



Universidad de Concepción
Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas



Determinación del aporte indígena materno sobre la población de la
comuna de Concepción mediante el análisis de polimorfismos de
ADN mitocondrial



Seminario de Título presentado a la
Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas
Para optar al título de Biólogo

Patricio Alejandro Pezo Valderrama

Concepción, Diciembre 2010

1. RESUMEN

Debido a la llegada de los españoles a Chile los pueblos nativos sufrieron una importante reducción en su tamaño poblacional, llegando algunos a encontrarse totalmente extintos. No obstante, estos grupos originarios han dejado su huella mitocondrial en todas las poblaciones mestizas de nuestro país, debido en parte a la mezcla inicial desigual, donde el aporte paterno es mayoritariamente español y el materno es principalmente indígena. Es aquí donde radica la importancia del ADN mitocondrial (ADNmt), puesto que es particularmente útil en el análisis de relaciones de parentesco ancestrales entre poblaciones mestizas por su herencia uniparental de madres a hijos libre de recombinación, alta tasa de variación en su secuencia, y por el hecho particular que las poblaciones europeas y amerindias no comparten haplogrupo mitocondrial alguno.

La mayoría de los haplogrupos mitocondriales conocidos poseen la propiedad de estar asociados a ciertas regiones o continentes; de tal manera, podemos encontrar que para el Nuevo Mundo existen cuatro haplogrupos fundadores aportados por las poblaciones indígenas: A, B, C y D que difundieron a lo largo del continente americano. En Chile los haplogrupos A y B se distribuyen en frecuencias decrecientes en sentido norte-sur, mientras que en este mismo sentido, los haplogrupos C y D se encuentran distribuidos en frecuencias crecientes. Además, en este último tiempo, se han detectado mutaciones en los haplogrupos B (A470G), C (C258T) y D (C16187T) que se encuentran asociados únicamente en las poblaciones indígenas del centro sur de Chile y Argentina.

La población en estudio fue la comuna de Concepción y el objetivo consistió en determinar el aporte indígena materno en la composición genética de la población mixta de esta comuna, y la relación de las frecuencias de sus linajes mitocondriales con diferentes poblaciones originarias de nuestro país. Para esto, se analizaron 231 individuos tomados al azar en la comuna de Concepción, previamente informados de los objetivos de la investigación. La extracción de ADN, se realizó a partir de saliva y se caracterizaron los haplogrupos A, B, C y D y los haplotipos B+470G y C+258T mediante la amplificación de regiones del ADNmt específicos para estos haplogrupos y haplotipos mediante PCR (*Polymerase Chain Reaction o reacción en cadena de la polimerasa*). Luego, se realizaron

cortes con enzimas de restricción definidos para cada haplogrupo y haplotipo con el propósito de caracterizar las frecuencias de cada uno de estos en la muestra analizada. Para el caso del haplotipo D+16187T, se determinó su frecuencia a través de la técnica PCR-ASP (*Allele Specific Polymerase o polimerasa alelo específica*). Las distancias génicas que presentó cada población estudiada se analizó mediante el índice Fst y Nei con el programa Arlequín y BIOSYS-1, mientras que la construcción del dendograma Neighbor Joining (NJ) a partir de la matriz de distancias se realizó con el programa MEGA.

Los resultados indican que la comuna de Concepción se compone de un 4% para el haplogrupo A, 22% para el haplogrupo B, 35% para el haplogrupo C, 28% para el haplogrupo D y 11% para haplogrupos no amerindios. Esta composición genética, según la matriz de distancias, se encontró asociado fuertemente a poblaciones aborígenes del sur de Chile, específicamente la población Huilliche. Dentro de las poblaciones urbanas y rurales, la comuna de Concepción no mostró estructuración genética significativa con éstas. Las mutaciones puntuales mostraron un 76,5% para el haplotipo B+470G, 64,6% para el haplotipo C+258T y un 71,2% para el haplotipo D+16187T.

Estos resultados ratifican el patrón de distribución descrito para los haplogrupos a lo largo de Chile, así como también, una posible condición costera mucho más amplia para la población Huilliche, explicando su importante relación genética con la población de Concepción. Las poblaciones urbanas y rurales (incluyendo Concepción) se encontraron muy relacionadas entre sí, pudiendo reflejar la homogeneidad que el aporte indígena materno presenta en las poblaciones mestizas de nuestro país. Las mutaciones puntuales que definen los haplotipos B+470G, C+258T y D+16187T señalan la gran composición sureña de la comuna de Concepción junto con las elevadas frecuencias que presentan en la zona centro sur de nuestro país. Como conclusión, la comuna de Concepción posee una importante relación genética con las poblaciones aborígenes del sur de Chile. Además, posee un aporte indígena materno elevado; sin embargo este valor no revela una historia diferente en cuanto a los procesos de mestizaje para la comuna de Concepción.