

LINAJES PARENTALES AMERINDIOS EN POBLACIONES DEL NORTE DE CORDOBA

Angelina García¹
Darío A. Demarchi^{1,2}

PALABRAS CLAVE: ADN mitocondrial, Cromosoma Y, Amerindios, Sierras Centrales, Argentina

RESUMEN: Se realiza la tipificación molecular de una muestra de 126 habitantes "criollos" de dos poblaciones del norte de Córdoba (Villa de Soto, en el noroeste y La Para, en el noreste) en los marcadores que determinan los principales linajes/haplogrupos mitocondriales amerindios y en el marcador DYS199*T (M3), diagnóstico de linaje paterno amerindio. El 79% de los individuos analizados pudo ser asignado a uno de los cuatro linajes maternos fundadores. La distribución de frecuencias resultó casi idéntica en las dos poblaciones, siendo los haplogrupos C y D los más frecuentes. Por otra parte, se encontró que sólo el 7,8% de los varones investigados poseen la variante DYS199*T, característica de amerindios. La distribución de linajes maternos amerindios de la muestra de Córdoba es similar a la encontrada en las poblaciones nativas de Patagonia y Tierra del Fuego, lo cual refuerza la hipótesis de un origen común, elaborada a partir de evidencias arqueológicas y morfológicas. *Rev. Arg. Antrop. Biol.* 8(1): 57-71, 2006.

1 Museo de Antropología. Facultad de Filosofía y Humanidades. Universidad Nacional de Córdoba. Argentina.

2 Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). Argentina.

Correspondencia a: Dr. Darío A. Demarchi. Museo de Antropología. Facultad de Filosofía y Humanidades. Universidad Nacional de Córdoba. Av. Hipólito Yrigoyen 174. 5000 Córdoba. Argentina. e-mail: ddemarchi@com.uncor.edu

Recibido 24 Abril 2006; aceptado 12 Septiembre 2006.

KEY WORDS: Mitochondrial DNA, Y Chromosome, Amerindians, Sierras Centrales, Argentina

ABSTRACT: DNA from 126 “criollo” individuals from two localities of the province of Córdoba, Argentina, was extracted and typed to examine the incidence and distribution of the four founding Amerindian mtDNA lineages/haplogroups and the binary marker M3 at locus DYS199. We found that 79% of the individuals belong to one of the four founding mtDNA lineages. The distribution of haplogroups was almost identical in both population samples, being the haplogroups C and D the most frequent. On the other hand, the Amerindian DYS199*T mutation was observed only in 7.8% of the males. Interpopulational analysis based on mtDNA haplogroups distribution shows that Córdoba clusters very close to Patagonia and Tierra del Fuego populations. This result is in agreement with the hypothesis of a common origin for the populations that inhabited the Sierras Centrales of Argentina and those that colonized the southernmost extreme of South America, elaborated on the basis of archaeological and morphological evidences. *Rev. Arg. Antrop. Biol.* 8(1): 57-71, 2006.

INTRODUCCION

La antropología genética investiga las causas de la variación genética humana en el presente y la historia evolutiva que la ha generado (Relethford y Harding, 2001). La cantidad y naturaleza de la diversidad genética en los humanos modernos proporciona valiosa información acerca de nuestra historia evolutiva. Sin embargo, generalmente resulta difícil determinar el origen de la diversidad en esas poblaciones. Esto puede deberse a que sus culturas se han integrado a otras sociedades, resultando en un perfil genético indistinguible del “pool” génico general (Cavalli-Sforza et al., 1991) o bien, como ocurrió en América, a la pérdida de variabilidad como consecuencia de la Conquista y sus secuelas, guerra, esclavitud, hambre y epidemias (Crawford, 1998).

Los grandes avances en esta área de investigación se deben, en gran medida, al desarrollo de la revolucionaria técnica de PCR (polymerase chain reaction) (Saiki et al., 1985). En la actualidad, se dispone de diversas clases de marcadores polimórficos de ADN basados en la amplificación mediante PCR, los cuales son utilizados en el estudio de poblaciones humanas. Sin embargo, existen dos fragmentos del genoma que han recibido especial atención debido a que brindan una gran cantidad de información: el ADN mitocondrial (ADNmt) y la región Y-específica del cromosoma Y (ADN-Y). Ambas son regiones de ligamiento completo que se transmiten en bloque de una generación a la siguiente, es decir que carecen de recombinación y, por lo tanto, acumulan mutaciones en forma secuencial. Pre-

sentan también una tasa de mutación mucho más alta que los genes nucleares y por lo tanto resultan particularmente útiles para estudiar variación a nivel intraespecífico y así distinguir entre poblaciones estrechamente emparentadas. Además, el tamaño poblacional efectivo es menor y, por consiguiente, la frecuencia de haplotipos puede fluctuar más rápidamente, debido a los efectos producidos por la deriva genética, siendo más sensible a eventos fundadores y “cuellos de botella” (Jobling et al., 2004).

Los segmentos de ADNmt y ADN-Y presentan una serie de mutaciones que permiten identificar linajes (maternos y paternos respectivamente) específicos de diferentes grupos humanos. A través del análisis de la variación de la secuencia en esos dos genomas, se pueden identificar los linajes presentes dentro de las poblaciones e inferir la manera en que esos linajes se dispersaron a lo largo de determinadas áreas geográficas. Mas aún, analizando la variación de las secuencias acumuladas en sus genomas, es posible estimar la edad aproximada de los linajes en un lugar particular del mundo, teniendo en cuenta ciertas presunciones relacionadas con el tamaño inicial de la población (Schurr y Sherry, 2004). Se han detectado en el ADNmt mutaciones que permiten identificar cuatro linajes maternos (A, B, C y D) (Schurr et al., 1990; Torroni et al., 1993) que están presentes en más del 90% de los nativos americanos actuales. Existe un quinto linaje (X), pero es mucho menos frecuente y ha sido observado solamente en poblaciones de América del Norte. Por su parte, también existe en el ADN-Y una variante genética (M3 o DYS199*T) que está presente en más del 90% de los varones amerindios, lo cual la convierte en un marcador útil para el diagnóstico de origen amerindio (Underhill et al., 1996; Bianchi et al., 1997; Santos et al., 1999).

A partir del advenimiento de estas herramientas moleculares, un numeroso grupo de investigadores se lanzó a la búsqueda de respuestas acerca del origen, antigüedad, número de migraciones, vías de ingreso y posterior evolución local de las poblaciones nativas americanas (ver síntesis en Crawford, 1998; Salzano, 2002). Estos marcadores de linajes han permitido, además, investigar la composición genética de poblaciones neo-americanas en las cuales es posible inferir la contribución substancial del componente amerindio, pero donde sus integrantes han perdido la pertenencia étnica debido a factores históricos, culturales y sociales. Así, ha sido posible observar que, a pesar de los siglos de colonización europea y de la desaparición de un gran número de etnias americanas, una proporción substancial del pool génico amerindio original se encuentra aún presente en las poblaciones contemporáneas (Dipierri et al., 1998; Mesa et al., 2000; Sans, 2000), lo cual nos impulsa a emprender la reconstrucción de un pasado que hasta hace poco tiempo se creía irremediamente perdido.

En el presente estudio se investiga la composición genética de una muestra de habitantes “criollos” de dos poblaciones rurales del norte de Córdoba, mediante la tipificación de los mismos en los marcadores del ADNmt que determinan los principales linajes maternos amerindios y en el marcador M3, diagnóstico de linaje paterno amerindio. Fueron sus objetivos: a) Determinar la proporción de los linajes amerindios que aún sobreviven en la población criolla contemporánea del norte cordobés; b) Comprobar si esos marcadores muestran variaciones significativas entre las regiones NO y NE que puedan ser asignables a antiguas categorías etno-biológicas descriptivas (Comechingón y Sanavirón); c) Establecer afinidades relativas en cuanto a la distribución de linajes maternos amerindios con otros pueblos originarios de distintas regiones geográfico-ecológicas del Cono Sur americano.

MATERIAL Y METODOS

Se analizaron 126 individuos de ambos sexos, procedentes de 2 poblaciones del norte de la Provincia de Córdoba: Villa de Soto, en el departamento Cruz del Eje, al NO (28 hombres y 33 mujeres) y La Para, en el departamento Río Primero, al NE (49 hombres y 16 mujeres), cercana a la Laguna Mar Chiquita. Las muestras fueron tomadas previo consentimiento escrito de los donantes y llenado de un formulario con datos de procedencia de los participantes y de sus antepasados. En el análisis fueron incluidos sólo aquellos participantes con apellidos criollos y con al menos, 3 generaciones en el lugar de residencia.

El ADN se extrajo a partir de muestras de hisopado bucal, utilizando el kit comercial IsoQuick (Orca Research). La amplificación de las cuatro regiones polimórficas del ADNmt que definen los principales haplogrupos encontrados en poblaciones nativas americanas se realizó mediante la técnica de PCR. Se utilizaron los primers descritos por Stone y Stoneking (1993). Las condiciones de PCR fueron las siguientes: un ciclo de desnaturalización inicial a 94°C por 3 min., seguido por 35 ciclos de 94°C por 30 seg., 54°C por 30 seg. y 72°C por 30 seg. y un ciclo de extensión final a 72°C por 3 min. Los haplogrupos A, C y D fueron analizados por digestión con las enzimas de restricción respectivas (Tabla 1). La tipificación del marcador M3 (DYS199), se realizó siguiendo el procedimiento detallado en Santos et al. (1999), donde se modifica el primer reverso utilizado por Underhill et al. (1995), para crear un sitio de restricción para la enzima Mfe I. Este último introduce un cambio A a G en la secuencia nucleotídica en posición 186 que, en asociación a C en posición 181, crea un sitio de restricción para la enzima Mfe I (alelo *DYS199**C). Las condiciones de PCR fueron las siguientes: un ciclo de desnaturalización inicial a 94°C por 2 min., seguido por 35 ciclos de

94°C por 20 seg., 60°C por 20 seg. y 72°C por 30 seg. más un ciclo de extensión final a 72°C por 3 min. El alelo DYS199*T (no digerido), característico de poblaciones amerindias, aparece como una banda única de 201 pb, mientras que el alelo DYS199*C presenta dos bandas (181 pb + 20 pb). Todas las reacciones de amplificación (tanto para ADNmt como para cromosoma Y) fueron realizadas en un volumen final de 15µl, con 0.5 unidades de Taq ADN polimerasa (Promega), 20 pmoles de cada primer, 200nM de cada desoxinucleótido y el buffer (1X) suministrado por el fabricante. Los fragmentos de ADN fueron separados por electroforesis vertical en geles nativos de poliacrilamida (8%, 19:1), teñidos con GelStar (Biowhittaker Inc.) durante 15 minutos y visualizados en transiluminador.

Tabla 1

Frecuencias de haplogrupos mitocondriales en dos muestras poblacionales del norte de la provincia de Córdoba, definidos por la presencia o ausencia de sitios de restricción y de la delección de 9 pares de bases

Haplogrupo	HaeIII 663	Delección 9 pb	HincII 13259	AluI 5176	La Para	Villa de Soto
A	+	-	+	+	8	7
B	-	+	+	+	3	3
C	-	-	-	+	21	26
D	-	-	+	-	16	15
No A-D	-	-	+	+	18	10
Total					66	61

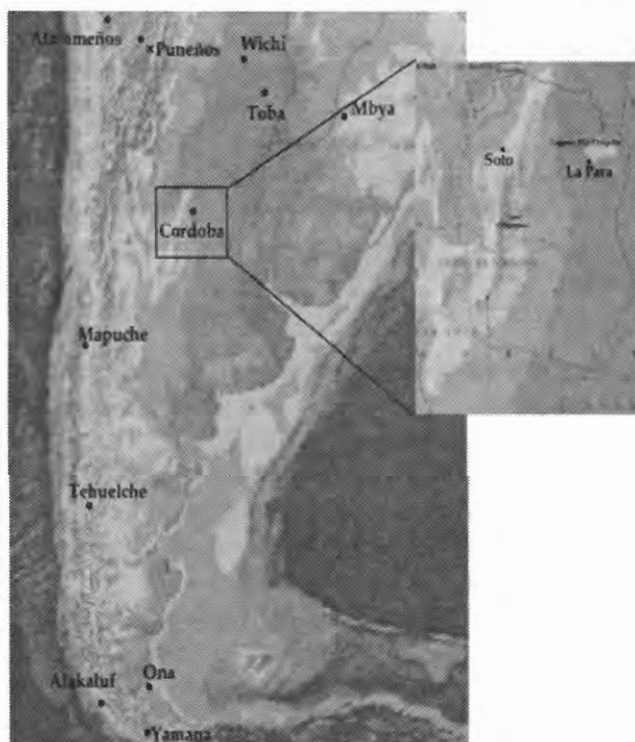
Para el análisis interpoblacional, basado en la distribución de frecuencias de haplogrupos mitocondriales, se incluyeron datos bibliográficos sobre 10 poblaciones nativas del Cono Sur americano (Tabla 2, Figura 1).

La diferencia en la distribución de frecuencias de haplogrupos mitocondriales entre las dos muestras se investigó a través del test Chi-cuadrado. Las relaciones interpoblacionales, basadas en la distribución de frecuencias de haplogrupos mitocondriales, se observaron a través del cluster analysis (UPGMA) de las distancias genéticas Da (Nei et al., 1983) y del análisis de correspondencia, una técnica de ordenación que permite observar en un espacio bi o tridimensional, las similitudes relativas entre un grupo de objetos en relación a los valores que presentan en ciertas variables (Rohlf, 1993), sin depender del ajuste de los datos a algún supuesto teórico particular. Para el cálculo de las distancias genéticas y la construcción del dendrograma se utilizó el programa DISPAN (Ota, 1993). El análisis de correspondencia se realizó mediante el programa NTSYSpc 2.1 (Exeter Software).

Tabla 2

Frecuencia de linajes amerindios en poblaciones del Cono Sur americano

Poblaciones	N	Haplogrupos				Región	Referencias
		A	B	C	D		
Córdoba	99	0.151	0.061	0.475	0.313	Sierras centrales	Este trabajo
Tehuelche	29	0.000	0.210	0.240	0.550	Patagonia	Bravi et al. ms
Ona	12	0.000	0.000	0.500	0.500	Patagonia	Fox 1996
Alakaluf	19	0.000	0.000	0.158	0.842	Tierra del Fuego	Fox 1996
Mapuche	111	0.000	0.072	0.441	0.487	Patagonia	Moraga et al. 2000
Yámana	21	0.000	0.000	0.480	0.520	Tierra del Fuego	Moraga et al. 2000
Puneños	65	0.122	0.647	0.077	0.154	Andes centrales	Dipierri et al. 1998
Atacameños	50	0.120	0.720	0.100	0.060	Andes centrales	Merriwether et al. 1995
Wichí	44	0.091	0.545	0.205	0.159	Gran Chaco	Demarchi et al. 2001
Toba	26	0.269	0.346	0.038	0.346	Gran Chaco	Demarchi et al. 2001
Mbyá-Guaraní	45	0.489	0.333	0.089	0.089	Misiones	Altuna y Demarchi 2003

**Figura 1**

Mapa del Cono Sur, donde se muestra la localización geográfica de las poblaciones incluidas en el análisis interpoblacional.

RESULTADOS

Incidencia de linajes parentales nativos

Linajes maternos. Noventa y nueve de los 126 individuos analizados (79%) pudieron ser asignados a alguno de los cuatro haplogrupos amerindios fundadores. En la localidad de La Para, esta frecuencia es de 74%, mientras que en Villa de Soto alcanza el 83% (Tabla 1). La distribución de frecuencias de haplogrupos resultó casi idéntica en las dos poblaciones (Chi-cuadrado 0,554, gl 3, $p = 0.907$), por lo que ambas muestras fueron tomadas como un grupo único (serie Córdoba) en el análisis interpoblacional.

Linajes paternos. El análisis del marcador diagnóstico M3 puso de manifiesto que sólo el 7,8% de los varones investigados (3 de 49 en La Para y 3 de 28 en Villa de Soto) poseen la variante DYS199*T, característica de poblaciones amerindias. Este resultado contrasta con los altos porcentajes de linajes nativos encontrados en el análisis de ADNmt. Debe mencionarse sin embargo, que ese porcentaje constituye una estimación mínima de la proporción de linajes amerindios, ya que ha sido reportado en varias poblaciones nativas americanas la existencia de otro linaje paterno autóctono (M242), que carece de la transición C a T en el locus DYS199, aunque es minoritario y mucho más restringido geográficamente (Bortolini et al., 2003).

Análisis interpoblacional

En la Tabla 2 se presentan las frecuencias de haplogrupos mitocondriales para la serie Córdoba y otras 10 muestras representativas de diferentes regiones ecológico-geográficas del Cono Sur americano. La serie Córdoba presenta una alta frecuencia de haplogrupos C y D, en coincidencia con lo que sucede en las poblaciones de Patagonia (Mapuches y Tehuelches) y de Tierra del Fuego (Onas, Yámanas y Alakalufes). Por otra parte, los habitantes de la región chaqueña (Wichí y Tobas) y de los Andes sur-centrales (Puneños y Atacameños) tienen alta incidencia de linaje B, mientras que en los Mbyá-Guaraní de Misiones el linaje A es el más frecuente. En la Figura 2 se presenta el resultado del cluster analysis basado en las distancias D_a (Nei et al., 1983). El dendrograma resultante presenta dos grandes agrupaciones bien diferenciadas entre sí. La primera incluye a las poblaciones de las regiones noroeste y noreste, mientras que en la segunda se encuentran los grupos de Tierra del Fuego y Patagonia, agrupados en dos subclusters diferentes y finalmente Córdoba que se une a ambos subclusters a bajos valores de distancia. La técnica análisis de correspondencia permite la construcción de un mapa génico bi o tridimensional donde es posible proyectar simultáneamente,

muestras y variables, en este caso los haplogrupos (Figura 3). El primer eigenvector (que representa el 69,7 % de la variación total) separa a las poblaciones del norte, a la derecha del gráfico, con alta incidencia del linaje B y a las de Patagonia, Tierra del Fuego y Córdoba, a la izquierda del gráfico, con alta frecuencia de los linajes C y D. El segundo eigenvector (que representa el 19,2% de la variación) separa principalmente a los Mbyá-Guaraní (con alta frecuencia del linaje A) del resto de las poblaciones. Básicamente, el mapa génico reproduce el patrón observado en el dendrograma de la Figura 2, es decir, Córdoba se agrupa con las muestras del Sur pero, al mismo tiempo, se aísla ligeramente de ellas.

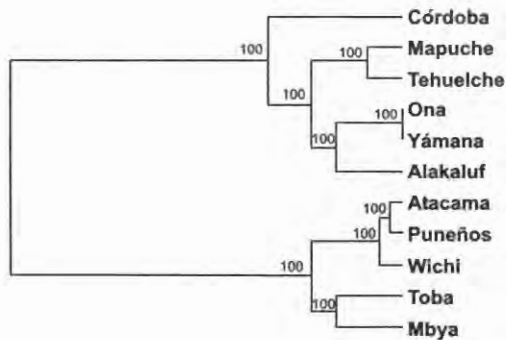


Figura 2

Arbol UPGMA de distancias D_a (Nei et al., 1983), calculado a partir de la distribución de frecuencias de haplogrupos mitocondriales en poblaciones del Cono Sur.

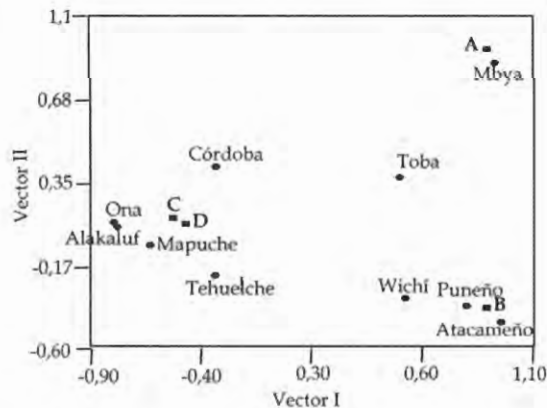


Figura 3

Mapa génico construido mediante la técnica análisis de correspondencia a partir de la distribución de frecuencias de haplogrupos mitocondriales en poblaciones del Cono Sur.

DISCUSION

Se ha verificado en numerosas investigaciones que la composición genética de las poblaciones neoamericanas es el resultado de un flujo génico marcadamente asimétrico donde, como regla general, la contribución amerindia al pool génico de la población proviene de las mujeres, mientras que los linajes paternos son predominantemente europeos. Por ejemplo, en el estudio de Dipierri et al. (1998), quienes analizaron dos poblaciones de la provincia de Jujuy (San Salvador y Humahuaca), se encontró el 100% de ADNmt amerindio, pero una contribución de linajes paternos europeos que varía del 28% al 64% para Humahuaca y San Salvador, respectivamente. Por su parte, Rocco et al. (2002) encontraron en una muestra de la población de Santiago de Chile una contribución amerindia del 84% a partir del análisis de ADNmt, en contraste con una estimación del 40% realizada con marcadores nucleares y del 22% con marcadores del cromosoma Y. Este sesgo direccional en la composición de la población ha sido también reportado en estudios realizados en México (Merriwether et al., 1997; Green et al., 2000), en Colombia (Carvajal-Carmona et al., 2000), en Uruguay (Bonilla et al., 2004; Bertoni et al., 2005) y en numerosos estudios a lo largo de Latinoamérica. Esto indica un patrón generalizado según el cual las mujeres nativas y los inmigrantes varones fundaron las bases de las poblaciones neoamericanas. Parece ser que, simultáneamente con el colapso de las poblaciones aborígenes durante el primer siglo después del contacto, existió una virtual asimilación de las poblaciones nativas a la población “criolla” a través de sus mujeres (Mesa et al., 2000). Nuestros resultados, con casi un 80% de incidencia de linajes maternos amerindios frente a solamente el 7,8% de linajes paternos nativos, se ajustan a ese modelo que parece ser regla general para las poblaciones neoamericanas. Existen, sin duda, matices particulares en las distintas subregiones, donde un tercer componente étnico, el africano (no discutido en este trabajo por estar fuera de nuestros objetivos), podría representar una variación importante.

Era de esperar una elevada incidencia de linajes amerindios para la población de Villa de Soto en virtud de que esa localidad constituía en épocas pasadas un antiguo “pueblo de indios” (Castro, 2003); no así para La Para, localidad surgida a principios del siglo XX y nutrida, especialmente durante la primera mitad de ese siglo, de inmigrantes españoles, árabes e italianos, los que se sumaron a los antiguos pobladores criollos, mestizos y mulatos. Sin embargo, los resultados mostraron en ambas poblaciones una altísima incidencia de linajes maternos nativos, si bien ligeramente más alta en Villa de Soto (83% vs. 75% en La Para), no existen diferencias estadísticamente significativas entre ambas poblaciones (Chi-cuadrado 0,107, 1 gl, $P = 0,743$).

Lo que resulta por demás sugerente es la similitud en la distribución de linajes maternos en ambas poblaciones, si se tienen en cuenta las diferencias geográficas e históricas. La localidad de La Para está situada en la “Región de Ansenúza” (suroeste de la laguna Mar Chiquita), área comúnmente considerada “territorio Sanavirón”, relativamente apartada de las principales rutas. Por su parte, Villa de Soto se ubica próxima a los cordones serranos del noroeste, a pocos kilómetros de varios sitios con pictografías rupestres atribuidas a los “Comechingones” y sobre el antiguo “Camino Real” que constituía la principal ruta al “Alto Perú”. En este contexto geográfico y temporal, uno podría esperar que el haplogrupo B fuera el linaje más frecuente, ya que lo es tanto en los Andes Centrales (Merriwether et al., 1995; Dipierri et al., 1998; Moraga et al., 2000) como en el Chaco argentino (Demarchi et al., 2001). Otra alternativa posible, dada su ubicación central y de lugar de tránsito durante siglos de movimientos poblacionales masivos (al menos en el caso de Villa de Soto), era que los cuatro linajes maternos aparecieran representados con una frecuencia más o menos alta, dada la prevalencia del linaje B en las poblaciones del noroeste y del Chaco, del linaje A en los guaraníes del noreste y de los linajes C y D, en los grupos del Sur. Sin embargo, la aparición de un perfil genético particular y casi idéntico en las dos poblaciones estudiadas sugiere la continuidad geográfica y temporal del pool génico de la población antigua que habitó la región central del territorio argentino, a pesar de la innumerable sucesión de eventos histórico-demográficos ocurridos en tiempos prehispanicos y sobre todo, a partir de la Conquista. Está extensamente documentado que con la conquista y colonización del Tucumán se inició una serie de transformaciones que afectaron al conjunto del “mundo indígena” que habitaba esos territorios (Castro, 2003). Si bien la mayor parte de estas sociedades fueron desestructuradas e incluso “desaparecieron” rápidamente con el avance de la conquista (Piana, 1992), otras sobrevivieron y persistieron reducidas a “pueblos de indios” dentro del sistema de dominación colonial impuesto en la zona rural de la jurisdicción de la ciudad de Córdoba en la Gobernación del Tucumán. Existen trabajos y fuentes que reportan la persistencia de varios de esos “pueblos de indios” (Villa de Soto entre ellos) durante los siglos XVII, XVIII y XIX (Castro, 2003). Con relación a La Para, vale señalar que existe para la región donde se levanta este pueblo un registro arqueológico temporalmente amplio sobre asentamientos humanos (Bonofiglio et al., 2002), favorecidos por un entorno rico en recursos naturales, caracterizado por la presencia de ríos, acequias y espejos de agua. Si bien durante el siglo XX se sumaron a los antiguos pobladores criollos, inmigrantes españoles, árabes e italianos, dadas las características de aislamiento del área, lejos de las rutas principales que conectan las grandes ciudades y situada marginalmente al área de mayor afluencia europea, no debe descartarse la supervivencia del pool génico de las poblaciones originarias.

Al comparar la distribución de haplogrupos/linajes maternos amerindios de nuestra muestra con aquellos encontrados en poblaciones amerindias que habitan en distintas regiones ecológico-geográficas del Cono Sur americano, resulta evidente la similitud con las de Patagonia y Tierra del Fuego, ya que como éstas, encontramos en Córdoba una alta frecuencia de linajes C y D. La persistencia de ese patrón en ambas poblaciones estudiadas refuerza el significado biológico del mismo. Este resultado refuerza la hipótesis de un origen común para las poblaciones de la región central del país y los grupos que colonizaron Patagonia y Tierra del Fuego, elaborada a partir de datos arqueológicos (Laguens y Bonnín, 2000) y de evidencias morfológicas (Fabra et al., 2005; Laguens et al., en prensa). Es necesario advertir, sin embargo, que el alcance de este hallazgo debe analizarse a la luz de al menos dos factores condicionantes: En primer lugar, no resulta del todo correcto considerar a nuestra muestra como una población representativa de aquellas que habitaron la región austral de las Sierras Pampeanas en tiempos prehispánicos (término que, ya de por sí, abarca una enorme profundidad temporal). En segundo lugar, a pesar de que la distribución de haplogrupos sea similar, es necesario un nivel de resolución mayor, a través del análisis de secuencias de la región control del ADNmt, para poder identificar haplotipos en común que muestren de manera inequívoca la existencia de un origen común para las poblaciones primigenias de Córdoba y aquellas de Patagonia y Tierra del Fuego.

CONCLUSIONES

Si bien preliminares, nuestros resultados permiten realizar algunas inferencias y reforzar algunas hipótesis previas, elaboradas a partir de evidencias arqueológicas y morfológicas.

A pesar de los siglos de colonización europea y de la desaparición de un gran número de etnias americanas, el pool génico de las poblaciones originarias del Norte de la Córdoba no ha desaparecido, sino que puede encontrarse en alta proporción en las poblaciones criollas que habitan actualmente la región.

Esta afirmación es solamente válida en lo referente a los linajes maternos dado que, en coincidencia con lo encontrado en numerosos estudios sobre poblaciones neoamericanas, la supervivencia de linajes paternos autóctonos es extremadamente baja, resultado de un flujo génico asimétrico, con poblaciones formadas a partir de un componente paterno mayoritariamente europeo y materno preponderantemente amerindio.

No existen diferencias significativas en cuanto a la distribución de linajes mitocondriales entre los individuos del NO cordobés y aquellos que ocupan la región de NE de la provincia. Esta nueva evidencia es coincidente con lo encon-

trado a partir de rasgos craneanos métricos y no métricos (Fabra et al., 2005; Laguens et al., en prensa) y no se ajusta al modelo de diferenciación bipartita Comechingón-Sanavirón para las poblaciones originarias que habitaban el territorio actual de la provincia de Córdoba, elaborado a partir de antiguos modelos tipológicos.

A nivel regional, la distribución de linajes maternos amerindios encontrados en nuestra muestra refuerzan la hipótesis de un origen común para las poblaciones nativas de la región central del territorio argentino y los grupos de Patagonia y Tierra del Fuego.

AGRADECIMIENTOS

Se agradece a todas las personas que hicieron posible esta investigación a partir de la donación de muestras biológicas. Nuestro agradecimiento también al director del Museo Histórico Municipal "La Para", Lic. Carlos Ferreyra, al Dr. Hugo Figueroa Pensa y al personal del Hospital Municipal de Villa de Soto y a Soledad Ochoa por su valiosa colaboración durante la recolección de muestras. Este estudio se enmarca dentro del proyecto "Historia de las poblaciones prehispánicas del actual territorio de la Provincia de Córdoba: evidencias bioantropológicas y modelos arqueológicos", financiado por FONCyT (PICT 2003, 15187) y constituye parte del tema de la tesis doctoral de Angelina García, becaria de dicha institución.

BIBLIOGRAFIA CITADA

- Altuna ME y Demarchi DA (2003) Haplogrupos mitocondriales en los Mbyá-Guaraní de la Provincia de Misiones. *Revista Argentina de Antropología Bilógica* 5(1):115.
- Bertoni B, Jin L, Chacraborty R y Sans M (2005) Directional mating and a rapid male population expansion in a hybrid Uruguayan population. *Am. J. Hum. Biol.* 17:801-808.
- Bianchi NO, Bailliet G, Bravi CM, Carnese FR, Rothhammer F, Martínez-Marignac VL y Pena SDJ (1997) Origin of Amerindian Y-chromosomes as inferred by the analysis of six polymorphic markers. *Am. J. Phys. Anthropol.* 102:79-89.
- Bonilla C, Bertoni B, González S, Cardoso H, Brum-Zorrilla N y Sans M (2004) Substantial Native American female contribution to the population of Tacuarembó, Uruguay, reveals past episodes of sex-biased gene flow. *Am. J. Hum. Biol.* 16:289-297.
- Bonofiglio M, Villareal E y Ferreyra C (2002) Algunos apuntes sobre la historia

- social y económica de La Para. <http://www.museolapara.gov.ar/xinvesti6.htm>
- Bortolini MC, Salzano FM, Thomas MG, Stuart S, Nasanen SP, Bau CH, Hutz MH, Layrisse Z, Petzl-Erler ML, Tsuneto LT, Hill K, Hurtado AM, Castro-de-Guerra D, Torres MM, Groot H, Michalski R, Nymadawa P, Bedoya G, Bradman N, Labuda D y Ruiz-Linares A (2003) Y-chromosome evidence for differing ancient demographic histories in the Americas. *Am. J. Hum. Genet.* 73:524-539.
- Carvajal-Carmona LG, Soto ID, Pineda N, Ortíz-Barrientos D, Duque C, Ospina-Duque J, McCarthy M, Montoya P, Alvarez VM, Bedoya G y Ruiz-Linares A (2000) Strong Amerind/white sex bias and a possible Sephardic contribution among the founders of a population in northwest Colombia. *Am. J. Hum. Genet.* 67:1287-1295.
- Castro I (2003) Transformaciones y continuidades de sociedades indígenas en el sistema colonial. El caso del pueblo de indios de Quilino a principios del siglo XVII. Tesis de Licenciatura. Facultad de Filosofía y Humanidades. Universidad Nacional de Córdoba.
- Cavalli-Sforza LL, Wilson AC, Cantor CR, Cook-Deegan RM y King MC (1991) Call for a worldwide survey of human genetic diversity: A vanishing opportunity for the human genome project. *Genomics* 11:490-491.
- Crawford MH (1998) *The Origins of Native Americans. Evidence from Anthropological Genetics.* New York, Cambridge University Press.
- Demarchi DA, Panzetta-Dutari GM, López de Basualdo M, Motran CC y Marcellino AJ (2001) Mitochondrial DNA haplogroups in Amerindian populations from the Gran Chaco. *Am. J. Phys. Anthropol.* 115:199-203.
- Dipierri JE, Alfaro E, Martínez-Marignac VL, Bailliet G, Bravi CM, Cejas S y Bianchi NO (1998) Paternal directional mating in two Amerindian subpopulations located at different altitude in the northwest of Argentina. *Hum. Biol.* 70:1001-1010.
- Fabra M, Laguens A y Demarchi DA (2005) Análisis intra e interpoblacional de rasgos craneanos no métricos en aborígenes prehistóricos del actual territorio de Córdoba. *Revista Argentina de Antropología Biológica* 7(2):47-65.
- Fox CL (1996) Mitochondrial DNA haplogroups in four tribes from Tierra del Fuego-Patagonia: inferences about the peopling of the Americas. *Hum. Biol.* 68:855-871.
- Green LD, Derr JN y Knight A (2000) mtDNA affinities of the peoples of North-Central Mexico. *Am. J. Hum. Genet.* 66:989-998.
- Jobling MA, Hurles ME y Tyler-Smith C (2004) *Human Evolutionary Genetics. Origins, Peoples & Disease.* Garland Science, Taylor & Francis Group.

- Laguens A y Bonnin M (2000) Los aborígenes de Córdoba y Santiago del Estero. En Tarragó M (ed): Nueva Historia Argentina. Tomo I: Los Pueblos Originarios y la Conquista. Buenos Aires, Editorial Sudamericana.
- Laguens A, Demarchi DA y Fabra M Un estudio bioantropológico y arqueológico de la colonización humana de las Sierras Pampeanas Australes. Actas de las V Jornadas de Investigadores en Arqueología y Etnohistoria del Centro-Oeste del País. Universidad Nacional de Río Cuarto (en prensa).
- Merriwether DA, Rothhammer F y Ferrell RE (1995) Distribution of the four founding lineage haplotype in native Americans suggest a single wave of migration for the New World. *Am. J. Phys. Anthropol.* 98:411-430.
- Merriwether DA, Huston S, Iyengar S, Hamman R, Norris J, Shetterly S, Kamboh MI y Ferrell RE (1997) Mitochondrial versus nuclear admixture estimates demonstrate a past history of directional mating. *Am. J. Phys. Anthropol.* 102:153-159.
- Mesa NR, Mondragón MC, Soto ID, Parra MV, Duque C, Ortiz-Barrientos D, García LF, Vélez ID, Bravo ML, Munera JG, Bedoya G, Bortolini MC y Ruiz-Linarez A (2000) Autosomal, mtDNA, and Y-chromosome diversity in Amerinds: Pre and post-Columbian patterns of gene flow in South America. *American Journal of Human Genetics* 67:1277-1286.
- Moraga M, Rocco P, Miquel JF, Nervi F, Llop E, Chakraborty R, Rothhammer F y Carvalho P (2000) Mitochondrial DNA polymorphisms in Chilean aboriginal populations: implications for the peopling of the southern cone of the continent. *Am. J. Phys. Anthropol.* 113:19-29.
- Nei M, Tajima F y Tateno Y (1983) Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data. *J. Mol. Evol.* 19:153-170.
- Ota T (1993) *DISPAN: Genetic Distance and Phylogenetic Analysis*. Pennsylvania, Pennsylvania State University.
- Piana J (1992) Los indígenas de Córdoba bajo el Régimen Colonial 1570-1620. Tesis de Licenciatura. Facultad de Filosofía y Humanidades. Universidad Nacional de Córdoba.
- Relethford JH y Harding RM (2001) Population Genetics of Modern Human Evolution. *Encyclopedia of Life Sciences*. Macmillan Publishers Ltd., Nature Publishing Group.
- Rocco P, Morales C, Moraga M, Miquel J, Nervi F, Llop E, Carvalho P y Rothhammer F (2002) Composición genética de la población chilena: Distribución de polimorfismos de DNA mitocondrial en grupos originarios y en la población mixta de Santiago. *Rev. Méd. Chile* 130:125-131.
- Rohlf FJ (1993) *NTSYS-pc. Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System*. Version 1.8. New York, Exeter Publishing, LTD.

- Saiki RK, Scharf S, Faloona F, Mullis KB, Horn GT, Erlich HA y Arnheim N (1985) Enzymatic amplification of beta-globin genomic sequences and restriction site analysis for diagnosis of sickle-cell anemia. *Science* 230:1350-1354.
- Salzano FM (2002) Molecular variability in Amerindians: widespread but uneven information. *Annals of Brazilian Academy of Sciences* 74(2):223-263.
- Sans M (2000) Admixture studies in Latin America: from the 20th to the 21st century. *Hum. Biol.* 72:155-177.
- Santos FR, Pandya A, Tyler-Smith C, Pena SD, Schanfield M, Leonard WR, Osipova L, Crawford MH y Mitchell RJ (1999) The central siberian origin for native american Y chromosomes. *Am. J. Hum. Genet.* 64:619-628.
- Santos FR, Pandya A y Tyler-Smith C (1999) The Central Siberian origin for native american Y chromosomes. *American Journal of Human Genetics* 64:619-628.
- Schurr TG, Ballinger SW, Gan Y, Hodge JA, Merriwether DA, Lawrence DN y Knowler WC (1990) Amerindian mitochondrial DNAs have rare Asian mutations at high frequencies suggesting they derived from four primary maternal lineages. *Am. J. Hum. Genet.* 46: 613-623.
- Schurr TG y Sherry ST (2004) Mitochondrial DNA and Y chromosome diversity and the peopling of the Americas: evolutionary and demographic evidence. *Am. J. Hum. Biol.* 16:420-439.
- Stone AC y Stoneking M (1993) Ancient DNA from a pre-Columbian Amerindian population. *Am. J. Phys. Anthropol.* 92:463-471.
- Torroni A, Schurr TG, Cabell MF, Brown MD, Neel JV, Larsen M, Smith DG, Vullo CM y Wallace DC (1993) Asian affinities and continental radiation of the four founding native American mtDNAs. *Am. J. Hum. Genet.* 53:563-590.
- Underhill PA, Jin L, Zemans R, Oefner PJ y Cavalli-Sforza LL (1996) A pre-Columbian Y chromosome-438 T.G specific transition and its implications for human evolutionary history. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 93:196-200.