

ficarán por la presencia de una banda de 420pb y los de bajo riesgo con una banda de 670pb. En el momento la investigación se encuentra en la fase de desarrollo, con previa estandarización de la PCR para Beta Globina y VPH; obteniéndose los primeros resultados del estudio.

CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE RESTOS ANTIGUOS DE POBLACIONES INDÍGENAS DE COLOMBIA, MEDIANTE DIEZ LOCI CON REPETICIONES CORTAS EN TANDEM (STR'S)

ALAPE, J.¹, BUSTOS, I.², RESTREPO, C. M.³

¹ Biólogo. Departamento de Biología. Facultad de Ciencias. Universidad Nacional de Colombia. jalapebiol@tutopia.com

² Profesora Unidad de Paternidad, Instituto de Genética.

Universidad Nacional de Colombia, UPIGUN. ³ Profesor Unidad de Genética. Instituto de Ciencias Básicas. Facultad de Medicina. Universidad del Rosario.

En nuestros días interactúan lo ancestral y lo moderno, la eliminación y la conservación, lo antropológico y lo molecular, la acumulación de paradigmas o la postulación de hipótesis y el quehacer científico; estamos en un momento de grandes y aceleradas transformaciones y búsquedas de lo cultural, lo genético y por qué no decirlo, lo social y económico. Todo ello incide significativamente en el medio natural y encontramos que al plantearse una diversidad genética, aparece cierto tipo de preguntas encaminadas a dilucidar los procesos y transformaciones evolutivas que han dado origen y distribución a las diferentes especies remanentes hoy sobre la tierra. Para dar respuesta a todo esto, es necesario implementar metodologías como los estudios de genética molecular con individuos vivos o recurriendo a los restos óseos o de tejidos que aún se conservan.

El presente estudio está dedicado al análisis de restos óseos antiguos de poblaciones precolombinas que se conservan en cementerios indígenas en el Municipio de Bolívar, en Santander y en el museo del Instituto Colombiano de Antropología (ICAN); estos restos son poco conocidos y de ellos se dispone solo de algunos datos acerca de su procedencia geográfica, de la posible comunidad o población a la que pertenecieron y, en muy pocos casos se tiene su datación. Sin embargo, es sabido que este conocimiento tiene limitaciones y el uso de herramientas de genética molecular como es la amplificación y tipificación de secuencias cortas de DNA que se repiten en tandem (STRs) como los utilizados en el presente trabajo, permiten dilucidar posibles divergencias o convergencias reales entre poblaciones antiguas y entre éstas con poblaciones indígenas remanentes de hoy, información que se constituye en una valiosa fuente de conocimiento sobre parte de nuestras raíces ancestrales. Uno de los retos del trabajo, consistió en lograr obtener una cantidad de DNA de las muestras óseas ya que el DNA esta altamente degradado, además de su posterior amplificación por la reacción en cadena de la polimerasa, estas etapas fueron muy dispendiosas y se sometieron a los correspondientes controles de extracción y amplificación para verificar la autenticidad del DNA de las muestras y que este no fuera el producto de contaminación con DNA moderno durante los procesos anteriormente mencionados. Debido a la alta degradación del DNA en las muestras utilizadas, se obtuvieron resultados de las frecuencias alélicas para los sistemas genéticos de bajo peso molecular vWA, TPOX y THO1, de los diez utilizados. Con el presente trabajo, se obtuvieron los primeros resultados de frecuencias alélicas en una población antigua de Santander, además es la base para iniciar una línea de investigación en arqueología y antropología molecular en nuestro país.