

# Estructura poblacional del NOA mediante exomas completos

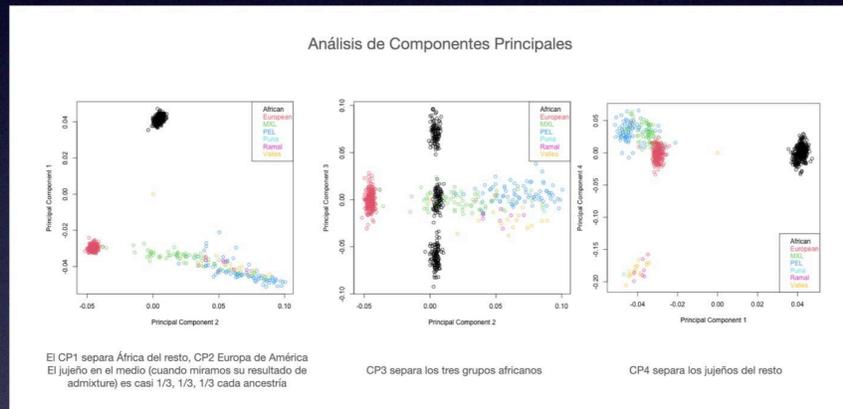
Muzzio M<sup>1,2</sup>, Trigo AN<sup>3</sup>, Paz Sepúlveda PB<sup>1</sup>, Figueroa M<sup>4,5</sup>, Bailliet G<sup>1</sup>, Alfaro EL<sup>4</sup>, Dipierri JE<sup>4</sup>

1 IMBICE (CCT-CONICET-PLATA, CIC, UNLP), 526 e/10 y 11, 1900 La Plata, Argentina. mail: marinamuzzio@gmail.com paulabeatrizpaz@gmail.com graciela.bailliet@gmail.com 2 Facultad de Cs. Naturales y Museo, UNLP, 60 y 122 SN, 1900 La Plata, Argentina. mail: marinamuzzio@gmail.com 3 Hospital Materno Infantil Dr. Héctor Quintana, San Salvador de Jujuy, Argentina. mail: nicolastrigo2654@gmail.com INECHOA (UNJU-CONICET) Instituto de Biología de la Altura (UNJU), San Salvador de Jujuy, Argentina. mail: fmi\_753@hotmail.com emma.alfarogomez@gmail.com jedjujuy@gmail.com 4 Instituto de Estudios Celulares, Genéticos y Moleculares (ICeGeM) UNJU, Argentina. mail: fmi\_753@hotmail.com

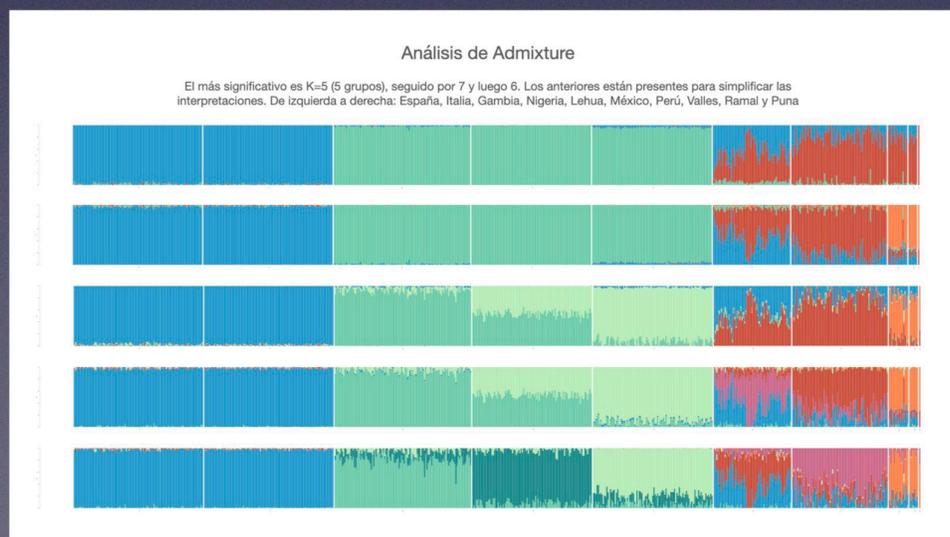
## Lo que hicimos...

Con el objetivo de describir la estructura poblacional de la provincia de Jujuy, analizamos 26 exomas completos de individuos jujeños. Luego de los controles de calidad y la unión con paneles del proyecto 1000 Genomes Project, retuvimos 22032 SNPs, con los cuales realizamos Análisis de Componentes Principales (PCA) y de Admixture (con grupos desde 3 hasta 11), calculando para cada caso su error de validación cruzada (CV).

## Lo que obtuvimos...



El componente principal 1 separa a los europeos y a los americanos de los africanos (con algunos individuos americanos ubicándose en posiciones intermedias debido a mezcla), mientras que el componente 2 ubica en un extremo a las poblaciones europeas y los americanos se van distribuyendo a lo largo de ese eje hacia el otro extremo según cuánta ancestria nativa americana presentan.



Con 5 grupos se obtuvo el menor CV (0.56271). Con 5 grupos vemos un sólo componente para la ancestria europea, 2 para la africana y también 2 para la americana. Si promediamos las ancestrias de estos individuos jujeños, encontramos 12.3% ( $\pm 10.1$ ) del componente nativo preponderante en el panel mexicano y 69.1% ( $\pm 14.1$ ) del componente nativo preponderante en los Andes. Respecto a los componentes africanos en estos individuos, sus valores promedio son de 1.8% ( $\pm 2.06$ ) y 2% ( $\pm 4.02$ ) mientras que el promedio de ancestria europea es de 14.9% ( $\pm 10.81$ ). Estos resultados están de acuerdo con lo esperado para esta región según lo encontrado en trabajos previos.