



Antropología Biológica

Variación temporal y espacial en poblaciones prehispánicas de Córdoba. Análisis de ADN antiguo

Rodrigo Nores*, Mariana Fabra* y Darío A. Demarchi*

*CONICET, Museo de Antropología, Facultad de Filosofía y Humanidades, Universidad Nacional de Córdoba. E-mail: rodrigonores@hotmail.com, demarchi@ffyh.unc.edu.ar, marianafabra@gmail.com

Resumen

Se presentan nuevas evidencias sobre la evolución de las poblaciones prehispánicas del actual territorio de Córdoba a partir del análisis de ADN mitocondrial de restos humanos de procedencia arqueológica de distintos contextos culturales, geográficos y temporales. La muestra estudiada incluyó 53 individuos de los cuales 48 pudieron ser genotipificados para alguno de los cuatro haplogrupos mitocondriales fundadores americanos. La totalidad de los restos analizados (excepto uno) fueron previamente datados por AMS, presentando un rango de antigüedad de entre 4525 ± 20 y 345 ± 20 años AP.

Los resultados obtenidos muestran diferencias genéticas significativas entre los grupos que habitaron las serranías y los que vivieron en la llanura extraserrana. Esta diferenciación, caracterizada por un fuerte incremento en la frecuencia del haplogrupo B en la zona serrana, habría surgido recién alrededor del 1200 AP, modificando sensiblemente el pool génico de la población antigua, que presenta un neto predominio del haplogrupo C. También se advierte para esa época un incremento en la frecuencia del haplogrupo A en la llanura, pero sin llegar a alterar substancialmente el perfil genético de la población antigua. Las altas prevalencias relativas en la llanura de los haplogrupos C y D, similares a la que presentan las poblaciones de Patagonia y Tierra del Fuego, coinciden, de manera sugestiva y ciertamente difícil de desentrañar, en la población contemporánea que habita la provincia de Córdoba, y sugieren un posible origen común con los habitantes del extremo sur del continente.

Palabras clave: ADN antiguo; haplogrupos mitocondriales; flujo génico; Sierras Centrales; variación regional.

Temporal and spatial variations in the pre-Hispanic population of Córdoba, Argentina

Abstract

We present new evidence on the evolution of the populations that inhabited the territory of Córdoba in pre Hispanic times, through the analysis of mitochondrial DNA of human remains from different archaeological, geographical, and temporal procedence. The sample included 53 individuals of which 48 could be genotyped for one of the four American founding mitochondrial haplogroups. All the remains analyzed (except one) were previously dated by AMS, presenting a range of age between 4525 ± 20 and 345 ± 20 years BP.

The results show significant genetic differences between the groups that inhabited the mountains and those who lived in the plains. This differentiation, characterized by a strong increase in the frequency of haplogroup B, would have emerged around the 1200 BP, significantly modifying the gene pool of the ancient population, which presents a strong predominance of haplogroup C. It is also observed by this time an increase in the frequency of haplogroup A in the plains, but not changing substantially the genetic profile of the ancient population. A high relative prevalence of haplogroups C and D in the plains, as occur in Patagonia and Tierra del Fuego populations, remains, in a suggestive and difficult to unravel way, in the contemporary population of the province of Córdoba, suggesting a possible common origin with the inhabitants of the southern extreme of the continent.

Keywords: ancient DNA; mitochondrial haplogroups; gene flow; Sierras Centrales; regional variation.

La variación en las frecuencias alélicas de las poblaciones puede ser útil para estudiar la estructura genética y la historia evolutiva de grupos humanos extintos y actuales. Sin embargo, la diversidad genética de las poblaciones contemporáneas no necesariamente reproduce la que existió en tiempos pasados. En el caso de las poblaciones

nativas americanas, la dramática reducción de la población aborígen a partir de la Conquista y sus graves consecuencias (guerras, esclavitud y epidemias), ha diezmando el número de linajes originales, modificando en gran medida el pool génico de los amerindios. Además, el aporte masivo de genes europeos y africanos en los

Recibido 28-07-2011. Recibido con correcciones 26-09-2011. Aceptado 31-10-2011

Revista del Museo de Antropología 4: 187-194, 2011 / ISSN 1852-060X (impreso) / ISSN 1852-4826 (electrónico)

<http://publicaciones.ffyh.unc.edu.ar/index.php/antropologia/index>

Facultad de Filosofía y Humanidades – Universidad Nacional de Córdoba - Argentina

siglos siguientes ha oscurecido aún más los patrones de diversidad genética pre Conquista (Crawford 1998).

Afortunadamente, la aparición de técnicas moleculares cada vez más eficientes ha hecho posible recuperar moléculas de ADN de restos humanos de procedencia arqueológica, lo cual permite superar las limitaciones antes mencionadas (Kaestle y Horsburgh 2002). Así, los estudios de ADN antiguo relacionados con problemáticas arqueológicas conforman hoy un campo de estudio en pleno crecimiento denominado arqueogenética (ver Crespo et al. 2010 y su bibliografía).

La procedencia de las poblaciones fundadoras y la antigüedad del poblamiento humano inicial del área central del territorio argentino, arqueológicamente conocida como "Sierras Centrales" (González 1952), así como la evolución local de esas poblaciones son motivo de numerosos estudios y también de controversias. La evidencia arqueológica muestra que la región ha estado habitada por humanos durante los últimos diez u once mil años (Laguens et al. 2007b; Rivero y Roldán 2005) y que, a lo largo del tiempo, se desarrollaron diversas estrategias y adaptaciones al ambiente (Laguens 1999; Laguens y Bonnin 2009; Pastor 2006; Rivero 2007). La adopción de la agricultura y la alfarería a inicios de la era cristiana derivaron en desarrollos regionales y, a su vez, le confirieron a estas poblaciones características distintivas que las diferencian de los desarrollos culturales producidos en otras regiones del país (Laguens y Bonnin 2009). Por otra parte, existieron estrategias locales que constituyeron adaptaciones particulares a distintos ambientes y formas de vida con modalidades propias, junto con otras compartidas, que permiten inferir, en momentos próximos a la Conquista, la existencia de una diversidad de grupos étnicos que contradice la supuesta homogeneidad cultural postulada por los primeros cronistas (Dantas y Figueroa 2004; Fabra et al. 2009; Laguens 1999; Laguens y Bonnin 2009).

Evidencias bioantropológicas obtenidas por nuestro grupo han servido de base para la formulación de dos hipótesis acerca del poblamiento y la posterior evolución local de esas poblaciones. La primera propone que, pese a la diversidad cultural existente entre las distintas subregiones arqueológicas en que puede dividirse a la provincia (Laguens y Bonnin 2009: 283), no existió en la población prehispánica una diferenciación genética significativa (Demarchi et al. 2010; Fabra et al. 2005; 2007; García y Demarchi 2006; 2009; Laguens et al. 2007a). Esta homogeneidad reflejaría un origen común reciente y flujo genético sostenido debido a la ausencia de barreras geográficas y culturales infranqueables. La segunda hipótesis sostiene que las similitudes morfológicas observadas entre los antiguos habitantes de Córdoba y los grupos de Patagonia y Tierra del Fuego (Fabra et al. 2005; 2007), en concordancia con expectativas derivadas de evidencias arqueológicas, podría deberse a que fueron

parte de la misma oleada de poblamiento, en el límite Pleistoceno-Holoceno (Fabra et al. 2007; Laguens et al. 2007a).

En este artículo se presentan nuevas evidencias, surgidas a partir del análisis de ADN mitocondrial de restos humanos de procedencia arqueológica de distintos contextos culturales, geográficos y temporales, como un nuevo aporte al conocimiento de los patrones de variación genética a través del tiempo y en el amplio espacio geográfico donde vivieron las poblaciones prehispánicas del actual territorio de Córdoba.

Materiales y métodos

Composición de la muestra

Se partió de una muestra de 53 individuos del acervo del Museo de Antropología (FFyH, UNC) y de otros museos públicos y privados de la Provincia de Córdoba, de los cuales 48 (24 muestras dentales y 24 óseas) pudieron ser genotipificados. La totalidad de los restos analizados, excepto uno, fueron previamente datados por AMS (*Accelerator Mass Spectrometry*)¹. El rango de antigüedad de las muestras genotipificadas varía entre 4525 ± 20 y 345 ± 20 años AP (estimaciones no calibradas), siendo su antigüedad promedio 1143 años. En el mapa de la Figura 1 se señala la ubicación geográfica aproximada de cada una de las muestras incluidas en el estudio.

De acuerdo a la procedencia geográfica, se constituyeron dos submuestras con el objetivo de investigar la posible existencia de diferencias regionales en la distribución de haplogrupos mitocondriales. La submuestra *Sierras* ($n = 26$, antigüedad promedio de 1042 años AP) incluye a los individuos de sitios ubicados en la región serrana, mientras que la submuestra *Llanura* ($n = 22$, antigüedad promedio de 1257 años AP) comprende a los que provienen de sitios de la llanura extraserrana, y está integrada principalmente por individuos procedentes de la costa sur de la laguna Mar Chiquita, salvo dos que proceden de los alrededores de Río Segundo (llanura pampeana).

Para comparar la distribución de frecuencias de la muestra total estudiada y de las submuestras geográficas frente a la que presenta la población contemporánea que habita la misma región, se utilizó la información publicada por García y Demarchi (2009), en donde se determinaron las frecuencias de haplogrupos mitocondriales de habitantes con linajes maternos nativos de 9 localidades de la provincia de Córdoba. Dada la homogeneidad genética de la muestra contemporánea analizada por García y

¹Mediante convenios de colaboración se realizaron 27 fechados con Graduate School of Frontier Sciences, University of Tokyo, y 14 con W. M. Keck Carbon Cycle Accelerator Mass Spectrometry Laboratory, University of California, Irvine. Las 6 restantes fueron realizados por NSF-Arizona AMS Laboratory, University of Arizona, en el marco de un proyecto dirigido por el Dr. Eduardo Piovano (FCEfYN, UNC).

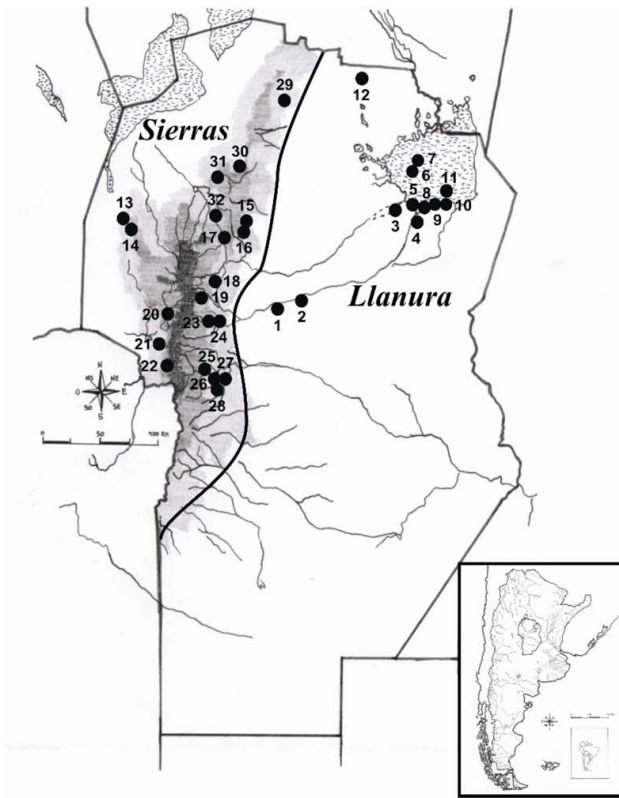


Figura 1. Mapa de la Provincia de Córdoba. Sitios arqueológicos considerados en este estudio, agrupados por subregiones geográficas: *Llanura*: 1) Rincón, 2) Costa Sacate, 3) La Para, 4) Marull, 5) El Diquecito (11 individuos), 6) El Mistolar, 7) Isla Tigre, 8) Miramar, 9) Colonia Müller, 10) Orihuela, 11) Isla Orihuela, 12) Laguna de la Sal. *Sierras*: 13) Charquina, 14) Rosca Yaco, 15) La Granja, 16) Agua de Oro (3 individuos), 17) Ayampitín, 18) Cuesta Blanca, 19) Copina (2 individuos), 20) Cañada Larga, 21) Guasmara, 22) Loma Bola, 23) Los Molinos (3 individuos), 24) Potrero de Garay (2 individuos), 25) Campo Potrero del Monte, 26) Banda Meridional del Lago, 27) Central Nuclear, 28) Quillinzo, 29) Cerro Colorado, 30) Ischilín, 31) Nunsacat, 32) San Esteban.

Figure 1. Map of Córdoba Province. Archaeological sites considered in this study, grouped by geographical subregions. Plains: 1) Rincón, 2) Costa Sacate, 3) La Para, 4) Marull, 5) El Diquecito (11 individuals), 6) El Mistolar, 7) Isla Tigre, 8) Miramar, 9) Colonia Müller, 10) Orihuela, 11) Isla Orihuela, 12) Laguna de la Sal. Mountains: 13) Charquina, 14) Rosca Yaco, 15) La Granja, 16) Agua de Oro (3 individuals), 17) Ayampitín, 18) Cuesta Blanca, 19) Copina (2 individuals), 20) Cañada Larga, 21) Guasmara, 22) Loma Bola, 23) Los Molinos (3 individuals), 24) Potrero de Garay (2 individuals), 25) Campo Potrero del Monte, 26) Banda Meridional del Lago, 27) Central Nuclear, 28) Quillinzo, 29) Cerro Colorado, 30) Ischilín, 31) Nunsacat, 32) San Esteban.

Demarchi (2009), para el presente análisis se consideraron las frecuencias de haplogrupos de la población total. Asimismo, se trabajó con la información sobre frecuencias de haplogrupos mitocondriales de distintas poblaciones actuales y arqueológicas del Cono Sur sudamericano (Tabla 1). Cabe mencionarse que las poblaciones incluidas en el análisis interpoblacional no pretenden abarcar la totalidad de las estudiadas para estos marcadores moleculares en la región, sino que se han seleccionado con el objeto de servir de marco referencial para analizar la dimensión relativa de la variación en la muestra estudiada.

Análisis de ADN antiguo (ADNa)

Precauciones para evitar la contaminación

Se tomaron diversas precauciones para minimizar el riesgo de contaminación de las muestras a lo largo de todo el estudio, desde la recolección de las mismas hasta el trabajo en el laboratorio de extracción y tipificación del ADN. En general, se siguieron las recomendaciones presentadas por Pääbo *et al.* (2004) y descritas por Nores y Demarchi (2011). Brevemente: las áreas de trabajo pre y post-PCR utilizadas fueron laboratorios independientes y aislados. Antes de cada extracción o amplificación por PCR, las superficies de trabajo, material de laboratorio y pipetas fueron irradiados durante toda la noche con luz ultravioleta (UV) y lavados con hipoclorito de sodio al 10%, ambos agentes que desnaturalizan el ADN. Durante el trabajo de laboratorio se usaron de manera continua guardapolvo, barbijo y guantes descartables, y se utilizaron pipetas y reactivos dedicados exclusivamente

al análisis de ADN y material descartable estéril. Las reacciones de PCR fueron ensambladas en campana de flujo laminar horizontal con filtro HEPA, incluyendo un control negativo y un blanco de extracción para identificar, respectivamente, falsos positivos de amplificación y contaminación con ADN exógeno durante el proceso de extracción del ADN. La extracción y amplificación del ADN fue realizada por un único investigador (Rodrigo Nores), quien no posee linaje amerindio.

Extracción de ADN

Con algunas modificaciones, se siguió el protocolo de extracción descrito por Lee *et al.* (2006). En primer término, las muestras óseas o dentarias fueron sumergidas en hipoclorito de sodio al 6% durante 5-15 minutos, luego lavadas repetidamente con agua destilada y secadas en estufa. A continuación, las muestras fueron irradiadas con luz UV por 30 min de cada lado para eliminar el ADN superficial que aun pudiera existir. Finalmente, las muestras fueron pulverizadas con torno dental a baja velocidad, y el polvillo obtenido (0,3 - 0,5g) fue decalcificado en un microtubo de 2ml en presencia de 1ml de una solución 0,5M EDTA (pH 8,0) y 1mg de proteinasa K a 56° C durante 24 a 48 horas con agitación frecuente. El ADN fue extraído del sobrenadante obtenido después de una centrifugación a 5000g por 5 minutos usando el kit Wizard SV PCR Clean-Up System (Promega).

Determinación de haplogrupos mitocondriales

Los polimorfismos del ADN mitocondrial que determinan los haplogrupos A, C y D fueron tipificados por PCR - APLPs (*Amplified product-length polymorphisms*). Este método se basa en la inclusión de una secuencia no complementaria en el extremo 5' de uno de los dos iniciadores específicos de alelo utilizados en la reacción de PCR (Adachi *et al.* 2004; 2009; Shinoda *et al.* 2006). El uso

de estos iniciadores lleva a la amplificación de productos de diferente tamaño, lo cual permite distinguir cada uno de los dos alelos. La determinación del haplogrupo B fue realizada mediante PCR directa, ya que la sola presencia de la deleción origina un fragmento de amplificación de menor tamaño. La visualización de los productos de amplificación se realizó mediante geles nativos de acrilamida:bisacrilamida (19:1) al 8%, teñidos por 30min con GelStar 1:10000 (Lonza), en transiluminador de luz UV. Se utilizaron los iniciadores y protocolos descritos en Nores y Demarchi (2011).

Análisis estadístico

Las diferencias en la distribución de frecuencias entre submuestras, definidas a partir de variables temporales o geográficas, se analizaron a través del Test Exacto (Raymond y Rousset 1995). Las afinidades relativas entre muestras, incluyendo en los análisis datos de otras poblaciones nativas antiguas y contemporáneas del Cono Sur (Tabla 1), se visualizaron a través de mapas génicos construidos mediante la técnica de escalamiento multidimensional (Kruskal 1964) a partir de una matriz de distancias genéticas estándar de Nei (1972).

Resultados y Discusión

El conjunto de precauciones tomadas durante la recolección de las muestras y el análisis en el laboratorio posibilitaron que no se observaran productos de amplificación en ninguno de los controles negativos (de PCR o blanco de extracción). De las 53 muestras analizadas, 48 pudieron ser tipificadas de forma inequívoca para alguno de los 4 haplogrupos mitocondriales fundadores de las poblaciones americanas. Este alto porcentaje de

eficiencia (90,5%) es consecuencia de varios factores que han contribuido de manera substancial a la obtención de este resultado satisfactorio. En primer lugar, haber seleccionado muestras óseas y dentarias que se encontraban en excelente estado de conservación, ya que existe una alta asociación entre la calidad de la muestra y la posibilidad de extraer ADN de la misma. En segundo lugar, la eficiencia del método de extracción, derivado del desarrollado por Boom *et al.* (1990), basado en la gran afinidad que posee el ADN por las partículas de sílice en presencia de una solución salina en alta concentración (en este caso, tiocianato de guanidina 5M). En tercer lugar, la eficiencia del método de amplificación por APLPs, con iniciadores que amplifican fragmentos muy pequeños (entre 52 y 107 pb) y que permiten caracterizar a las muestras en un solo paso, sin tener que recurrir a una posterior digestión con enzimas de restricción con la posible ambigüedad derivada de una digestión enzimática incompleta. Otro factor que posibilitó la correcta tipificación de las muestras a partir de cantidades muy bajas de ADN es la alta sensibilidad de la tinción GelStar (Lonza), que permite detectar bandas del orden de los 20 pg.

Las frecuencias de cada uno de los haplogrupos mitocondriales en la muestra total y en las submuestras geográficas se presentan en la Tabla 1. La muestra total se caracteriza por una alta frecuencia del haplogrupo C, mientras que los otros 3 haplogrupos presentan incidencias intermedias. Sin embargo, la distribución de frecuencias de haplogrupos no es homogénea en todo el espacio geográfico, habiendo diferencias estadísticamente significativas entre las submuestras *Sierras* y *Llanura* ($p = 0,021 \pm 0,001$). La diferencia más notoria entre ambas es la alta frecuencia con la que aparece el haplogrupo

Población	N	A	B	C	D	Referencia
†Córdoba total	48	0,167	0,229	0,396	0,208	Este trabajo
<i>Llanura</i>	22	0,227	0,046	0,409	0,318	Este trabajo
<i>Sierras</i>	26	0,115	0,385	0,385	0,115	Este trabajo
Córdoba actual	215	0,172	0,098	0,451	0,270	García y Demarchi 2009
†Valle de Azapa	28	0,357	0,250	0,357	0,036	Moraga <i>et al.</i> 2001
†Pampa Grande	19	0,105	0,474	0,000	0,421	Carnese <i>et al.</i> 2009
†Ona	12	0,000	0,000	0,500	0,500	Fox 1996
†Alakaluf	19	0,000	0,000	0,158	0,842	Fox 1996
Tehuelche	29	0,000	0,210	0,240	0,550	Moraga <i>et al.</i> 2000
Mapuche	111	0,000	0,072	0,441	0,487	Moraga <i>et al.</i> 2000
Puneños	65	0,122	0,647	0,077	0,154	Dipierrri <i>et al.</i> 1998
Atacameños	50	0,120	0,720	0,100	0,060	Merriwether <i>et al.</i> 1995
Wichí	44	0,091	0,545	0,205	0,159	Demarchi <i>et al.</i> 2001
Toba	26	0,269	0,346	0,038	0,346	Demarchi <i>et al.</i> 2001
Mbyá Guaraní	46	0,478	0,326	0,087	0,022	Altuna y Demarchi 2003

† población extinta

Tabla 1. Distribución de haplogrupos del ADN mitocondrial en la muestra antigua total de Córdoba, en cada submuestra geográfica, y en otras poblaciones antiguas y contemporáneas del Cono Sur. † Población extinta.

Table 1. Mitochondrial DNA haplogroups distribution in the total ancient Cordoba sample, in each geographical subsamples, and in other ancient and modern populations of the Southern Cone of America. † Extinct population.

B entre las muestras serranas, mientras que en *Llanura* está apenas representado por un individuo. Además, los haplogrupos A y D son más frecuentes en la muestra *Llanura* que en la *Sierras*. Por otra parte, el haplogrupo C tiene una alta incidencia en ambas muestras.

Al comparar los perfiles genéticos de las dos submuestras geográficas con el que presenta la población contemporánea de Córdoba que conserva linajes maternos americanos (Tabla 1) vemos que la distribución de frecuencias es similar a la de la submuestra *Llanura* ($p = 0,787 \pm 0,004$), y difiere significativamente de la encontrada en la submuestra *Sierras* ($p = 0,001 \pm 0,001$).

Un hallazgo que merece ser destacado es que la diferencia en la distribución de haplogrupos entre *Sierras* y *Llanura* solamente aparece entre las muestras posteriores al 1280 AP, si bien éstas conforman la mayor parte del universo muestral. De las 10 muestras que presentan dataciones anteriores a esa fecha, presentan el haplogrupo C las 4 de la región serrana y 4 de las 6 correspondientes a *Llanura* (siendo B y D las dos restantes). Esta distribución de haplogrupos difiere significativamente de la encontrada en la submuestra más moderna, considerando ambas subregiones de manera conjunta ($p = 0,047 \pm 0,002$) y sugiere un aporte inmigratorio diferente entre las dos subregiones a partir del 1200 AP, aproximadamente. Si bien puede parecer aventurada tal afirmación dado el relativamente pequeño tamaño muestral, la ausencia del linaje B entre las muestras serranas más antiguas y la preponderancia del mismo entre las más modernas (47,6%) no parecen ser resultado de un error de muestreo, sino más bien de un cambio real en la composición genética de la población, tal como lo demuestra el resultado del Test Exacto. Este cambio podría deberse a un aporte migratorio hacia la zona serrana desde poblaciones con alta incidencia de haplogrupo B, tales como las andinas (puneños y atacameños) chaqueñas (Wichí y Toba), o la población antigua de Pampa Grande, Salta (Tabla 1).

Este flujo génico habría modificado sensiblemente el pool génico de la población serrana antigua, con predominio del haplogrupo C. La vinculación de las Sierras Centrales y el mundo andino ha sido propuesta por diversos investigadores desde la primera mitad del siglo XX (González 1944; Outes 1911; Serrano 1945). Fundamentalmente, a partir del trabajo de González (1952; 1960) en la gruta de Intihuasi en San Luis y en Ongamira, en Córdoba, se pensaron secuencias culturales y cronológicas para explicar el desarrollo de los cazadores-recolectores de la región. El esquema de poblamiento propuesto por González (1960) apunta a una vinculación directa con lo andino, a partir de la tradición de puntas lanceoladas tipo Ayampitín que tendría una distribución desde Colombia hasta el Centro de Argentina. Recientemente, Rivero y Berberian (2006) reafirman este modelo, sosteniendo que el poblamiento de esta región

se habría producido en la transición Pleistoceno-Holoceno (12000-8000 AP) por poblaciones humanas adaptadas a ambientes de montaña, procedentes del área andina central de Argentina. Sin embargo, lo que observamos en este trabajo es un posible aporte genético reciente desde el noroeste a partir del 1200 AP, no una colonización temprana. Lamentablemente, aun no se han encontrado restos humanos anteriores al 4525 AP, que podrían dar evidencia sobre el origen de las primeras poblaciones que habitaron la región.

Otro cambio temporal que también se advierte alrededor del 1200 AP y que resulta importante destacar es el que se da en la población de la llanura extraserrana, donde el haplogrupo A está ausente en las muestras más antiguas pero representa el 31,3% de las más modernas. En este caso, es posible suponer la existencia de flujo génico desde el este y el noreste, de donde provienen los grupos guaraníes, que se caracterizan por una alta incidencia del haplogrupo A (Tabla 1), aunque este aporte no habría alterado tan marcadamente el perfil genético de la población antigua. El vínculo entre las poblaciones cercanas a la Laguna Mar Chiquita con las del Litoral ya fue señalado con anterioridad. Frenguelli y De Aparicio (1932) observaron semejanzas estilísticas, particularmente en la decoración cerámica. Posteriormente, Serrano (1945) y Oliva (1947) remarcaron similitudes con el Litoral y con la región chaco-santiagueña, en función de la decoración con redes y cestas, muy frecuente en la cerámica recuperada en sitios arqueológicos de la zona, y de ciertos motivos incisos. Más recientemente, Bonofiglio (2007; 2010) reitera la existencia de estos vínculos, y marca semejanzas con materiales procedentes de Santa Fe (Cerutti 1992, citado por Bonofiglio 2007), a partir de su estudio sobre materiales arqueológicos procedentes de diversos sitios de la cuenca baja del Río Segundo. Si bien la mayoría de los autores sostienen que el ingreso de contingentes guaraníes al litoral argentino sería algo posterior al 1200 AP, la búsqueda bibliográfica no nos ha proporcionado datos precisos que avalen tal presunción.

Por otra parte, las prevalencias relativas en *Llanura* de los haplogrupos C y D, similares a la que presentan las poblaciones de Patagonia y Tierra del Fuego, persisten, de manera sugestiva y ciertamente difícil de desentrañar, en la población contemporánea que habita la provincia de Córdoba, y sugieren un posible origen común con los habitantes del extremo sur del continente.

El mapa génico de la figura 2, donde se representan las afinidades relativas entre poblaciones antiguas y contemporáneas del Cono Sur a partir de la distribución de haplogrupos mitocondriales, ilustra los comentarios antes realizados. La submuestra *Llanura* aparece muy cerca de Córdoba (población contemporánea) y ambas conforman un *cluster* que incluye también a los grupos contemporáneos de Patagonia (Mapuche y Tehuelche) y extintos (Ona y Alakaluf) de Tierra del Fuego, todas

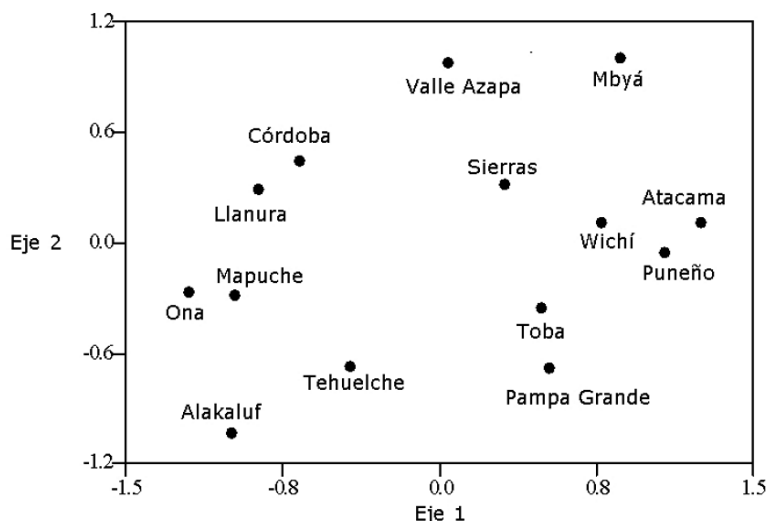


Figura 2. Representación bidimensional de la matriz de distancias de Nei. Stress = 0,065.

Figure 2. Two-dimensional plot of Nei's distance matrix. Stress = 0.065.

poblaciones caracterizadas por altas frecuencias de los haplogrupos C y D. Por otra parte, la submuestra *Sierras* presenta los menores valores de distancia en relación a los Wichí de Formosa y a la población antigua del Valle de Azapa, del norte de Chile (con rango de antigüedades entre 2900 y 600 años AP), y se aproxima también a los puneños y atacameños actuales, poblaciones también con alta incidencia del haplogrupo B.

Algunas conclusiones a las que arribamos en este trabajo fueron anticipadas en forma preliminar en un artículo reciente (Nores y Demarchi 2011). En aquel trabajo fue posible advertir una variación temporal significativa en la distribución de linajes mitocondriales, pero dado el menor tamaño muestral ($n = 35$) las diferencias que ya se observaban entre las submuestras geográficas *Sierras* y *Llanura* no llegaban a ser estadísticamente significativas.

Resulta entonces fundamental, para continuar con el estudio de la variación genética de las poblaciones antiguas de las Sierras Centrales, ampliar el tamaño muestral y, por ende, el rango temporal y geográfico de la muestra. Es preciso, además, refinar el análisis al nivel de secuencias de la región control del ADN mitocondrial para poder así obtener un grado de definición de linajes y sublinajes que nos permita, por un lado, inferir el origen geográfico del aporte genético ocurrido en las distintas subregiones y, por el otro, determinar de manera más precisa cuándo éste ocurrió.

Finalmente, y en coincidencia con lo observado en aquel artículo (Nores y Demarchi 2011) y en otros estudios realizados por nuestro grupo a partir de rasgos morfológicos de la población antigua (Fabra 2008; 2009; Fabra y Demarchi 2011), o bien genéticos sobre la población contemporánea (García y Demarchi 2006; 2009), se advierte a través de ellos que la dinámica poblacional de los grupos humanos del centro de Argentina ha sido profundamente condicionada por la geografía. Su localización intermedia y a la vez relativamente distante de otras regiones y, por otra parte,

su condición de cruce de caminos sin barreras geográficas insalvables, ha modelado la evolución de la población a lo largo del tiempo, siendo el flujo génico la fuerza evolutiva preponderante.

Córdoba, 25 de Septiembre de 2011

Agradecimientos

Nuestro agradecimiento al Museo de Antropología (FFyH, UNC), y a los demás museos de la Provincia de Córdoba -Museo Histórico Municipal de La Para, Museo Municipal Capitán Juan de Zevallos de Valle Hermoso, Museo de la Región de Ansenusa Aníbal Montes de Miramar, Museo Arqueológico Provincial Aníbal Montes de Río Segundo, Museo Histórico Regional Dr. D. V. Sársfield de Amboy y Museo Comechingón de Mina Clavero-, que permitieron analizar los restos humanos bajo su cuidado. Se agradece especialmente a Minoru Yoneda y a Mai Takigami, de Graduate School of Frontier Sciences, University of Tokyo, así como a Guaciara Dos Santos de W. M. Keck Carbon Cycle Accelerator Mass Spectrometry Laboratory, University of California, Irvine, por la realización de los fechados radiocarbónicos mediante AMS. Rodrigo Nores es becario postdoctoral y Mariana Fabra y Darío Demarchi son investigadores del CONICET.

Bibliografía

Adachi, N., K. Shinoda, K. Umetsu y H. Matsumura. 2009. Mitochondrial DNA analysis of Jomon skeletons from the Funadomari site, Hokkaido, and its implication for the origins of Native American. *American Journal of Physical Anthropology* 138: 255-265.

Adachi, N., K. Umetsu, W. Takigawa y K. Sakaue. 2004. Phylogenetic analysis of the human ancient mitochondrial DNA. *Journal of Archaeological Science* 31: 1339-1348.

Altuna, M. E. y D. A. Demarchi. 2003. Haplogrupos mitocondriales en los Mbyá-Guaraní de la Provincia de

- Misiones. *Resúmenes de las Sextas Jornadas Nacionales de Antropología Biológica*. Catamarca, Argentina.
- Bonofiglio, M. 2007. Investigaciones en la cuenca baja de los ríos Suquía y Xanaes. *V Jornadas de los Pueblos de Paravachasca, Suquía y Xanaes*. Museo Nacional de la Estancia Jesuítica de Alta Gracia y Casa del Virrey Liniers.
- Bonofiglio, M. 2010. Las comunidades productoras de alimentos de la llanura, en *Los pueblos indígenas de Córdoba* Berberían, E. E., (editor) pp 93-101, Ministerio de Ciencia y Tecnología de Córdoba.
- Boom, R., C. J. A. Sol, M. M. M. Salimans, C. L. Jansen, P. M. E. Wertheim-van Dillen y J. van der Noordaa. 1990. Rapid and simple methods for purification of nucleic acids. *Journal of Clinical Microbiology* 28: 495-503.
- Carnese, F. R., F. Mendisco, C. Keyser, C. B. Dejean, J. M. Dugoujon, C. M. Bravi, B. Ludes y E. Crubézy. 2010. Paleogenetical study of pre-Columbian samples from Pampa Grande (Salta, Argentina). *American Journal of Physical Anthropology* 141 (3): 452-462.
- Cerutti, C. 1992. Informe sobre actividades en la cuenca de la Laguna de la Mar Chiquita. Informe al CONICET. Ms.
- Crawford, M. H. 1998. *The origins of Native Americans. Evidence from anthropological genetics*. Cambridge University Press. New York.
- Crespo, C. M., C. B. Dejean, M. B. Postillone, J. L. Lanata y F. R. Carnese. 2010. Historias en código genético. Los aportes de los estudios de ADN antiguo en antropología y sus implicancias éticas. *Runa* 31 (2): 153-174.
- Dantas, M. y G. Figueroa. 2004. *Análisis tecnológico y funcional del registro cerámico del valle de Salsacate y pampas de altura adyacentes*. Tesis de licenciatura. Facultad de Filosofía y Humanidades, UNC, Argentina. Biblioteca de la Facultad de Filosofía y Humanidades, UNC, Córdoba, Argentina.
- Demarchi, D. A., M. Fabra y A. García. 2010. Poblamiento inicial de las Sierras Centrales de Argentina: Nuevas evidencias morfológicas y moleculares, en *III Simposio Internacional "El Hombre Temprano en América"*, Jiménez López, J. C., C. Serrano Sánchez, A. González González, y F. J. Aguilar Arellano, (editores) pp 111-129, Instituto Nacional de Antropología e Historia, Instituto de Investigaciones Antropológicas, UNAM, Museo del Desierto. México.
- Dipierri, J. E., E. Alfaro, V. L. Martinez-Marignac, G. Bailliet, C. M. Bravi, S. Cejas y N. O. Bianchi. 1998. Paternal directional mating in two Amerindian subpopulations located at different altitude in the northwest of Argentina. *Human Biology* 70: 1001-1010.
- Fabra, M. 2008. Patrones geográficos de diferenciación craneofacial entre poblaciones de la región central del país y otras de Argentina: aportes desde la genética del paisaje. *Revista del Museo de Antropología* 1 (1): 13-24.
- Fabra, M. 2009. *El poblamiento prehispánico de Córdoba: una interpretación a partir de evidencias bioantropológicas*. Serie Tesis de Postgrado. Editorial de la Facultad de Filosofía y Humanidades, Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba.
- Fabra, M., A. Laguens y D. A. Demarchi. 2005. Análisis intra e interpoblacional de rasgos craneanos no métricos en aborígenes prehispánicos del actual territorio de Córdoba. *Revista Argentina de Antropología Biológica* 7 (2): 47-65.
- Fabra, M., A. Laguens y D. A. Demarchi. 2007. Human colonization of the central territory of Argentina: design matrix models and craniometric evidence. *American Journal of Physical Anthropology* 133 (4): 1060-1066.
- Fabra, M. y D. A. Demarchi. 2011. Geographic Patterns of Craniofacial Variation in Pre-Hispanic Populations from the Southern Cone of South America. *Human Biology* 83 (4): 491-507.
- Fabra, M., S. Salega y C. González. 2009. Comportamiento mortuario en poblaciones prehispánicas de la región austral de las Sierras Pampeanas durante el Holoceno. *Arqueología* 15: 165-186.
- Fox, C. L. 1996. Mitochondrial DNA haplogroups in four tribes from Tierra del Fuego-Patagonia: inferences about the peopling of the Americas. *Human Biology* 68: 855-871.
- Frenguelli, J. y F. De Aparicio. 1932. Excursión a la Laguna de Mar Chiquita (Provincia de Córdoba). *Publicaciones del Museo Antropológico y Etnográfico de la Facultad de Filosofía y Letras, serie A, II*: 121-166.
- García, A. y D. A. Demarchi. 2006. Linajes parentales amerindios en poblaciones del norte de Córdoba. *Revista Argentina de Antropología Biológica* 8 (1): 57-71.
- García, A. y D. A. Demarchi. 2009. Distribution of Native American mtDNA haplogroups in Central Argentina. *Human Biology* 81 (1): 59-69.
- González, A. R. 1944. Algunas observaciones sobre los caracteres antropológicos de los primitivos habitantes de Córdoba. *Publicaciones del Instituto de Arqueología, Lingüística y Folklore*, Universidad Nacional de Córdoba.
- González, A. R. 1952. Antiguo horizonte precerámico en las Sierras Centrales de la Argentina. *Runa* V: 110-133.

- González, A.R. 1960. La estratigrafía de la gruta de Intihuasi (Pcia. de San Luis, Rep. Argentina) y sus relaciones con otros sitios precerámicos de Sudamérica. *Revista del Instituto de Antropología* 1: 1-331.
- Kaestle, F. A. y K. A. Horsburgh. 2002. Ancient DNA in anthropology: methods, applications, and ethics. *Yearbook of Physical Anthropology* 42: 92-130.
- Kruskal, J. 1964. Multidimensional scaling by optimizing goodness of fit to a nonmetric hypothesis. *Psychometrika* 29: 1-27.
- Laguens, A. 1999. *Arqueología del contacto hispano indígena. Un estudio de cambios y continuidades en las sierras centrales de argentina*. British Archaeological Reports International Series, Oxford.
- Laguens, A. G. y M. Bonnin. 2009. *Sociedades indígenas de las Sierras Centrales. Arqueología de Córdoba y San Luis*. Editorial Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba.
- Laguens, A., D. A. Demarchi y M. Fabra. 2007a. Un estudio bioantropológico y arqueológico de la colonización humana del sector sur de las Sierras Pampeanas, en *Debates actuales en Arqueología y Etnohistoria* Olmedo, E. y F. Ribero (compiladores) pp 119-134, Editorial Universidad Nacional de Río Cuarto, Río Cuarto.
- Laguens, A., E. Pautassi, G. Sario y R. Cattáneo. 2007b. Fishtail proyectil points from Central Argentina. *Current Research in the Pleistocene* 24: 55-57.
- Lee, H. Y., J. E. Yoo, M. J. Park, U. Chung, C. Y. Kim y K. J. Shin. 2006. East Asian mtDNA haplogroup determination in Koreans: Haplogroup-level coding region SNP analysis and subhaplogroup-level control region sequence analysis. *Electrophoresis* 27: 4408-4418.
- Merriwether, D. A., F. Rothhammer y R. E. Ferrell. 1995. Distribution of the four founding lineage haplotype in native Americans suggest a single wave of migration for the New World. *American Journal of Physical Anthropology* 98: 411-30.
- Moraga, M., E. Aspillada, C. Santero, V. Standen, P. Carvallo y F. Rothhammer. 2001. Análisis de ADN mitocondrial en momias del norte de Chile avala hipótesis de origen amazónico de poblaciones andinas. *Revista Chilena de Historia Natural* 74: 719-726.
- Moraga, M., P. Rocco, J. F. Miquel, F. Nervi, E. Llop, R. Chakraborty, F. Rothhammer y P. Carvallo. 2000. Mitochondrial DNA polymorphisms in Chilean aboriginal populations: implications for the peopling of the southern cone of the continent. *American Journal of Physical Anthropology* 113: 19-29.
- Nei, M. 1972. Genetic distance between populations. *American Naturalist* 106: 283-292.
- Nores, R. y D. A. Demarchi. 2011. Análisis de haplogrupos mitocondriales en restos humanos de sitios arqueológicos de la provincia de Córdoba. *Revista Argentina de Antropología Biológica*, en prensa.
- Oliva, M. G. 1947. Contribución al estudio de la arqueología del norte de la provincia de Córdoba. Los paraderos de Pozo de las Ollas y Laguna de la Sal. *Publicaciones del Instituto de Arqueología, Lingüística y Folklore "Dr. P. Cabrera"*, Nro. XVI, Universidad Nacional de Córdoba.
- Outes, F. 1911. Los tiempos prehistóricos y protohistóricos en la Provincia de Córdoba. *Separata de la Revista del Museo de la Plata*, VII (segunda Serie Tomo IV): 261-374.
- Pääbo, S., H. Poinar, D. Serre, V. Jaenicke-Despres, J. Hebler, N. Rohland, M. Kuch, J. Krause, L. Vigilant y M. Hofreiter. 2004. Genetic analyses from ancient DNA. *Annual Review of Genetics* 38: 645-679.
- Pastor, S. 2006. *Arqueología del Valle de Salsacate y pampas de altura adyacentes (Sierras Centrales de Argentina). Una aproximación a los procesos sociales del período prehispánico tardío (900-1573 DC)*. Tesis doctoral. Facultad de Ciencias Naturales y Museo, UNLP, La Plata, Argentina.
- Raymond, M. y F. Rousset. 1995 An exact test for population differentiation. *Evolution* 49: 1280-1283.
- Rivero, D. 2007. *Ecología de cazadores-recolectores en las Sierras de Córdoba. Investigaciones en el sector meridional del Valle de Punilla y pampas de altura*. Tesis doctoral. Biblioteca de la Facultad de Filosofía y Humanidades, UNC, Córdoba, Argentina.
- Rivero, D. y E. Berberian. 2006. El poblamiento inicial de las Sierras Centrales de Argentina. Las evidencias arqueológicas tempranas. Cazadores Recolectores del Cono Sur. *Revista de Arqueología* 1:127-138.
- Rivero, D. y F. Roldán. 2005. Initial peopling of the Cordoba Mountains, Argentina: first evidence from El Alto 3. *Current Research in the Pleistocene* 22: 33-35.
- Serrano, A. 1945. Los Comechingones. *Publicaciones del Instituto de Arqueología, Lingüística y Folklore "Dr. P. Cabrera"*, Serie Aborígenes Argentinos, Nro. 1, Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina.
- Shinoda, K., N. Adachi, S. Guillen y I. Shimada. 2006. Mitochondrial DNA analysis of ancient Peruvian highlanders. *American Journal of Physical Anthropology* 131: 98-107.