

# Diversidad genética a través del análisis de marcadores STR's del cromosoma Y en seis poblaciones zulianas, Venezuela

Lisbeth Borjas<sup>1\*</sup>, Lennie Pineda<sup>1</sup>, William Zabala<sup>1</sup>, Tatiana Pardo<sup>1</sup>, José A. Aranguren<sup>2</sup>,  
María G. Portillo<sup>2</sup> y José M. Quintero<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratorio de Genética Molecular, Unidad de Genética Médica.

<sup>2</sup>Laboratorio de Genética Molecular, Facultad de Veterinaria.  
Universidad del Zulia. Maracaibo, Venezuela.

Recibido: 23-04-09 Aceptado: 15-03-11

## Resumen

Datos haplotípicos se obtuvieron a partir de una muestra de 292 individuos masculinos residentes de seis poblaciones distintas del estado Zulia, al noroeste de Venezuela a partir del análisis de 11 marcadores STR's del cromosoma Y (DYS19, DYS389I, DYS389II, DYS390, DYS391, DYS392, DYS393, DYS385a/b, DYS437, DYS438 y DYS439). Se estimaron además las Distancias Genéticas entre estas regiones y otras reportadas. El mayor nivel de Diversidad Haplotípica se observó en el grupo de Maracaibo (0,9969), mientras que los Yukpas mostraron los más bajos niveles (0,3182). Del total de individuos, se observaron 207 haplotipos, de los cuales 192 resultaron ser únicos. Las estimaciones del grado de mestizaje demuestran que Maracaibo presentó un 86,25% de componente europeo e isla de Toas un 90,32%. El grupo Wa-yúu, mostró contribución de 76,52% amerindia. El grupo de San José de Heras presentó un componente africano menor de lo esperado, 54,93%, seguido de una contribución europea de 42,27%. Los grupos indígenas Barí y Yukpa sólo mostraron componente amerindio. Los resultados muestran la utilidad de estos polimorfismos como marcadores de grupos étnicos distintos que residen dentro del mismo estado y resalta la importancia de emplearlos como base de datos locales en el campo de la Genética Forense.

**Palabras clave:** diversidad genética, Y-STR's, población del Zulia, Venezuela.

## Genetic diversity based on Y-Chromosome STR haplotypes in six Zulian populations from Venezuela

### Abstract

Haplotype data were obtained from sample of 292 male from different regions in Zulia state, in the northwest of Venezuela, for 11 Y-chromosome STR's (DYS19, DYS389I, DYS389II, DYS390, DYS391, DYS392, DYS393, DYS385a/b, DYS437, DYS438 and DYS439). Genetic Distances between these regions and others published were estimated. The highest haplotype diversity was observed in the group of Maracaibo (0.9969), whereas Yukpas showed the lowest levels (0.3182). 207 haplotypes were observed, of which 192 were found to be unique. The de-

\* Autor para la correspondencia: lisbor@cantv.net

gree of mixing showed a high European component in Maracaibo and Toas Island (86.25% and 90.32%, respectively). Wayúu group showed Amerindian contribution (76.52%). The San Jose de Heras group showed African component, lower than expected, 54.93%, followed by a European contribution (42.27%). Indigenous groups, Bari and Yukpa, showed only Amerindian component. The results show the usefulness of these polimorfismos as markers of different ethnic groups that reside inside the Zulia state and remark the importance of using them as local databases in forensic genetics.

**Key words:** genetic diversity, Y-STRs; Zulia population data, Venezuela

## Introducción

Para conocer y entender la historia de las poblaciones humanas, sus patrones de evolución y de migración, se ha reportado una amplia variedad de estudios apoyados en el análisis de secuencias polimórficas de ADN y en su mayoría, destacan la utilidad de diversos marcadores nucleares, así como de ADN mitocondrial, incluyendo además en gran medida, el análisis de marcadores de regiones polimórficas del cromosoma Y. Estos últimos, de linaje masculino, aportan valiosa información especialmente en poblaciones mezcladas.

Ciertas características mostradas por el cromosoma Y lo hacen particularmente útil para estudios de evolución y en el ámbito forense, su herencia patrilineal, la ausencia de recombinación en el 95% de sus secuencias, la abundancia de polimorfismos y la tasa de mutación diferencial hacen del análisis de marcadores del cromosoma "Y" una herramienta fundamental para estudios de poblaciones humanas, patrones de migración, mezclas, selección y relaciones entre distintas poblaciones (1).

Existen secuencias cuya variabilidad es reflejada en variantes de longitud, en los que las unidades de repetición pueden variar tanto en el número como en secuencia, tal es el caso de las únicas dos secuencias minisatélites (MYS1 y MYS2) y diversos tipos de microsatélites (STRs: Short Tandem Repeats, por sus siglas en inglés) (1-3).

El objetivo de este trabajo fue evaluar la diversidad genética de seis poblaciones zu-

lianias a partir del análisis de marcadores polimórficos de tipo STR del cromosoma Y e identificar a través de de ellos características diferenciales por zona de acuerdo a sus respectivas historias demográficas.

## Materiales y métodos

### Población y muestra

Se estudiaron 292 individuos masculinos no relacionados genéticamente, pertenecientes a 6 poblaciones zulianas (ver figura 1 para ver ubicación): dos poblaciones mezcladas predominantemente blancas, Maracaibo (MAR: 111) e Isla de Toas (IDT: 67), tres poblaciones indígenas Wayúu (WAY: 48), Barí (BAR: 16) y Yukpa (YUK: 12) y una población descendiente de africanos, San José de Heras (SJH: 38). El diseño del estudio fue aprobado por el comité de ética de la Facultad de Medicina, LUZ. Todos los individuos bajo estudio firmaron sus respectivos consentimientos informados.

### Extracción de ADN, amplificación de los Y-STR's y caracterización de genotipos

Las muestras de ADN fueron extraídas mediante el método combinado Fenol-Sevag-Extracción Inorgánica (4, 5). A partir de 1 ng de ADN se amplificaron simultáneamente los 11 marcadores Y-STR's como describe el protocolo del Kit PowerPlex® Y System, de la casa comercial Promega (DYS19, DYS389I, DYS389 II, DYS390, DYS391, DYS392, DYS393, DYS385a/b DYS437, DYS438 and DYS439). La caracterización se realizó empleando equipo de secuenciación automatizada modelo ABI 310 de la casa

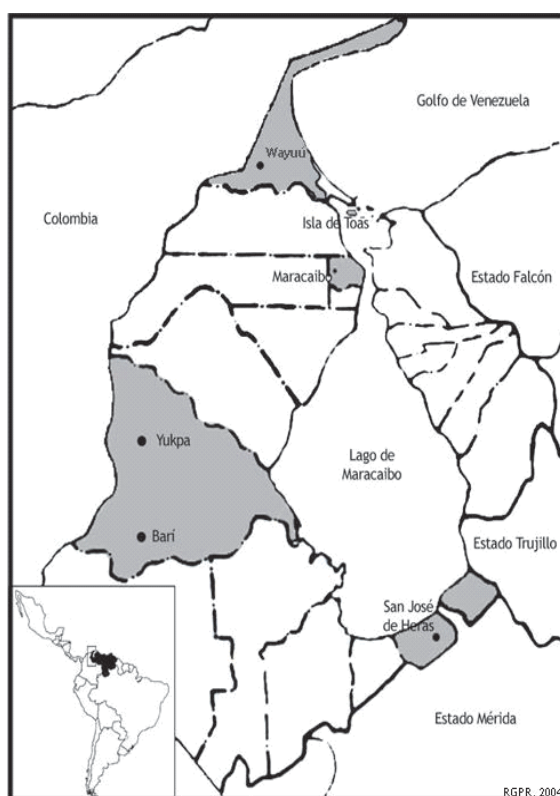


Figura 1. Mapa del estado Zulia, indicando la ubicación de cada grupo poblacional analizado.

Applied Biosystem. La asignación de alelos para cada marcador se realizó con software Genotyper, siguiendo recomendaciones descritas para el análisis de Y-STR's por la Sociedad Internacional de Genética Forense (ISFG) (6).

Para las estimaciones estadísticas se usó el programa Arlequin (7), versión 2.000, a partir del cual se obtuvieron las frecuencias y diversidad tanto alélicas como haplotípicas. Se realizó además un análisis de la varianza molecular (AMOVA) para valorar la importancia relativa de la variabilidad genética atribuida a las diferencias entre las distintas poblaciones y dentro de las mismas, considerando los haplotipos y locus por locus. Se estimó también el Índice de fijación o  $F_{st}$ , el cual es un indicador de diferenciación poblacional y las distancias genéticas de

Reynolds entre ellas. Se hicieron estimaciones del grado de mestizaje con el programa ADMIX3 (8) a partir de 5 loci (DYS19, DYS390, DYS391, DYS392 y DYS393) tomando como poblaciones parentales frecuencias alélicas promediadas de europeos, amerindios y africanos (9-15). Asimismo, con el programa Arlequin, se calcularon las distancias genéticas entre poblaciones zulianas y foráneas disponibles para los haplotipos construidos con base en los 11 loci Y-STR's utilizando el  $F_{st}$  linearizado de Slatkin, y para visualizar las afinidades genéticas entre ellas se construyó el dendrograma Neighbor-joining (NJ) con el programa MEGA 3.1 (16) empleando datos disponibles de poblaciones para los marcadores STR's analizados en este estudio.

## Resultados y discusión

En la tabla 1, se muestran las frecuencias alélicas por cada marcador para cada población. Se observa que los grupos indígenas Bari y Yukpa mostraron el menor grado de polimorfismo, lo cual se refleja en el valor de la Diversidad Genética, incluso hasta para el marcador DYS385ab que tuvo la mayor Diversidad Genética en el resto de las poblaciones. De acuerdo a la tabla 2, el número de haplotipos diferentes en cada población fue: MAR (97/111), IDT (35/67), WAY (36/48), SJH (32/38), BAR (4/16) y YUK (3/12). El mayor nivel de Diversidad Haplotípica se observó en el grupo de MAR, seguido por WAY, SJH e IDT (0,9969; 0,9840; 0,9829 y 0,9670, respectivamente), mientras que los grupos BAR y YUK mostraron, una vez más, los más bajos niveles (0,5167 y 0,3182, respectivamente). Se han reportado datos para marcadores STR's del cromosoma Y en poblaciones indígenas venezolanas y los resultados son consistentes con los indicados en este trabajo: baja Diversidad alélica y haplotípica (12, 17-19). De igual manera, los altos niveles de diversidad encontrados en el resto de las poblaciones son habituales en poblaciones abiertas al flujo migratorio como ha sido reportado

Tabla 1  
Frecuencias alélicas para los marcadores Y-STRs de los individuos de las 6 poblaciones zulianas estudiadas

Alelos	MAR	IDT	WAY	SJH	BAR	YUK
<b>DYS19</b>						
13	0,09910	0,19403	0,54167	0,05263	1,0000	0,83333
14	0,68468	0,56716	0,33333	0,18421	...	0,16667
15	0,19820	0,14925	0,12500	0,31579	...	...
16	0,00901	0,01493	...	0,44737	...	...
17	0,00901	0,07463	...	...	...	...
D	0,48195	0,6126	0,5798	0,6634	0	0,2777
<b>DYS389I</b>						
12	0,17117	0,28358	0,10417	0,31579	0,06250	...
13	0,63063	0,43284	0,64583	0,55263	0,68750	1,00000
14	0,18919	0,28358	0,25000	0,13158	0,25000	...
15	0,00901	...	...	...	...	...
D	0,5371	0,6518	0,5095	0,5775	0,4609	0
<b>DYS389II</b>						
26	...	...	...	0,02632	...	...
27	0,00901	...	0,04167	...	...	...
28	0,15315	0,08955	0,08333	0,07895	...	...
29	0,38739	0,35821	0,20833	0,31579	0,06250	0,16667
30	0,35135	0,25373	0,35417	0,21053	...	...
31	0,08108	0,26866	0,25000	0,13158	...	0,83333
32	0,01802	0,02985	0,06250	0,23684	0,68750	...
33	...	...	...	...	0,18750	...
34	...	...	...	...	0,06250	...
D	0,6960	0,7262	0,7560	0,7756	0,4843	0,2777
<b>DYS390</b>						
21	0,02703	0,10448	0,02083	0,34211	...	...
22	0,08108	0,20896	0,04167	0,10526	...	...
23	0,28829	0,14925	0,56250	0,26316	...	...
24	0,55856	0,46269	0,31250	0,21053	1,00000	1,00000
25	0,03604	0,07463	0,06250	0,07895	...	...
26	0,00901	...	...	...	...	...
D	0,5962	0,7034	0,5798	0,7520	0	0

Tabla 1 (Continuación)

Alelos	MAR	IDT	WAY	SJH	BAR	YUK
DYS391						
9	0,02703	0,10448	0,02083	0,02632	...	...
10	0,42342	0,55224	0,77083	0,50000	1,00000	1,00000
11	0,50450	0,32836	0,20834	0,21053	...	...
12	0,03604	0,01493	...	0,26316	...	...
13	0,00901	...	...	...	...	...
D	0,5640	0,5760	0,3619	0,6357	0	0
DYS392						
10	0,00901	...	...	...	...	...
11	0,32432	0,41791	0,20833	0,65789	...	...
12	0,04505	...	0,06250	0,07895	...	...
13	0,56757	0,47761	0,45833	0,23684	0,25000	...
14	0,03604	0,04478	0,20833	...	0,75000	0,16667
15	0,01802	0,05970	0,06250	0,02632	...	0,83333
D	0,5689	0,5916	0,6953	0,5041	0,3750	0,2777
DYS393						
10	0,00901	...	...	...	...	...
12	0,19820	0,19403	0,12500	0,13158	0,06250	...
13	0,69369	0,65672	0,52083	0,63158	...	0,16667
14	0,09009	0,11940	0,33333	0,10526	0,93750	0,83333
15	0,00901	0,02985	0,02083	0,13158	...	...
D	0,47123	0,5159	0,6016	0,5554	0,1172	0,2778
DYS385ab						
1014	0,02703	...	0,02083	...	...	...
1015	0,00901	...	...	...	...	...
1111	0,00901	...	...	...	...	...
1112	0,01802	...	...	0,18421	...	...
1113	0,00901	0,11940	...	0,05263	...	...
1114	0,45045	0,25373	0,14583	0,13158	...	...
1115	0,05405	0,04478	...	0,05263	...	...
1116	...	0,01493	...	...	...	...
1212	...	0,04478	...	...	...	...
1213	0,00901	...	...	0,02632	...	...
1214	0,04505	0,01493	0,04167	0,05263	...	...

Tabla 1 (Continuación)

Alelos	MAR	IDT	WAY	SJH	BAR	YUK
DYS385ab						
1215	0,00901	0,01493	...	...	...	...
1216	0,00901	...	...	...	...	...
1217	...	...	0,02083	...	...	...
1218	0,00901	...	0,02083	...	...	...
1313	0,00901	0,02985	0,02083	...	...	...
1314	0,04505	0,04478	...	...	...	0,16667
1315	0,00901	...	0,02083	0,07895	...	...
1316	0,05405	0,01493	0,04167	...	...	...
1317	0,00901	0,04478	0,25000	...	...	0,83333
1318	0,02703	0,10448	0,04167	...	...	...
1319	...	...	...	...	0,25000	...
1414	0,01802	0,01493	0,06250	0,02632	...	...
1415	0,02703	...	...	0,02632	...	...
1416	...	0,10448	0,02083	0,05263	0,75000	...
1417	...	...	0,02083	...	...	...
1418	...	0,01493	...	...	...	...
1420	0,00901	...	...	...	...	...
1515	...	...	...	0,07895	...	...
1516	0,00901	...	0,02083	0,05263	...	...
1517	0,00901	...	0,02083	0,05263	...	...
1518	0,00901	0,04478	0,02083	0,02632	...	...
1519	0,00901	...	...	...	...	...
1520	...	...	0,08333	...	...	...
1616	0,02703	...	0,04167	...	...	...
1617	0,03604	0,01493	0,04167	0,05263	...	...
1618	0,00901	0,04478	...	0,02632	...	...
1619	0,00901	...	...	...	...	...
1717	...	...	0,04167	...	...	...
1718	0,00901	...	...	...	...	...
1719	...	...	...	0,02632	...	...
1720	...	0,01493	...	...	...	...
1819	0,00901	...	...	...	...	...
D	0,7486	0,8701	0,7864	0,9112	0,375	0,2778

Tabla 1 (Continuación)

Alelos	MAR	IDT	WAY	SJH	BAR	YUK
<b>DYS437</b>						
13	0,01802	0,01493	....	0,05263	...	...
14	0,44144	0,52239	0,79167	0,57895	1,00000	1,00000
15	0,46847	0,37313	0,18750	0,23684	...	...
16	0,07207	0,08955	0,02083	0,05263	...	...
17	...	...	...	0,07895	...	...
D	0,5801	0,580	0,3173	0,5242	0	0
<b>DYS438</b>						
9	0,11712	0,07463	0,14583	0,05263	...	...
10	0,23423	0,37313	0,39583	0,31579	...	...
11	0,06306	0,02985	0,27083	0,34211	1,00000	1,00000
12	0,56757	0,52239	0,18750	0,28947	...	...
13	0,01802	...	...	...	...	...
D	0,6050	0,5814	0,5612	0,6967	0	0
<b>DYS439</b>						
10	0,04505	...	...	0,5263	...	...
11	0,35135	0,34328	0,35417	0,21053	...	0,08333
12	0,48649	0,47761	0,58333	0,44737	0,75000	0,91667
13	0,09910	0,17910	0,06250	0,28947	0,25000	...
14	0,01802	...	...	...	...	...
D	0,6277	0,6220	0,5304	0,6743	0,375	0,1528

MAR: Maracaibo. IDT: Isla de Toas. WAY: Wayúu. SJH: San José de Heras. BAR: Barí. YUK: Yukpa.  
D: Valor de Diversidad Génica.

F.I. Base de datos del autor.

para Caracas y otras regiones del estado Miranda (20, 21).

Los 207 haplotipos diferentes se distribuyeron en las seis poblaciones constituyendo haplotipos propios de cada población y solamente, 9 haplotipos estuvieron compartidos como se indica: 3 entre MAR e IDT, 4 entre MAR y WAY, 1 entre IDT y WAY y 1 entre SJH e IDT. La tabla 3 es un reflejo de estos hallazgos. Las menores distancias genéticas se observaron entre MAR, IDT, WAY y SJH, mientras que BAR y YUK mostraron las mayores distancias con respecto al resto

de las poblaciones y es que no coinciden entre si, ni con el resto de los grupos ningún haplotipo. El análisis jerárquico a través del AMOVA mostró que gran parte de la variación molecular se debió a variaciones “dentro” de poblaciones zulianas más que “entre” poblaciones (85,54 y 14,46 respectivamente) como ha sido reportado para diferentes marcadores de ADN y diferentes poblaciones (22).

Las estimaciones del grado de mestizaje demuestran un 86,25% de componente europeo en el grupo MAR y el resto, de apor-

Tabla 2  
Frecuencias y valores de Diversidad Haplotípicas para los marcadores en individuos de las seis poblaciones zulianas

Haplo-tipo	n	DYS 19	DYS 389I	DYS 389II	DYS 390	DYS 391	DYS 392	DYS 393	DYS 385ab	DYS 437	DYS 438	DYS 439
Maracaibo (n: 111), DH: 0,9969 +/- 0,0019												
MAR1	1	13	12	29	22	10	15	14	1617	14	11	12
MAR2	1	13	12	29	24	10	11	13	1819	14	10	10
MAR3	1	13	13	28	23	10	11	12	1318	14	10	11
MAR4	1	13	13	29	23	11	12	13	1214	14	12	12
MAR5	1	13	13	29	24	9	11	13	1314	14	10	10
MAR6	2	13	13	30	23	10	11	13	1617	14	10	12
MAR7	1	13	13	30	24	10	11	13	1618	14	10	12
MAR8	1	13	13	30	24	10	11	13	1619	14	10	12
MAR9	1	13	14	29	23	10	13	13	1216	15	9	11
MAR10	1	13	14	31	23	10	13	14	1317	14	10	12
MAR11	1	14	12	28	22	10	11	13	1114	16	10	11
MAR12	1	14	12	28	22	10	11	14	1314	16	10	12
MAR13	1	14	12	28	23	10	12	14	1114	15	12	11
MAR14	1	14	12	28	23	11	13	12	1214	15	12	12
MAR15	1	14	12	28	24	10	11	13	1314	16	10	11
MAR16	3	14	12	28	24	11	13	13	1114	15	12	12
MAR17	1	14	12	28	24	12	13	13	1114	15	12	12
MAR18	1	14	12	30	23	10	11	13	1415	15	10	11
MAR19	1	14	13	28	24	10	13	12	1114	15	12	13
MAR20	1	14	13	29	22	10	11	12	1314	15	9	12
MAR21	1	14	13	29	23	10	11	12	1316	14	9	10
MAR22	1	14	13	29	23	10	13	13	1114	15	12	11
MAR23	1	14	13	29	23	11	12	13	1112	14	12	12
MAR24	1	14	13	29	23	11	13	13	1114	14	12	11
MAR25	1	14	13	29	23	11	13	13	1114	14	12	12
MAR26	1	14	13	29	23	13	13	13	1114	15	12	13
MAR27	1	14	13	29	24	10	11	12	1316	14	9	10
MAR28	1	14	13	29	24	10	13	13	1114	14	12	11
MAR29	3	14	13	29	24	10	13	13	1114	15	12	12



Tabla 2 (Continuación)

Haplo- tipo	n	DYS 19	DYS 389I	DYS 389II	DYS 390	DYS 391	DYS 392	DYS 393	DYS 385ab	DYS 437	DYS 438	DYS 439
Maracaibo (n:111), DH: 0,9969 +/- 0,0019												
MAR30	1	14	13	29	24	11	12	13	1114	14	12	12
MAR31	1	14	13	29	24	11	13	12	1114	14	12	12
MAR32	1	14	13	29	24	11	13	13	1014	14	12	12
MAR33	2	14	13	29	24	11	13	13	1114	14	12	11
MAR34	1	14	13	29	24	11	13	13	1114	14	12	12
MAR35	1	14	13	29	24	11	13	13	1014	15	12	11
MAR36	1	14	13	29	24	11	13	13	1113	15	12	13
MAR37	2	14	13	29	24	11	13	13	1114	15	12	12
MAR38	1	14	13	29	24	11	13	13	1114	15	12	13
MAR39	1	14	13	29	24	11	13	13	1114	15	13	12
MAR40	1	14	13	29	24	11	13	13	1114	16	12	12
MAR41	1	14	13	29	24	11	13	14	1111	15	12	12
MAR42	1	14	13	29	24	11	13	14	1114	15	12	12
MAR43	1	14	13	29	25	11	13	13	1015	15	12	12
MAR44	1	14	13	29	25	11	13	13	1114	14	12	12
MAR45	1	14	13	29	25	11	14	13	1112	15	12	12
MAR46	1	14	13	29	26	10	11	12	1313	15	9	11
MAR47	1	14	13	30	23	10	11	12	1318	14	10	11
MAR48	1	14	13	30	23	11	13	13	1114	15	12	14
MAR49	1	14	13	30	23	12	11	12	1318	14	10	11
MAR50	1	14	13	30	24	10	13	13	1014	15	12	12
MAR51	1	14	13	30	24	10	13	13	1115	15	12	12
MAR52	1	14	13	30	24	10	15	13	1415	14	11	12
MAR53	3	14	13	30	24	11	11	12	1316	14	10	13
MAR54	2	14	13	30	24	11	13	13	1114	15	12	12
MAR55	1	14	13	30	24	11	13	13	1115	15	12	12
MAR56	1	14	13	30	24	11	14	13	1214	16	12	11
MAR57	1	14	13	31	23	10	11	12	1218	14	10	11
MAR58	1	14	13	31	24	11	11	12	1215	16	10	11
MAR59	1	14	13	32	24	10	14	14	1616	14	11	13
MAR60	1	14	14	30	22	11	13	13	1114	14	12	11

Tabla 2 (Continuación)

Haplo-tipo	n	DYS 19	DYS 389I	DYS 389II	DYS 390	DYS 391	DYS 392	DYS 393	DYS 385ab	DYS 437	DYS 438	DYS 439
Maracaibo (n:111), DH: 0,9969 +/- 0,0019												
MAR61	1	14	14	30	23	11	13	13	1114	15	12	12
MAR62	4	14	14	30	24	11	13	13	1114	14	12	11
MAR63	1	14	14	30	24	11	13	13	1115	14	12	12
MAR64	1	14	14	30	24	10	13	13	1114	15	12	11
MAR65	1	14	14	30	24	10	13	13	1114	15	12	12
MAR66	1	14	14	30	24	11	13	12	1114	15	12	12
MAR67	1	14	14	30	24	11	13	13	1114	14	10	12
MAR68	1	14	14	30	24	11	13	13	1114	15	12	11
MAR69	1	14	14	30	24	11	13	13	1114	16	12	11
MAR70	1	14	14	30	25	10	13	12	1114	15	12	12
MAR71	1	14	14	31	23	9	11	13	1114	14	10	10
MAR72	1	14	14	31	23	10	11	13	1518	14	10	12
MAR73	1	14	14	31	24	10	13	13	1114	15	12	14
MAR74	1	14	15	31	24	10	13	13	1114	14	12	12
MAR75	1	15	12	27	24	10	14	13	1316	14	9	11
MAR76	1	15	12	28	22	10	10	12	1616	15	11	13
MAR77	1	15	12	28	22	10	11	13	1314	16	10	11
MAR78	1	15	12	28	22	11	11	13	1414	15	9	11
MAR79	1	15	12	28	23	9	13	13	1214	15	12	11
MAR80	1	15	12	29	22	11	11	13	1414	15	9	11
MAR81	1	15	12	30	21	10	11	13	1718	14	11	11
MAR82	1	15	13	28	23	11	11	12	1214	15	9	11
MAR83	1	15	13	29	23	10	11	12	1420	15	9	11
MAR84	1	15	13	29	23	10	11	12	1519	14	9	12
MAR85	1	15	13	29	23	10	12	14	1616	14	10	11
MAR86	1	15	13	29	23	12	13	13	1114	15	13	13
MAR87	2	15	13	29	24	11	13	14	1115	14	12	12
MAR88	1	15	13	30	21	10	11	15	1617	13	11	11
MAR89	1	15	13	30	23	11	11	12	1315	14	9	11
MAR90	1	15	13	30	23	11	13	13	1114	15	12	12
MAR91	1	15	13	30	24	10	13	13	1114	15	12	11

Tabla 2 (Continuación)

Haplo- tipo	n	DYS 19	DYS 389I	DYS 389II	DYS 390	DYS 391	DYS 392	DYS 393	DYS 385ab	DYS 437	DYS 438	DYS 439
Maracaibo (n:111), DH: 0,9969 +/- 0,0019												
MAR92	1	15	13	31	23	11	13	13	1516	13	9	12
MAR93	1	15	13	32	21	10	11	13	1517	14	11	12
MAR94	1	15	14	30	24	11	13	13	1115	15	12	12
MAR95	1	15	14	30	24	12	13	13	1114	15	12	12
MAR96	1	16	13	31	24	11	11	13	1415	15	10	13
MAR97	1	17	13	28	23	10	11	10	1213	15	10	11
ISLA DE TOAS (N: 67), DH: 0,9670 +/- 0,0090												
IDT1	3	13	12	29	21	10	15	14	1416	14	12	11
IDT2	1	13	12	29	21	10	15	15	1416	14	12	11
IDT3	2	13	12	30	24	10	11	14	1518	15	10	11
IDT4	1	13	13	29	24	11	13	13	1114	15	12	12
IDT5	3	13	13	30	24	10	11	13	1618	14	10	12
IDT6	1	13	14	30	23	10	13	13	1317	14	10	12
IDT7	1	13	14	31	24	10	11	13	1518	14	10	12
IDT8	1	13	14	32	23	10	13	14	1318	14	10	12
IDT9	1	14	12	28	24	11	13	13	1114	15	12	11
ITD10	2	14	12	29	22	11	11	13	1317	16	10	11
ITD11	1	14	12	29	23	11	13	13	1114	15	12	12
ITD12	1	14	13	29	23	11	13	13	1214	14	12	12
ITD13	6	14	13	29	24	11	13	13	1114	15	12	12
ITD14	1	14	13	29	24	11	14	13	1114	15	12	12
ITD15	1	14	13	30	22	9	11	14	1313	14	10	11
ITD16	1	14	13	30	24	11	11	12	1316	14	10	13
ITD17	1	14	13	30	25	10	11	12	1313	15	9	11
ITD18	1	14	13	30	25	12	14	13	1116	15	12	12
ITD19	6	14	13	31	22	10	11	12	1318	14	10	11
ITD20	3	14	13	31	24	11	13	13	1115	14	12	11
ITD21	2	14	14	29	24	11	13	13	1114	15	12	13
ITD22	1	14	14	30	22	10	11	12	1314	15	9	11
ITD23	1	14	14	30	24	10	13	13	1113	15	12	13
ITD24	1	14	14	30	24	11	13	13	1215	14	12	12

Tabla 2 (Continuación)

Haplo-tipo	n	DYS 19	DYS 389I	DYS 389II	DYS 390	DYS 391	DYS 392	DYS 393	DYS 385ab	DYS 437	DYS 438	DYS 439
ISLA DE TOAS (N: 67), DH: 0,9670 +/- 0,0090												
ITD25	1	14	14	30	24	11	14	13	1114	14	12	12
ITD26	7	14	14	31	24	10	13	13	1113	15	12	13
ITD27	2	15	12	28	22	9	11	13	1314	16	10	11
ITD28	3	15	12	29	23	9	11	12	1416	14	9	12
ITD29	1	15	12	32	22	10	11	14	1418	16	10	12
ITD30	1	15	13	31	21	11	11	13	1618	14	12	11
ITD31	3	15	14	30	25	10	13	13	1114	14	12	12
ITD32	1	16	12	29	21	10	11	12	1114	14	11	12
ITD33	1	17	12	29	21	10	11	15	1720	13	11	13
ITD34	1	17	12	29	22	9	11	13	1414	16	10	11
ITD35	3	17	13	28	23	10	13	13	1212	14	10	12
WAYUU (N:48), DH: 0,9840 +/- 0,0086												
WAY1	1	13	13	29	23	10	13	14	1316	14	10	12
WAY2	1	13	13	27	23	10	13	13	1315	14	9	12
WAY3	2	13	13	29	23	10	14	13	1617	14	11	12
WAY4	1	13	13	30	23	10	13	14	1317	14	10	12
WAY5	1	13	13	30	23	10	13	15	1317	14	10	12
WAY6	1	13	13	30	23	10	14	14	1417	14	11	13
WAY7	1	13	13	30	23	10	14	14	1517	14	11	12
WAY8	1	13	13	30	23	10	15	13	1416	14	11	13
WAY9	1	13	13	30	23	10	15	13	1518	14	11	12
WAY10	1	13	13	30	24	10	13	13	1414	14	11	11
WAY11	1	13	13	30	24	10	15	13	1717	14	11	12
WAY12	1	13	13	30	25	10	14	13	1516	14	11	12
WAY13	1	13	13	31	24	10	11	13	1717	14	10	11
WAY14	1	13	13	31	24	10	14	13	1414	14	11	11
WAY15	2	13	13	31	25	10	12	13	1317	14	10	12
WAY16	2	13	14	30	23	10	13	14	1317	14	10	11
WAY17	1	13	14	31	23	10	12	14	1217	14	10	12
WAY18	1	13	14	31	23	10	13	14	1317	14	10	11
WAY19	2	13	14	31	23	10	13	14	1317	14	10	12

Tabla 2 (Continuación)

Haplo- tipo	n	DYS 19	DYS 389I	DYS 389II	DYS 390	DYS 391	DYS 392	DYS 393	DYS 385ab	DYS 437	DYS 438	DYS 439
WAYUU (N:48), DH: 0,9840 +/- 0,0086												
WAY20	1	13	14	31	23	10	13	14	1318	14	10	12
WAY21	1	13	14	31	23	10	14	14	1218	14	10	12
WAY22	1	13	14	31	23	11	13	14	1317	14	10	12
WAY23	1	14	12	28	22	10	11	13	1414	16	10	11
WAY24	2	14	12	28	23	10	11	12	1318	15	9	11
WAY25	1	14	12	28	24	11	13	13	1214	15	12	11
WAY26	1	14	13	29	24	11	13	12	1114	15	11	12
WAY27	1	14	13	29	24	11	13	13	1014	14	12	12
WAY28	1	14	13	30	22	9	11	14	1313	14	10	11
WAY29	1	14	13	30	23	10	11	13	1114	14	12	12
WAY30	4	14	13	30	24	11	13	13	1114	15	12	12
WAY31	1	14	13	31	21	10	11	13	1616	14	11	12
WAY32	2	14	14	32	23	10	13	14	1317	14	10	12
WAY33	1	14	14	32	24	10	14	13	1616	14	11	13
WAY34	1	15	12	27	24	10	14	13	1316	14	9	11
WAY35	4	15	13	29	23	10	11	12	1520	14	9	11
WAY36	1	15	13	29	24	11	14	13	1114	15	12	11
San José de Heras (n:38), DH: 0,9829 +/- 0,0137												
SJH1	1	13	12	30	25	10	11	14	1518	15	10	11
SJH2	1	13	13	29	25	10	15	13	1416	14	11	12
SJH3	2	14	12	28	24	10	13	13	1114	15	12	12
SJH4	1	14	12	29	22	10	11	13	1415	17	10	12
SJH5	1	14	13	29	23	11	13	13	1115	15	12	13
SJH6	1	14	13	29	25	11	13	13	1214	16	12	12
SJH7	1	14	14	31	21	11	11	13	1517	14	11	12
SJH8	1	14	14	31	24	11	13	13	1114	15	12	12
SJH9	1	15	12	26	24	11	13	13	1214	15	12	10
SHJ10	1	15	14	30	24	12	11	13	1113	14	11	12
SJH11	1	15	14	30	24	12	13	13	1113	14	12	12
SJH12	1	15	12	29	21	10	11	14	1315	16	10	11
SJH13	1	15	12	29	22	12	11	13	1414	15	9	10

Tabla 2 (Continuación)

Haplo- tipo	n	DYS 19	DYS 389I	DYS 389II	DYS 390	DYS 391	DYS 392	DYS 393	DYS 385ab	DYS 437	DYS 438	DYS 439
San José de Heras (n:38), DH: 0,9829 +/- 0,0137												
SJH14	2	15	12	30	21	10	11	14	1515	14	11	12
SJH15	1	15	13	29	23	11	13	13	1114	15	12	12
SJH16	1	15	13	30	21	10	11	15	1617	13	11	12
SJH17	1	15	13	30	21	10	11	15	1617	13	12	11
SJH18	1	15	13	31	21	10	12	13	1516	14	11	13
SJH19	1	15	14	31	21	10	11	13	1516	14	11	12
SJH20	1	16	12	29	23	9	11	12	1416	14	9	11
SJH21	1	16	12	29	21	10	11	12	1114	14	11	12
SJH22	1	16	12	31	22	10	12	12	1315	17	10	11
SJH23	1	16	13	28	21	10	11	15	1618	14	11	11
SJH24	1	16	13	29	21	10	11	15	1719	14	11	11
SJH25	1	16	13	29	24	11	13	13	1115	15	12	12
SJH26	1	16	13	29	21	10	11	12	1515	14	11	12
SJH27	1	16	13	30	21	10	11	13	1517	14	11	13
SJH28	1	16	13	32	22	10	12	12	1315	17	10	11
SJH29	1	16	13	32	23	11	11	13	1112	14	10	13
SJH30	5	16	13	32	23	12	11	13	1112	14	10	13
SJH31	1	16	13	32	23	12	11	15	1213	14	10	13
SJH32	1	16	13	32	24	12	11	13	1112	14	12	13
Bari (n:16), DH: 0,5167 +/- 0,1324												
BAR1	1	13	12	29	24	10	14	12	1416	14	11	12
BAR2	11	13	13	32	24	10	14	14	1416	14	11	12
BAR3	3	13	14	33	24	10	13	14	1319	14	11	13
BAR4	1	13	14	34	24	10	13	14	1319	14	11	13
YUKPA (N:12), DH: 0,3182 +/- 0,1637												
YUK1	10	13	13	31	24	10	15	14	1317	14	11	12
YUK2	1	14	13	29	24	10	14	13	1314	14	11	11
YUK3	1	14	13	29	24	10	14	13	1314	14	11	12
Total	292											

DH: Valor de Diversidad Haplotípica.

F.I. Base de datos del autor.

Tabla 3  
Valores de Distancia Genética, Rst

	MAR	IDT	WAY	SJH	BAR
IDT	0,01770				
WAY	0,09966	0.06730			
SJH	0,09836	0.05906	0.09213		
BAR	0,47306	0.41396	0.31508	0,040959	
YUK	0,45659	0.39609	0.28547	0,41173	0,64401

MAR: Maracaibo. IDT: Isla de Toas. WAY: Wayúu. SJH: San José de Heras. BAR: Barí. YUK: Yukpa.  
F.I. Base de datos del autor.

te amerindio. En la muestra IDT, la contribución mayoritaria fue la europea con 90,32%, seguida por un 7,52% de componente amerindio y 2,16%, de contribución africana. En WAY, la mayor contribución fue la amerindia con 76.52% y el resto, europeo. SJH presentó un componente africano menor de lo esperado, 54,93%, seguido de una contribución europea de 42,27% y una minoritaria contribución amerindia de 2,80%. Finalmente, los grupos indígenas BAR y YUK sólo mostraron componente amerindio.

Las poblaciones zulianas contemporáneas son el resultado de los eventos demográficos ocurridos a través del tiempo y pueden ser consideradas producto de la mezcla de europeos, africanos y amerindios locales, sin embargo, la magnitud de la contribución de cada uno de estos componentes no fue homogénea y varía considerablemente de acuerdo a la zona que se considere dentro de su geografía (23, 24).

Desde su arribo a las tierras zulianas en el siglo XV, los europeos se enfrentaron repetidamente a las comunidades indígenas quienes se resistían a la invasión colonizadora y a la pérdida de sus tierras ancestrales hasta entrado el siglo XVIII, ocasionándoles graves consecuencias a su vida como nativos y reduciendo dramáticamente su tamaño poblacional (25). Asimismo, el establecimiento del mestizaje fue una realidad a través de uniones formales y no formales con hombres europeos. El primer registro for-

mal de uniones indígenas-europeas, fue el ocurrido entre el expedicionario Alonso de Ojeda y una indígena de la región lacustre, en su segundo viaje a estas tierras en 1502 (26), persistiendo esta conducta en muchos otros conquistadores. Los Barí y los Yukpa, que dominaban extensas áreas del territorio zuliano, con el paso del tiempo, se vieron obligados a limitar su hábitat a zonas de difícil acceso en la Sierra de Perijá (27), lo cual favoreció el mantenimiento de la endogamia prolongada, la reducción de su diversidad genética y la presencia de haplotipos del cromosoma Y exclusivos, no presentes en los otros grupos zulianos analizados en este trabajo y la exclusiva presencia del componente amerindio en estos dos grupos.

Los Wayúu, nómadas por excelencia, eran aguerridos y por mucho más tiempo, hasta comienzos del siglo XVII, se resistieron al exterminio de los conquistadores, haciendo casi imposible la entrada de extranjeros a sus tierras (28, 29). Posteriormente, la acción evangelizadora de los misioneros y la creación de varias fundaciones al noroeste del estado, contribuyeron a su pacificación y al inicio de un proceso de aculturación entre este grupo y los blancos así como el establecimiento del mestizaje (28), reflejado en la presencia del componente europeo en su constitución genética.

Por otro lado, la llegada de esclavos africanos data del siglo XVI para realizar trabajos de agricultura y ganadería, en su ma-

yoría fueron destinados a regiones del sur del estado (30-32), como es el caso de San José de Heras y la zona de Gibraltar. Esta comunidad afrodescendiente, para marcadores biparentales presenta un componente africano por encima del 95% (24), sin embargo, para los marcadores del cromosoma Y estudiados aquí, el componente europeo es cuantitativamente importante (42,27%), que junto con el africano y amerindio determina su gran diversidad genética. La presencia de haplotipos europeos en esta zona podría explicarse como consecuencia de las uniones de europeos con mujeres de la costa occidental africana cuyos descendientes varones fueron traídos como esclavos a América, incluyendo al estado Zulia (32), como ha sido sugerido de similar manera para una comunidad afrodescendiente de Uruguay (33, 34).

Los grupos de Maracaibo e Isla de Toas, dada su posición geográfica privilegiada, hacia las costas del norte del estado Zulia y abierta al comercio, favorecía el flujo de inmigrantes y esto explicaría su afinidad con respecto al genoma del cromosoma Y con poblaciones de origen europeo, evidenciada en los resultados con fuerte componente europeo, 86,25% y 90,32% respectivamente y datos reportados con marcadores autosómicos (23, 24), sin embargo, para Maracaibo la contribución del componente amerindio, a través del análisis de haplogrupos mitocondriales, asciende al 62,3% (35), reflejando de nuevo patrones de unión entre hombres europeos y mujeres indígenas. El origen predominante europeo de los cromosomas Y ha sido también observado en otras poblaciones latinoamericanas con procesos de conquista y colonización similar (19). La similitud entre Maracaibo e Isla de Toas también se ve favorecida por su cercanía geográfica y por el flujo migratorio constante entre ambas localidades. El componente africano en Isla de Toas no es fenotípicamente aparente pero ha sido corroborado con marcadores biparentales (24).

El dendograma (figura 2) muestra que las poblaciones zulianas se agrupan apo-

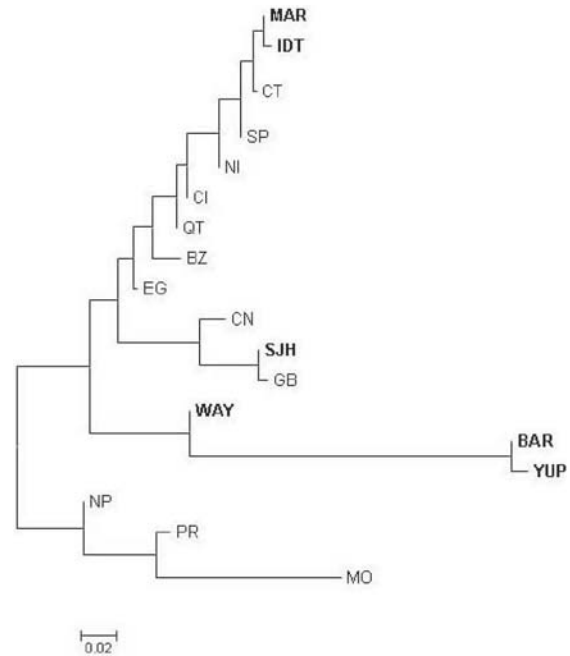


Figura 2. Dendograma construido a partir de la matriz de Distancia Genética Slatkin y algoritmo de Neighbor-joining, considerando haplotipos de los 11 STRs caracterizados. MAR: Maracaibo, IDT: Isla de Toas, WAY: Wayúu, SJH: San José de Heras, BAR: Barí, YUK: Yukpa, CT: Cartagena, Colombia (38), SP: España (9), NI: Norte de Italia (36), CI: Centro y Sur de Italia (37), QT: Quito, Ecuador (13), BZ: Brasil (33), EG: Guinea Ecuatorial (14), CN: Cantabria (10), GB: Guinea Bissau (11), NP: Norte de Portugal (10) PR: Perú (15), MO: Mozambique (10). Las poblaciones zulianas analizadas se destacan en negrillas.

yando los datos de esta investigación y con documentación histórica disponible. Maracaibo e Isla de Toas se agruparon con poblaciones europeas (9, 10, 36, 37) y otras latinoamericanas con importante mestizaje europeo (13, 15, 33, 38), mientras que San José de Heras aparece agrupada junto a Guinea Bissau de África (10, 11) y los grupos indígenas zulianos se agruparon en una



rama aparte con los Barí y Yukpa, bien diferenciados con respecto a los Wayúu.

Estos resultados, muestran la gran utilidad para establecer marcadas diferencias genéticas entre grupos que cohabitan dentro de una misma área geográfica a la par que proveen información que apoya su evolución demográfica, destacando la importancia de disponer bases de datos locales para fines de Genética Forense y Antropología Molecular.

### Agradecimiento

Este estudio recibió financiamiento a través del CONDES-Universidad del Zulia, proyecto # CC-457-01 y FONACIT, # G-99000035.

### Referencias bibliográficas

1. KAYSER M., CAGLIA A., CORACH D., FRETWELL N., GEHRIG C., GRAZIOSI G., HEIDORN F., HERRMANN S., HERZOG B., HIDDING M., HONDA K., JOBLING M., KRAWEZAK M., LEIM K., MEUSER S., MEYER E., OESTERREICH W., PANDYA A., PARSON W., PENACINO G., PEREZ-LEZAUN A., PICCININI A., PRINZ M., SCHMITT C., SCHNEIDER P.M., SZIBOR R., TEIFEL-GREDING J., WEICHOLD G., DE KNIJFF P., ROEWER L. *Int J Legal Med* 110:125-133. 1997.
2. JOBLING M.A., PANDYA A., TYLER-SMITH C. *Int J Legal Med* 110: 118-124. 1997.
3. ROEWER L., ARMEMANN J., SPURR N., GRRZESCHIK K., EPPLER J. *Hum Genet.* 89:389-394. 1992.
4. AUSUBEL F.M., BRENT R., KINGSTON R., MOORE D., SEIDMAN J., SMITH J., STRUHL K. Preparation of genomic DNA. Phenol extraction and concentration DNA from aqueous solutions. In: Short Protocols in Molecular Biology. **A compendium of methods from current protocols in molecular biology.** Ed. Reene Publishing associates and Willey Interscience. 1989.
5. MILLER S., DIKES D., POLESKY H. *Nucl Acid Res* 16(3):1.215. 1988.
6. GUSMAO L., BUTLER M., CARRACEDO A., GILL P., KAYSER M., MAYR W.R., MORLING N., PRINZ M., ROEWER L., TYLER-SMITH C., SCHNEIDER P.M. *Forensic Sci Int.* 157: 187-197. 2006
7. Manual Arlequin version 2.000. A software for population genetics data analysis. Disponible en: <http://antrho.uniqe.ch/arlequin>. Recuperado en Julio 2002.
8. CHAKRAVORTY R. *Am J of Physical Anthropology.* 42:507-512. 1985.
9. MARTÍN P, GARCÍA-HIRSCHFELD J, GARCÍA O, GUSMÃO L, GARCÍA P. *Forensic Sci Int* 139:231-235. 2004.
10. ALVES C., GUSMÃO L., BARBOSA L., AMORIM A. *Forensic Sci Int.* 134:126-133. 2003.
11. ROSA, C., ORNELAS A., BREHMR, VILLEMS. *Forensic Sci Int* 157: 210-217. 2006.
12. BORTOLINI M.C., SALZANO F.M., THOMAS M.G., STUART S., NASANEM S., BAU C., HUTZ M., LAYRISSE Z., PETZL M.L., TSUNETO L., HILL K., HURTADO A.M., CASTRO-GUERRA D., TORRES M., GROOT H., MICHALSKI R., NYMADAWA P., BEDOYA G., BRADMAN N., LABUDA D., RUIZ LINARES A. *Am J. Hum Genet* 73:524-539. 2003.
13. BAEZA C., GUZMÁN R., TIRADO M., LÓPEZ-PARRA A.M., RODRÍGUEZ T., MESA M.S., FERNÁNDEZ E., ARROYO-PARDO E. *Forensic Sci Int* 20:173(2-3):214-9.2007.
14. ARROYO-PARDO E., GUSMÃO L., LÓPEZ-PARRA A., BAEZA C., MESA M., AMORIM A. *Forensic Sci Int* 149:109-113. 2005.
15. IANNAcone G.C., TITO R.Y., LOPEZ P.W., MEDINA M.E., LIZARRAGA B. *J Forensic Sci* 50.(1):1-4.2005
16. KUMAR S., TAMURA K., NEI M. *Briefings in Bioinformatics* 5:150-163. 2004.
17. BORTOLINI M.C., SALZANO F.M., BAU C., LAYRISSE Z., PETZL-ERLER M., TSUNETO

- L., HILL K., HURTADO A., CASTRO DE GUERRA D., BEDOYA G., RUIZ-LINARES A. *Am J Hum Genet* 66:255-259. 2002.
18. PARDO-GOVEA T., BORJAS L., ZABALA W., SÁNCHEZ M.A., PORTILLO M.G., ARANGUREN A. *Ciencia* 15 (3). 2007.
  19. CASTRO DE GUERRA D., ARROYO E., SALZANO F.M., BORTOLINI M.C. *Inter-ciencia* 28(4):197-201. 2003.
  20. BORJAS L., PINEDA BERNAL L., CHIURILLO M.A., TOVAR F., ZABALA W., LANDER N., RAMIREZ J.L. *Legal Medicine* 10: 107-112. 2008.
  21. CASTRO DE GUERRA D., ARROYO E., SÁNCHEZ F., RODRÍGUEZ J., DÉNIZ M.C., ZAMBRANO O., SALZANO F.M., BORTOLINI M.C. *Rev Esp Antrop Biol* 22:51-59. 2001.
  22. JORDE L.B., WATKINS W.S., BAMSHAD M.J., DIXON M.E., RICKER C.E., SEIELSTAD M.T., BATZER M.A. *Am J Hum Genet* 66:979-988. 2000.
  23. PINEDA BERNAL L., CASTRO-GUERRA D., VILLASMIL M.G., BORJAS-FAJARDO L. *Am J Hum Biol* 12: 616-622. 2002.
  24. ZABALA FERNÁNDEZ W., BORJAS-FAJARDO L., FERNÁNDEZ E., CASTILLO C., SOCCA L., PORTILLO M.G. *Am J Hum Biol* 17:1-9. 2005.
  25. SETIEN A., BENTIVENGA C., LAVANDERO J., GUTIERREZ M., BORTOLI G. *Etnias Indígenas Venezolanas. Semilla Primigenia de nuestra raza*. Editorial San Pablo. (Caracas) p207. 1996.
  26. GÓMEZ ESPINOZA A. *Historia fundamental del Zulia. Tomo I. Génesis zuliana*. Editorial Juan Baissari, (Maracaibo, Venezuela), 157-159.1984.
  27. ZAMBRANO O. Haplogrupos de herencia matrilineal en indígenas de filiación lingüística Caribe y Chibcha de la región noroccidental de Venezuela. Para Obtener el título de Doctora en Genética. Instituto Venezolano de Investigaciones Científicas, Caracas (Venezuela) 168 pp 2003.
  28. SEMPRÚM C. *La cultura Wayuu en extinción*. Consejo Nacional de la Cultura, Colombia. pp 200. 1993.
  29. URDANETA A., PARRA I., CARDOZO G. Los orígenes de Maracaibo y el dominio del Lago: diversidad social y mestizaje. *Procesos históricos: revista de historia, arte y ciencias sociales* N°. 10.2006.
  30. ARRIETA O. *Datos para la historia del Zulia, desde su aborigen hasta la Batalla Naval*. Gobernación del estado Zulia. Secretaría de Educación. Maracaibo, pp 130. 1992.
  31. MARTÍNEZ SUÁREZ J.D.D. *Antecedentes y orígenes de chimbangueles*. Segunda edición. Colección Temas Afrovenezolanos N° 1. Maracaibo, Venezuela. Juan de Dios Martínez, pp 121.1985.
  32. MARTÍNEZ SUÁREZ J.D.D. *Presencia africana en el sur del Lago de Maracaibo (Zulia, Mérida y Trujillo)*. Colección de Temas Afrovenezolanos N° 3. Maracaibo, Venezuela. 1985.
  33. PEREIRA L., GUSMAO L., ALVES C., AMORIN A., PRATA J. *Ann Hum Genet* 66,369-378. 2002.
  34. BRAVI C., SANS M., BAILLIET G., MARTÍNEZ V., PORTAS M., BARRETO I., BONILLA C., BIANCHI N. *Hum Biol* 69(5):641-652.1997.
  35. PORTILLO M.G., PINEDA L., BORJAS L., ZABALA W., SÁNCHEZ M.A., FERNÁNDEZ E. *I Congreso Latinoamericano de Genética Humana y IX Congreso Colombiano de Genética*. 80-81. Cartagena de Indias (Colombia) 2008.
  36. TURRINA S., ATZEI R., DE LEO D. *Int J Leg Med* 120: 56-59. 2006.
  37. RAPONE C., GERACIA, CAPELLI C., DE MEO A., D'ERRICO G., BARNI F., BERTI A., LAGO G. *Forensic Sci Int* 172(1):67-71. 2007.
  38. BUILES J.J., MARTÍNEZ B., GÓMEZ A., CARABALLO L., ESPINAL C., AGUIRRE D., MONTOYA A., MORENO M., AMORIM A., GUSMÃO L., BRAVO M.L. *Forensic Sci Int* 167(1):62-9. 2007.