



## GENES Y LENGUAS: PATRONES DE DIVERSIDAD DISCORDANTES EN EL TIEMPO.

Tropea, A.<sup>1</sup> y Massarini, A.<sup>1,2</sup>

1: CONICET y Grupo de Investigación en Biología Evolutiva, Facultad de Cs. Exactas y Naturales, UBA, Argentina;  
2: CONICET y Maestría en Política y Gestión de la Ciencia y la Tecnología, Facultad de Farmacia y Bioquímica, UBA, Argentina. anatropea@ege.fcen.uba.ar

La relación entre la dinámica de cambio biológico y el modo de diversificación de las lenguas en poblaciones humanas constituye un tema de gran interés científico desde mediados del siglo XIX. En particular, los trabajos de L.L. Cavalli-Sforza hacia fines de 1980 constituyen un abordaje innovador en el que se asume el *modelo de fisión poblacional (MFP)* como marco teórico para describir la dinámica de poblamiento de nuevos territorios por grupos humanos migrantes. Este modelo supone que a medida que las poblaciones se separan por constricciones demográficas o geográficas, con el tiempo acumulan variantes genéticas y lingüísticas particulares, resultando en una mayor distancia de parentesco entre las poblaciones cuya separación es más antigua. En este sentido, la diversidad acumulada a nivel genético y aquella acuñada a nivel lingüístico en poblaciones de interés presentarían patrones correlacionados, constituyendo reflejos paralelos de una historia evolutiva común. Esta predicción del MFP halla sustento al asumir implícitamente que los mecanismos de cambio a través del tiempo que afectan a los genes y a las lenguas son análogos. A escala mundial, el equipo de Cavalli-Sforza analiza evidencias genéticas y lingüísticas provenientes de distintas poblaciones aborígenes del mundo llegando a la conclusión que ambos tipos de datos son consistentes, de acuerdo a lo esperado bajo el MFP. Desde entonces, una gran cantidad de trabajos estudiaron el esperado paralelismo entre los patrones de diversidad genética y lingüística a distintas escalas geográficas, aplicando diversos enfoques metodológicos. Si bien existen estudios cuyos resultados apoyan la tesis propuesta por Cavalli-Sforza, un número similar de trabajos la rechazan. En este trabajo se analizan comparativamente los patrones de diversidad genética y lingüística de distintas regiones de nuestro planeta presentes en la literatura, en relación con la antigüedad estimada de su poblamiento humano original, con el fin de evaluar la pertinencia teórica del MFP. Los análisis efectuados mostraron una correlación positiva entre la antigüedad del poblamiento y la diversidad genética, medida tanto a nivel del ADN mitocondrial como en loci nucleares. Por el contrario, no se observó ningún patrón subyacente en relación a la distribución de la diversidad lingüística en función del tiempo de ocupación de las distintas regiones. Además, dicha distribución varió según el estimador de diversidad utilizado. En conclusión, se considera que la ausencia de un patrón de cambio de la diversidad lingüística en función de la antigüedad de los pueblos, es un resultado compatible con la propuesta de existencia de mecanismos de cambio exclusivos del nivel lingüístico, los cuales guardarían escaso correlato con los mecanismos que operan en el nivel biológico.

**ASOCIACIÓN DE ANTROPOLOGÍA BIOLÓGICA ARGENTINA**

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