

**UNIVERSIDAD NACIONAL MAYOR DE SAN MARCOS**

**FACULTAD DE CIENCIAS BIOLÓGICAS**

**UNIDAD DE POSGRADO**

**Caracterización genética en una muestra  
poblacional ashaninka en el distrito de Puerto  
Bermúdez, Pasco-Perú, empleando marcadores  
STR autosómicos y del cromosoma Y**

**TESIS**

Para optar el Grado Académico de Magíster en Genética

**AUTOR**

Dean Herman TINEO TINEO

**ASESOR**

Jaime DESCAILLEAUX DULANTO

Lima – Perú

2017

## RESUMEN

A pesar del intenso mestizaje ocurrido entre los europeos que llegaron a Sudamérica a lo largo de los últimos 500 años y las poblaciones precolombinas que habitaban el territorio hace 12 000 años, siguen existiendo en el Perú muchas poblaciones que se han mantenido relativamente aisladas, preservando un sustrato genético esencialmente nativo. Con el objetivo de estudiar una de las poblaciones nativas existente actualmente en Perú, se caracterizó genéticamente una muestra de 181 individuos (58 hombres y 123 mujeres) de la población ashaninka ubicada en los afluentes de los ríos Pichis y Palcazu, jurisdicción del distrito de Puerto Bermúdez, provincia de Oxapampa-Pasco, en la selva central del Perú. En todas las muestras de tejido sanguíneo capilar se analizaron 16 secuencias nucleotídicas autosómicas de tipo STR; y en las de los varones se analizaron 27 secuencias haplotípicas del cromosoma sexual Y. La lectura de los productos de la PCR se realizó por electroforesis capilar. Las heterocigosidades observadas ( $H_o$ ) en los STRs autosómicos varían entre 0.60 y 0.83, excepto en D3S1358 ( $H_o= 0.448$ ) y TH01( $H_o= 0.486$ ), y son los marcadores que presentaron distancias genéticas más significativas cuando se compararon con los respectivos STRs de la base de datos de la población hispanoamericana; el estadístico (F) con promedio de 0.007 denota que esta población no es endogámica; el índice de Garza-Williamson de 1.02, indica que es estacionaria; solo el marcador STR D18S51 no se encuentra en equilibrio de Hardy-Weinberg, con un valor P de 0.0031. Con respecto a la variabilidad de los Y-STRs, dos marcadores que usualmente presentan alta diversidad en poblaciones europeas, muestran muy baja diversidad en los nativos americanos ashaninkas, específicamente los DYS635 ( $h=0.2263$ ) y DYS437 ( $h=0.1325$ ). Según el programa informático Haplogroup Predictor, la ascendencia patrilineal en la muestra poblacional ashaninka es el haplogrupo Q; y con el programa informático en línea de la YHRD, se estimó que la ancestría más probable es la amerindia; empleando la base de datos de este último programa, un 39.7 % de los haplotipos mínimos de Y-STRs de la muestra de poblacional ashaninka hicieron match con poblaciones esquimo-aleutiana y mestiza, ambas del continente americano; además se encontraron distancias genéticas no significativas con una muestra poblacional aymara.

Palabras claves: Ashaninka, Puerto Bermúdez, autosómicos, cromosoma Y, endogamia, haplogrupos, haplotipos, STR.

## SUMMARY

Despite the intense interbreeding that occurred between Europeans who came to South America over the last 500 years and pre-Columbian populations which inhabited the area 12 000 years ago, many populations have remained relatively isolated in Peru, preserving a genetic substrate that is essentially native. With the aim of studying one of the currently existing native populations in Peru, a sample was genetically characterized, comprising 181 individuals (58 men and 123 women) of the Ashaninka population located in the tributaries of the Pichis and Palcazu rivers jurisdiction of the district of Puerto Bermudez province of Oxapampa-Pasco, in the central jungle of Peru. In all samples of capillary blood tissue 16 autosomal STR nucleotide sequences were analyzed; and in males 27 Y-chromosome haplotype sequences were typed. The analysis of the PCR products was performed by capillary electrophoresis. The observed heterozygosities ( $H_o$ ) for autosomal STRs vary between 0.60 and 0.83, except for D3S1358 ( $H_o = 0.448$ ) and TH01 ( $H_o = 0.486$ ), which are the markers with the most significant genetic distances when compared with the respective STRs in the database of Hispanic population; statistical ( $F$ ) with an average of 0.007 indicates [that this population is not inbred; Garza-Williamson's index of 1.02 indicates that it is stationary; the STR marker D18S51 is the only one that is not in Hardy-Weinberg equilibrium with a "p" value of 0.0031. With respect to the variability of the Y-STRs, two markers that usually have high diversity in European populations show very low diversity in Native Americans ashankas, specifically DYS635 ( $h = 0.2263$ ) and DYS437 ( $h = 0.1325$ ). According to Haplogroup Predictor software, patrilineal descent in the ashankas population sample is haplogroup Q; and using the online computer program YHRD, it was estimated that the most likely ancestry is Amerindian; using the database of the latter program, it was found that 39.7% of the minimum haplotypes of Y-STRs in the ashankas natives, match with Eskimo-Aleut and mestizo populations, both from America; also no significant genetic distances with the native aymara were found.

Keywords: Ashankas, Port Bermudez, autosomal, Y chromosome, intermarriage, haplogroups, haplotypes, STR.