

## PRIMEROS RESULTADOS DEL ANÁLISIS DE ADN MITOCONDRIAL DEL SITIO ARROYO SECO 2, PROVINCIA DE BUENOS AIRES, ARGENTINA

*Figueiro, Gonzalo*<sup>1,2</sup>; *Sans, Mónica*<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Antropología Biológica, FHCE, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay. <sup>2</sup>Sección Genética Evolutiva, FC, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay. vazfigue@gmail.com

El análisis de ADN de restos antiguos permite agregar una dimensión diacrónica a estudios de historias poblacionales. Con el fin de estudiar la composición genética de una muestra temprana de la región pampeana, se extrajo y analizó por RFLP, ADN mitocondrial de una muestra de 23 individuos del sitio Arroyo Seco 2, Provincia de Buenos Aires, con fechados máximos de 7800 años A.P. Fue posible asignar 8 individuos a los haplogrupos B (n = 3), C (n = 4) y D (n = 1), en tanto que en 8 no pudo extraerse ADN, en 3 fue imposible la determinación y en 4 se constató contaminación con ADN moderno. Se exploraron las relaciones de muestras indígenas antiguas y modernas con la muestra de Arroyo Seco 2 que, como supuesto exploratorio inicial, fue considerada representativa de las poblaciones tempranas de la región pampeana. Entre los resultados obtenidos del análisis comparativo se destacan de momento: a) Una relación sugerente entre la muestra de Arroyo Seco 2 y poblaciones modernas del Chaco, Patagonia y sur de Chile y b) una notable diferencia respecto a los Mapuche de la Argentina, lo cual sugiere una discontinuidad entre las poblaciones pampeanas del Holoceno temprano y el Holoceno tardío.

*Palabras clave:* ADN mitocondrial, poblaciones prehistóricas

*Keywords:* mitochondrial DNA, prehistoric populations

Financiado por Comisión Sectorial de Investigación Científica, Universidad de la República