

ANTROPOGENETICA DE LOS GRUPOS SANGUINEOS EN LATINOAMERICA

Marcos Palatnik*

LAS POBLACIONES DE AMERICA

No existe región del mundo que abrigue una diversidad de pueblos tan grande como América. Después del año 1500 cualquier grado de mezcla entre caucosoides, mongoloides y negroides se produjo en este continente (Wagley, 1971).

Según diversos tratadistas el hombre ingresó en el continente americano hace 10.000 a 25.000 años, probablemente, procedente de Siberia y atravesando el Estrecho de Behring, el que durante el invierno puede ser atravesado a pie y es fácilmente navegable el resto del año.

El pueblo que ingresó era de origen mongoloide, aunque es posible que algunos grupos fuesen no-mongoloides, porque se sabe que muchos indios, antes de mezclarse con el blanco, ya poseían caracteres caucosoides. Hubo probablemente diversas ondas migratorias, algunas de las cuales llegaron hasta Tierra del Fuego (Montagu, 1977).

Hacia 1500, los indios ya se habían adaptado a ambientes tan diferentes como el subártico del Canadá, las alturas de los Andes, los trópicos húmedos y bajos del Amazonas y la pampa templada de Sudamérica. En este proceso de adaptación al medio debe haber jugado un papel importante la selección natural.

* Centro de Referencia de Grupos Sanguíneos,
Servicio de Hemoterapia,
Hospital Universitario "Clementino Fraga Filho",
Universidad Federal de Río de Janeiro, Brasil -reimpresión-

Los europeos que colonizaron las Américas procedían de diversas regiones y eran étnicamente heterogéneos. Los africanos vinieron como esclavos procedentes principalmente de África occidental, pero había contingentes del este de África y Madagascar (Wagley, 1971).

América constituyóse, entonces, en un enorme escenario para el desarrollo del proceso de pasaje de genes de una población a otra, proceso de difusión lento -denominado flujo génico- que acompañó a otro fenómeno proveniente del contacto: la aculturación.

La aculturación comprende aquellos acontecimientos que resultan del contacto permanente y directo entre grupos de individuos de diferentes culturas, con los cambios consiguientes en las pautas culturales originales, principalmente del grupo minoritario. Sin embargo, el fenómeno es más bidireccional en la mayoría de las situaciones y esa reciprocidad permite usar un término más preciso: transculturación (Beals, 1965).

Aquellos grupos que se aislaron por motivos geográficos, culturales u otros, estuvieron más sujetos a variaciones accidentales de las frecuencias génicas, generalmente dramáticas o catastróficas, o sea mecanismos de deriva génica. El mismo tipo de fenómeno sucedió durante la formación de comunidades a partir de un número reducido de progenitores, principio del fundador.

La evolución cultural también afecta la evolución biológica del hombre. Así, la reducción en la mortalidad por medidas sanitarias disminuyó el efecto aparente de la selección natural a través de la mortalidad diferencial. Grandes cambios en la fecundidad de las poblaciones fueron inducidos por la evolución cultural (Cavalli-Sforza y Bodmer, 1971).

ANÁLISIS DE LA DISTRIBUCIÓN DE DIVERSOS SISTEMAS DE GRUPOS SANGÜINEOS EN INDÍGENAS AMERICANOS

En Méjico se describen los indios "puros" y los híbridos. Como en el resto del continente, los mejicanos no poseen una estructura homogénea. Las diferencias intertribales son difíciles de explicar y no existe correlación entre grupos sanguíneos, lenguas aborígenes y localización geográfica. Los híbridos, tanto en la costa occidental como en la oriental, presentan mezcla africana y estos datos están corroborados por la historia y la antropología.

Es muy interesante la observación, por el momento inexplicable, de que la frecuencia del gen Di a (Diego) es más alta en algunos híbridos que en los indios "puros" (Lisker, 1971).

Los grupos sanguíneos más comunes en indígenas sudamericanos son: O, DCcEe(R1R2), Pl, Le(a-), Fy(a+), Jk(a+), K(-), Ms, MSs o MNs y Se (Secretor). Si bien las frecuencias génicas de Di a son bimodales (es decir, existen aparentemente dos tipos de poblaciones), es poco probable que estén indicando oleadas migratorias diferentes (Callegari-Jacques, 1985).

Obsérvanse gradientes (variación continua y gradual) influenciados por la latitud en las frecuencias génicas de Le, R 2 y MS, que aumentan de norte a sur, y de R1 y Jk a, que tienden a disminuir en el mismo sentido (Callegari-Jacques, 1985).

Gradientes dependientes de la longitud también fueron observados. Así las frecuencias de Ms aumentan

de este a oeste y probablemente reflejan movimientos migratorios (Callegari-Jacques, 1985).

Se describe asimismo una asociación estadísticamente significativa entre tipos de clima y frecuencias de Le y NS, así como tipos de vegetación y frecuencias de R z y R1. La variación de la temperatura está asociada con las frecuencias de Le, R1 y Fy a (Callegari-Jacques, 1985).

Los grupos sanguíneos A o B fueron observados en el 45% de los grupos indígenas estudiados para ABO (Callegari-Jacques, 1985). Por otra parte, en momias pre-colombinas también se observó la presencia de antígenos A y B en Colombia, Perú y Argentina (Carnese y Palatnik, 1972). Estos datos sugieren que la teoría de que fueron introducidos por mezclas con no-indios puede ser verdad para las poblaciones del área tropical, pero no para todo el continente, como ya había sido sugerido por Salzano (Callegari-Jacques, 1985).

POBLACIONES ABORÍGENAS DE ARGENTINA

Las que fueron estudiadas para un número significativo de loci de grupos sanguíneos pertenecen a diversos grupos lingüísticos según la clasificación Loukotka (1968), como se ve en el esquema siguiente:

| Categoría | División | Tronco | Poblaciones |
|------------------------------|---------------|----------|--------------------------|
| Lenguas Paleo-americanas | Chaco | Guaicurú | Toba |
| | | Mataco | Mataco, Choroti, Chulupi |
| Lenguas de la selva tropical | Norte-Central | Tupi | Chiriguano |
| | | Arawak | Chane |

Mediante el método de Cavalli-Sforza y Edwards (1967) se estimaron las distancias genéticas para cada locus entre esas poblaciones (Palatnik, 1980), las

TABLA 1

**MATRIZ DE DISTANCIAS GENÉTICAS DE POBLACIONES
INDIGENAS ARGENTINAS**
(Palatnik, 1980)

| | Chulupi | Toba | Choroti | Chanés | Chiriguano | Mataco |
|------------|---------|-------|---------|--------|------------|--------|
| Toba | .4018 | | | | | |
| Choroti | .3550 | .3949 | | | | |
| Chanés | .2956 | .3816 | .3396 | | | |
| Chiriguano | .3004 | .3591 | .3861 | .1670 | | |
| Mataco | .3104 | .2774 | .3404 | .2930 | .2909 | |
| Calchaquí | .5597 | .5964 | .5756 | .4392 | .4183 | .4880 |

que se expresan en una matriz de distancias genéticas combinadas (que consideran el efecto global de varios loci: Dd, Cc, Ee, MN, Fy, Di y P) (Tabla 1).

Esta matriz de similitud, sin embargo, es insuficiente para dar una idea de las relaciones entre la totalidad de las unidades comparadas, llamadas OTU ("Operational Taxonomic Unit"), pues sólo expone similitud entre pares de poblaciones (Sneath y Sokal, 1973; Crisci, 1983).

A fin de permitir el reconocimiento de las relaciones entre la totalidad de las unidades comparadas, sintetizando la información de la matriz, se procede al análisis de agrupamiento ("cluster analysis") que comprende técnicas computacionales que forman progresivamente grupos de OTU asociadas por su grado de similitud.

La técnica que da las mejores estimativas para aborígenes argentinos es la del Ligamiento Promedio (UPGMA, Unweighted Pair-Group Method Using Arithmetic Averages"), resultando el dendograma de la Figura 1.

Puede observarse que las poblaciones más próximas entre sí desde el punto de vista genético son los chiriguano-CHANÉ, que constituyen un núcleo (par de OTU) y de la misma manera se comportan los toba-matacos, pero ambos núcleos están constituídos por pueblos de diferente origen lingüístico. Quiere decir que la similitud biológica no está explicada en una raíz común por afinidad lingüística.

Otras deben ser las explicaciones posibles para entender el dendograma.

Los chiriguano-CHANÉ constituyen un "complejo" dada su homogeneidad cultural debido al prolongado contacto entre ellos que se inició en el siglo XV y prosigue actualmente (Magrassi, 1968), a pesar de que sus orígenes territoriales y lenguas sean diferentes.

Los CHANÉ forman el grupo más meridional del tronco arawak -número grande de tribus de las cuencas del Orinoco y Amazonas- y deben haber partido probablemente de las Guayanas, en sucesivas oleadas, presionados por los caribe y llegando a regiones de los contrafuertes andinos, donde sufrieron influencia poderosa, inicialmente de los incas, después de los chiriguano y finalmente de los españoles.

Los chiriguano, tupí-guaraní, partiendo de Brasil y Paraguay, atravesaron el Chaco, guerrearon con el Imperio Incaico y luego hicieron esclavos a los CHANÉ y tomaron como esposas a las mujeres CHANÉ.

Obsérvese, entonces, que el núcleo chiriguano-CHANÉ, con una sociación fuerte (nivel de disimilaridad = 0,17) (Fig. 1), es coherente con los antecedentes históricos de ambas poblaciones. Más aún, a pesar de su filiación lingüística originariamente diferente, los actuales CHANÉ perdieron su idioma por el proceso de transculturación, siendo sustituido por el chiriguano (dialecto guaraní) (Magrassi, 1968). Debe señalarse, sin embargo, que ambos grupos se consi-

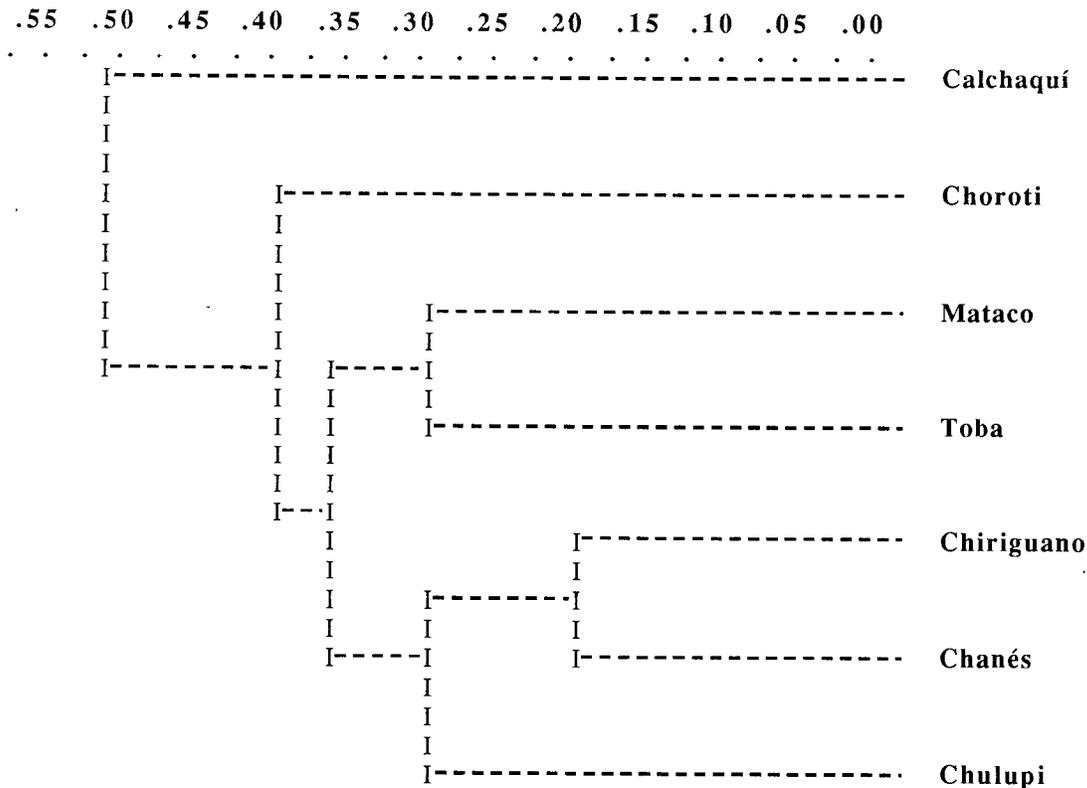


Fig. 1. Dendrograma de poblaciones indígenas argentinas. Análisis de agrupamiento por el método de UPGMA en base a las distancias genéticas computadas según el método de Cavalli-Sforza y Edwards (1967).

deran étnicamente diferentes y conservan un acentuado sentimiento de pertenencia a su respectiva comunidad.

Situaciones como la descripta no siempre se observan. así, grupos de la misma filiación lingüística, aunque separados por una gran distancia geográfica, pueden presentar similitud genética grande, por ejemplo, los baniwa y wapishana del trono arawak en Brasil (Salzano, 1986a).

Retomando el dendrograma, observamos que en el nivel de disimilaridad de 0,51 (Fig. 1) se separan los calchaquí de un grupo que incluye las restantes seis tribus examinadas. Podría sugerirse que los calchaquí se diferencian en alto grado por un aislamiento acentuado producido por el ambiente, acción de tribus hostiles u otros factores desconocidos.

En el grupo de las seis tribus se desprenden los choroti (nivel de 0,36) del conjunto constituido por: 1) los chulupi asociados en el nivel de 0,30 con el eje

chiriguano-chané y 2) el núcleo toba-mataco (nivel de 0,28).

Los chulupi constituyen un grupo pequeño en Argentina que vive integrado a poblados de predominio choroti (Tomasini, 1968), de modo que no es fácil encontrar explicación para su ubicación en el dendrograma.

Los mataco-choroti y chulupi -tronco mataco- ocupan la parte occidental del Chaco Argentino (oriente de Salta, occidente de Chaco y Formosa); los toba -tronco guaicurú- se distribuyen en la parte oriental del Chaco Argentino. Ambos grupos mantienen gran parte del patrimonio cultural que les es propio, lo que dificulta entender por qué toba-mataco constituyen un núcleo (Fig. 1).

Sin embargo, no podemos dejar de señalar que los toba, a partir del siglo XVII, adoptaron el caballo y se orientaron a un nomadismo predatorio ecuestre (Boucherie, 1968). Sus malones abarcaron desde Ju-

juj al Matto Grosso y el Paraguay. No es improbable el pasaje recíproco de genes entre los pueblos dominados y los toba.

HIBRIDACION BLANCO-NEGRA EN BRASIL

La miscegenación entre individuos de diferentes razas puede producir una alteración en la frecuencia de los genes en la población híbrida cuando se compara con las frecuencias de las poblaciones parentales.

Por causa del flujo los negroides brasileiros presentan una menor frecuencia del haplotipo Dce(R^o) del sistema Rh que los negroides africanos. Los nordestinos de Brasil que son una población tri-híbrida, blanco-negro-indio, muestran frecuencias génicas que difieren de las de las poblaciones que les dieron origen (Beiguelman, 1983).

Mientras la frecuencia de personas Rh negativo es superior al 15% en Europa y Norteamérica, tal frecuencia no llega al 13% en el sur de Brasil, es de 8% en negroides y de 9% en nordestinos. En los nissei -primera generación de descendientes de japoneses- el Rh(-) puede llegar a 2%, pero en Marilia, Estado de San Pablo, la frecuencia de ese grupo sanguíneo es de 0,3% (Beiguelman, 1983).

En una muestra de dadores de Río de Janeiro pueden observarse diferencias significativas, pero varios loci de grupos sanguíneos, de leucodermos, faiodermos y melanodermos, en relación con poblaciones europeas y africanas (Junqueira y colaboradores, 1948a, b).

Obsérvase en esa muestra la presencia del gen Aint en los tres grupos de color de la piel. La presencia del gen R^o es elevada en blancos (23%), manifestándose un gradiente en los tres estratos analizados. Está presente el alelo silencioso K^o en blancos. También se registra el alelo silencioso Jk en blancos y mulatos y la presencia del alelo silencioso Fy en alta frecuencia en blancos (24%) con un gradiente evidente aumentando de blancos para negros. El alelo silencioso Lu está presente en los tres grupos y el gen Su acompaña tanto al gen M como al N, en los tres segmentos examinados. Una submuestra estudiada para Diego, mostró la presencia del antígeno Dia en 1/76 blancos, 0/23 mulatos y 1/24 negros.

Se concluye que los tres grupos de color son heterogéneos y en base a la presencia de alelos silenciosos en varios loci se sugiere que las pruebas de exclusión

de paternidad deben ser interpretadas con sumo cuidado.

Estos datos muestran claramente el pasaje de genes entre los estratos clasificados por el color de la piel. Salzano (1986b) señala que en Porto Alegre las personas clasificadas como blanco tienen en media 8% de genes africanos y las estimativas mínima y máxima del grado de mezcla racial acumulada son respectivamente 4% y 11%. Valores próximos entre 3% y 19% fueron calculados para blancos de Curitiba. Por otra parte, en negros y mulatos de Río de Janeiro, San Pablo, Curitiba y Porto Alegre se observa que la mitad de su constitución genética es de origen blanco (Salzano, 1986b).

APELLIDOS COMO MARCADORES BIOLÓGICOS Y GRUPOS SANGUÍNEOS

Algunos investigadores de las poblaciones del nordeste brasileiro mejoraron la clasificación de los grupos de color de piel. Entre ellos, el Profesor Henrique Krieger, del Departamento de Genética de la Fundación del Instituto Oswaldo Cruz de Río de Janeiro, junto con sus colaboradores propuso en 1965 una categorización de siete grupos, a saber: blanco, indio claro, indio oscuro, mulato claro, mulato medio, mulato oscuro y negro. Esta clasificación fue comprobada por varios investigadores en diversos estudios. Dado ese alto grado de heterogeneidad de la región, toda clasificación racial puede ser mejorada con el agregado de investigaciones de isonimia (Azevedo y colaboradores, 1983).

Los estudios de isonimia se basan en el análisis de la distribución y frecuencia de apellidos idénticos de una comunidad y merecen ser aquí comentados porque demuestran la interrelación entre la genética y la antropología biológica y cultural.

Los genetistas están interesados en varios aspectos de los apellidos como marcadores biológicos: 1) la transmisión del apellido simula la herencia de un gen ligado al cromosoma Y en una sociedad patriilineal; 2) la desaparición de los apellidos está estrechamente

relacionada con el problema genético de la extinción de un gen mutante (Yasuda, 1983); 3) la relación entre la identidad de los apellidos de marido y mujer y su posible endocruzamiento genético. Finalmente, estos estudios permiten identificar la etnicidad y, en general, suplementar los datos genéticos con los antropológicos.

La Profesora Eliane S. Azevedo, del Laboratorio de Genética Médica, de la Universidad Federal de Bahía, en Salvador, está desarrollando cautivantes investigaciones que contribuyen sustancialmente a la reconstrucción de la historia cultural de este país, indagando sobre el origen racial de poblaciones miscigenadas.

Los apellidos son subdivididos en dos grupos: 1) con connotación religiosa; 2) sin ella. Los primeros se refieren a santos, símbolos religiosos, ceremonias o festividades de la Iglesia Católica.

La mencionada investigadora observó que los apellidos con connotación religiosa priman en el sexo femenino ($X^2 = 8,6$; $p = 0,005$) y aumentan a medida que crece la proporción racial negroide. Quiere decir que esos apellidos son "adoptados" o "adquiridos".

Este hecho está basado en datos históricos, ya que los esclavos adquirieron apellidos después de su liberación en 1888 y "eligieron" apellidos de connotación religiosa para diferenciarse de su "amo" o "señor". El apellido de connotación religiosa aumenta de frecuencia de los blancos para los mulatos oscuros y los negros poseen igual frecuencia que los mulatos oscuros.

Fundamentada en todas las anteriores observaciones, la autora elaboró la siguiente hipótesis: a través de varias generaciones de mezcla racial un descendiente de negro puede tornarse fenotípicamente blanco, más lo que no puede cambiar es su apellido; en consecuencia, el apellido de connotación religiosa entre los blancos de Bahía podría ser un indicador de ancestrales negroides más poderoso que el color de la piel.

Para verificar esa hipótesis se estudiaron las frecuencias génicas del sistema ABO en 3.602 dadores de sangre y se analizaron en relación con la raza y tipo de apellido (Tavares-Neto y Azevedo, 1978). Observóse que en los negros y mulatos no existen diferencias en las frecuencias génicas en función del tipo

de apellido, dentro del mismo grupo racial. Si embargo, los hombres blancos con apellido de connotación religiosa tienen frecuencias génicas ABO más negroides que los hombres blancos con apellidos sin connotación religiosa.

Debemos recordar que la frecuencia del alelo B aumenta y la del A disminuye de blanco para negro, presentando los mulatos valores intermediarios.

Según Crow, los apellidos ofrecen un medio rápido, fácil y barato -es suficiente contar con una guía de teléfonos- para estudiar aspectos importantes de la genética humana, y como él dice, "La isonimia es la genética de poblaciones del pobre" (Crow, 1983).

AGRADECIMIENTOS

La Profesora Tania de Azevedo Weimer, Departamento de Genética, Instituto de Biociencias, Universidad Federal de Río Grande del Sur, Porto Alegre, gentilmente computó el dendograma de la Figura 1.

Las investigaciones del autor sobre el tema reciben los auxilios financieros del Programa Integrado de Genética del Consejo Nacional de Desenvolvimento Científico y Tecnológico (CNPq) y del Consejo de Enseñanza para Graduados de la universidad Federal de Río de Janeiro, Brasil.

REFERENCIAS

- Azevedo ES, Pinto Da Costa T., Silva MCBO, Ribeiro LR: The use of surnames for interpreting gene frequency distribution and past racial admixture. In Gotlieb EK: Surnames as Markers of Inbreeding and Migration. Hum Biol 55: 235-242, 1983.
- Beals R: Aculturación. En Kroeber AL (ed): Cultura y Sociedad, pp 73-117. Editorial Libros Básicos, Buenos Aires, 1965.
- Beiguelman B: Farmacogenética e Sistemas Sanguíneos Eritrocitarios. Guanabara Koogan, Río de Janeiro, 1983.
- Boucherie JG: Los indios Toba del Chaco Argentino. En Censo Indígena Nacional, 2: 101-147. Ministerio del Interior, Buenos Aires, 1968.
- Callegari-Jacques SM: Variabilidade genética e seu significado evolutivo em Índios Sul-Americanos, - 241. Tesis de Doctorado, Curso de Post-graduación en Genética, Universidad Federal de Río Grande del Sur, Porto Alegre, 1985.
- Carnese FR, Palatnik M: Estudio paleoserológico de restos momificados de aborígenes argentinos. Sangre 17: 201-210, 1972.
- Cavalli-Sforza LL, Bodmer WF: The Genetic of Human Populations. W H Freeman and Company, San Francisco, 1971.
- Cavalli-Sforza LL, Edwards AFW: Phylogenetic analyses. Models and estimation procedures. Am J Hum Genet 19: 233-257, 1967.

- Crisci JV: Introducción a la Teoría y Práctica de la Taxonomía Numérica. Secretaría General de la Organización de los Estados Americanos.
- Programa Regional de Desarrollo Científico y Tecnológico, Washington, DC, 1983.
- Crow JF: Discussion. In Gottlieb K (ed): Surnames as Markers of Inbreeding and Migration. Hum. Biol. 55: 383-397, 1983.
- Junqueira PC, Palatnik M, Weissman J: Frecuencia de grupos sanguíneos no Río de Janeiro: aspectos evolutivos. Ciência e Cult (Supl): 36: 774, 1984a.
- Junqueira PC, Weissman J, Palatnik M: Frecuencias génicas de grupos sanguíneos no Río de Janeiro. Ciência e Cult (Supl) 36: 774-775, 1984b.
- Lisker R: Genetic polymorphisms in Mexican population. In Salzano FM (ed): The Ongoing Evolution of Latin American Population, pp 661-677. Charles C. Thomas, Springfield, 1971.
- Loukotka C: Classification of South American Indian Languages. University of California, Los Angeles, 1968.
- Magrasi G: El complejo Chiriguano-Chané. En Censo Indígena Nacional 2: 23-60. Ministerio del Interior, Buenos Aires, 1968.
- Montagu A: Introducción a la Antropología. Editora Cultrix, Sao Paulo, 1977.
- Palatnik M: Diversidad genética en poblaciones argentinas. Actas IV Congr. Latinoam. Genética 2: 369-375, 1980.
- Salzano FM: Os genes nas populações humanas. Ciência e Cult 38: 1136-1143, 1986a.
- Salzano FM: Em busca das raízes. Ciência Hoje 5: 48-53, 1986b.
- Sneath PHA, Sokal RR: Numerical Taxonomy. The Principles and Practice of Numerical Classification. Freeman, San Francisco, 1973.
- Tavares-Neto J, Azevedo ES: Family names and ABO blood group frequencies in a mixed population of Bahia, Brazil. Human Biol. 50: 361-367, 1978.
- Tomasini A: El grupo Mataco-Mataguayo. En Censo Indígena Nacional 2: 77-79. Ministerio del Interior, Buenos Aires, 1968.
- Wagley CH: The formation of the American population. In Salzano FM (ed): The Ongoing Evolution of Latin American Populations, pp 19-39. Charles C. Thomas, Springfield, 1971.
- Yasuda N: Studies in isonimia and inbreeding in Japan. In Gottlieb K (ed): Surnames as Markers of Inbreeding and Migration. Hum. Biol. 55: 263-276, 1983.