo-censo-de-la-republica-argentina-mayo-10-de-1895--decretado-en-la-administracion-del-dr-saenz-pena-verificado-en-la-del-dr-uriburu--comision-directiva-diego-g-de-la-fuente-presidente-gabriel-carrasco-albert>
- 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.E., 2007, Argentine Population Genetic Structure: Large Variance in Amerindian Contribution. *American Journal of Physical Anthropology* 132 (3): 455-462.
- Torrado, S., 2007, *Población y bienestar en la Argentina del Primero al Segundo centenario. Una historia social del siglo XX. Tomo II*. (ed. Edhasa, Buenos Aires).
- Toscanini, U., Gusmao, L., Berardi, G., Gómez, A., Pereira, R. y Raimondi, E., 2011a, Ancestry proportions in urban populations of Argentina. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series* 3. e387–e388.

- Toscanini, U., Gusmao, L., Berardi, G., Gómez, V., Amorim, A., Salas, A. y Raimondi E., 2011b, Male Lineages in South American Native Groups: Evidence of M19 Traveling South. *American Journal of Physical Anthropology* 146:188–196.
- Vitale, L., 1981, La condición de la mujer en la colonia y la consolidación del patriarcado, en *El protagonismo Social de la mujer*, Santiago, CEME/Archivo de Chile.