

## DEMOGRAFÍA Y DISTRIBUCIÓN DE HAPLOGRUPOS MITOCONDRIALES DURANTE LA DISPERSIÓN INICIAL EN LAS AMÉRICAS

*Dejean, Cristina* B<sup>1,2</sup>; *Lanata, José* L<sup>2,3,4</sup>; *Martino, Luis* A<sup>4,5</sup>;  
*Carnese, Francisco* R<sup>1,2</sup>; *Osella, Ana* A<sup>4,5</sup>

<sup>1</sup>Sec. Antropología Biológica, Instituto de Cs. Antropológicas, Fac. de Fil. y Letras, UBA,

<sup>2</sup>Cebbad, F.F. de Azara, <sup>3</sup>Dep. de Antropología, Fac. de Fil. y Letras, UBA, <sup>4</sup>CONICET, <sup>5</sup>Dep. de Física, F. de Cs. Exactas y Naturales, UBA.

Se realizaron simulaciones con el objetivo de estudiar la distribución demográfica y la variabilidad mitocondrial en América. El modelo se basa en una dispersión de tipo estocástico en un medio anisótropo, estando la misma delimitada por los ambientes en los cuales se encuentran las poblaciones. Cada una de las variables que definen a cada individuo son elegidas al azar en el momento de su nacimiento: probabilidad de ser hombre o mujer, en caso de ser mujer si será fértil o no, la esperanza de vida de cada individuo y probabilidad de poseer un determinado haplogrupo mitocondrial. Las simulaciones consideran la heredabilidad de los haplogrupos y las mismas se realizan basadas en reconstrucciones paleo ambientales entre los años 18000 rcybp y los 9000 rcybp. Los resultados muestran que existen diferencias significativas entre la cantidad y distribución de los haplogrupos presentes en cada uno de las regiones de estudio (Norteamérica, Sudamérica y Tierra del Fuego). Las diferentes simulaciones indican que las diferencias en la distribución de los haplogrupos en las Américas estarían relacionadas a la presencia de los cuellos de botella que separan los hemicontinentes y no a factores culturales, ni a mecanismos como la selección natural. Los datos se comparan con la distribución actual de haplogrupos mitocondriales en el continente americano.