



ANTIGÜEDAD Y DISPERSIÓN DEL LINAJE C1D – 16051G EN AMÉRICA DEL SUR

Figueiro, G.¹; Ackermann, E.¹; Hidalgo, P.¹; Politis, G.² y Sans, M.¹

1: Departamento de Antropología Biológica, Facultad de Humanidades y Ciencias de la Educación. Universidad de la República, Montevideo, Uruguay. vazfigue@gmail.com; 2: CONICET, Universidad Nacional del Centro de la Pcia. De Buenos Aires, Argentina.

El ADN mitocondrial (ADNmt) de las poblaciones americanas se define por la presencia de cuatro haplogrupos mayoritarios (fundadores) A, B, C y D, actualmente denominados con más precisión A2, B2, C1 y D1. Recientemente se determinó que el haplogrupo C1 tiene tres componentes fundadores C1b, C1c y C1d, de amplia distribución en las Américas. Hemos detectado un linaje particular de este último en restos prehistóricos del Holoceno tardío del territorio uruguayo, así como en muestras contemporáneas del Uruguay. Asimismo, dos individuos del Holoceno temprano (ca. 9000 años cal a.p.) del sitio Arroyo Seco 2, de la Provincia de Buenos Aires, mostraron tener secuencias de la región hipervariable I (HVR I) correspondientes al haplogrupo C1d, lo cual nos llevó a realizar un análisis más detallado de la variación del haplogrupo en poblaciones antiguas y modernas de América empleando secuencias de la HVR I. Se analizó la dispersión geográfica y la relación filogenética entre distintos linajes del haplogrupo y se estimó una la edad del origen del mismo sobre la base de las mutaciones que separan los linajes locales del probable linaje ancestral. Sobre la base de estos análisis se obtuvo una edad de origen del haplogrupo C1d de 11450 años, con un intervalo de confianza (95%) de entre 7034,6 y 16481 años antes del presente. Este intervalo incluye a la edad radiocarbónica obtenida para los restos de Arroyo Seco 2 (edad calibrada 7050 a 6450 años A.C.), y concuerda con algunas de las estimaciones más recientes respecto a la edad de poblamiento, discrepando sin embargo con otras estimaciones que le dan al proceso una antigüedad media de 19000 años. La presencia de variantes del haplogrupo C1d en restos antiguos de Argentina y Uruguay abre una ventana adicional a la exploración de vínculos interpoblacionales que han sido sugeridos a través de otras líneas de evidencia.