



NIVELES Y CLASES DE VARIACIÓN MORFOLÓGICA Y MOLECULAR: IMPLICANCIAS PARA EL POBLAMIENTO AMERICANO

González José, R.¹; Bortolini, M.²; Santos, F.³ y Bonatto, S.⁴

1: Centro Nacional Patagónico, CONICET. Puerto Madryn, Argentina. rolando@cenpat.edu.ar. 2: Departamento de Genética, Instituto de Biociências, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS, Brasil. 3: Departamento de Biología Geral, ICB, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, MG, Brasil. 4: Faculdade de Biociências, Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS, Brasil.

Las publicaciones de los últimos años en torno a la dinámica de la dispersión de nuestra especie en el continente Americano han defendido modelos de poblamiento basados en evidencias independientes (moleculares, morfológicas, arqueológicas) y han presentado visiones contrapuestas acerca del proceso de poblamiento. Parte de estas contradicciones se fundamenta en aproximaciones no del todo certeras a la naturaleza de la variación que se emplea en la enunciación del modelo. Así por ejemplo, la utilización de categorías discretas para interpretar los patrones de variación craneofacial desconoce su naturaleza continua, multivariante e integrada morfológicamente. Si se parte de un enfoque deficitario en la definición de los patrones de variación craneofacial, entonces se corre el riesgo de realizar análisis espurios, como por ejemplo aquellos que intentan asociar la presencia de haplotipos moleculares específicos a categorías morfológicas (e.g. Paleoamericanos, Amerindios, etc.) supuestamente válidas para plantear esas asociaciones. Varios estudios publicados recientemente han buscado poner a prueba determinados modelos partiendo de la base que un conjunto de cráneos con morfología generalizada debería presentar una diferenciación haplotípica a nivel del mtDNA en relación a grupos de morfología diferente. En otras palabras, se asume que el árbol filogenético del ADN mitocondrial, el de los rasgos cuantitativos del cráneo, y el de las poblaciones, deben ser iguales. En el trabajo que presentamos aquí se sugiere que, si se toma como punto de partida un re análisis de la variación craneofacial a escala continental que no plantee categorías discretas para su interpretación, puede pensarse en un modelo de poblamiento en que la evidencia craneofacial y molecular recabada hasta el momento no entra en contradicciones serias. Basado en cuatro fases temporales de ocupación que son fundamentadas y explicadas a partir de los datos provenientes de la genética molecular, la biología esquelética, la arqueología, y la paleoclimatología, este modelo contempla una población fundadora en Beringia en el final de la última glaciación, caracterizada por alta diversidad craneofacial y por la diferenciación de haplogrupos uniparentales y autosómicos autóctonos. Luego de la expansión hacia América a través de la costa y posteriormente por los corredores libres de hielo, el flujo génico circum-ártico habría permitido la dispersión de caracteres morfológicos derivados extremos así como algunos linajes moleculares desde Asia a América y viceversa.

ASOCIACIÓN DE ANTROPOLOGÍA BIOLÓGICA ARGENTINA

**ACTAS DE LAS NOVENAS JORNADAS NACIONALES DE ANTROPOLOGÍA BIOLÓGICA
PUERTO MADRYN, ARGENTINA, 20 AL 23 DE OCTUBRE DE 2009**