

ADN ANTIGUO EN AMÉRICA

Cristina B. Dejean

Cátedra Antropología Biológica y Paleoantropología. Sección Antropología Biológica. Instituto de Ciencias Antropológicas. Facultad de Filosofía y Letras. Universidad de Buenos Aires. CEBBAD. Licenciatura en Ciencias Biológicas. Universidad Maimónides. Argentina

PALABRAS CLAVE ADN antiguo; primeros americanos; linajes mitocondriales

RESUMEN En este número de la Revista Argentina de Antropología Biológica se presentan aportes de grupos latinoamericanos que desde la paleogenética complementan los datos arqueológicos, morfológicos y lingüísticos. Con diversas metodologías, se analizan linajes mitocondriales para comprender

los procesos que delinearón la distribución espacio temporal de los nativos americanos, su variabilidad y origen, intentando responder interrogantes particulares sobre diferentes grupos que habitaron en el pasado nuestro continente. *Rev Arg Antrop Biol* 19(1), 2017. doi:10.17139/raab.2017.0019.01.01

KEY WORDS ancient DNA; first Americans; mitochondrial lineages

ABSTRACT In this issue of *Revista Argentina de Antropología Biológica*, contributions by Latin American research groups are presented, coming from the field of paleogenetics, that complement archaeological, morphological, and linguistic data. Using various methods mitochondrial lineages were analyzed

to understand the processes that delineated space and temporal distribution of Native Americans, their variability and origin, trying to answer particular questions about the different groups that inhabited our continent in the past. *Rev Arg Antrop Biol* 19(1), 2017. doi:10.17139/raab.2017.0019.01.01

El campo del ADN antiguo ha sido uno de los que más ha crecido en los últimos años. Los hallazgos sobre genomas de *Homo neandertalensis*, *heidelbergensis* y la recién descrita especie a partir de los restos hallados en la cueva de Denisova, han contribuido a la comprensión del origen del *Homo sapiens* de manera significativa. Por un lado la antigüedad del ADN recuperado, unos 300.000 años AP para los restos de Sima de los Huesos y por otro lado la demostración de la hibridación de estas especies con los *Homo sapiens* que habitaban fuera de África han sido posibles gracias a las técnicas de secuenciación masiva.

Los aportes al estudio del proceso del poblamiento de nuestro continente también resultan considerables. Los datos obtenidos a partir de los linajes maternos presentes en los nativos americanos actuales y precolombinos permitieron corroborar el origen asiático de los mismos. Según como se interpreten los datos de los hallazgos, se acumulan las publicaciones en donde se discute si hubo una o varias oleadas de migración que dieron origen a los amerindios. La estimación del momento de divergencia de los clados exclusivamente americanos parece sugerir una entrada a América hace entre 15000-18000 años AP. El número de linajes fundadores, todos derivados de A2,

B2, C1, C4, D1, D4 y X2, va incrementándose a medida que se van conociendo nuevos subclados.

En este número de la RAAB, se han compilado varios trabajos desarrollados por investigadores latinoamericanos que intentan describir la diversidad genética a nivel mitocondrial de los primeros pobladores de nuestro continente. Las tecnologías de los análisis son diversas y dada lo complejo de este tipo de estudios reflejan el esfuerzo de los laboratorios por conseguir resultados reproducibles. Cada publicación intenta responder interrogantes arqueológicos particulares para los sitios o regiones estudiados: Teotihuacan (México), Puna Jujeña, El Diquecito, Esquina de Huajra, Patagonia Argentina (Argentina) e Isla Larga (Uruguay). En las mismas se describe la diversidad intramuestral y su relación con la hallada en el contexto regional de cada estudio, infiriendo el posible origen de los individuos analizados. Las metodologías empleadas van desde la determi-

*Correspondencia a: Cristina Beatriz Dejean. CEBBAD, Licenciatura en Ciencias Biológicas. Universidad Maimónides. Hidalgo 775. 1405 Ciudad Autónoma de Buenos Aires. Argentina. E-mail: dejeancr@gmail.com

Recibido 23 Septiembre 2016; aceptado 7 Noviembre 2016

doi:10.17139/raab.2017.0019.01.01

nación de haplogrupos presentes en muestras, la secuenciación de la región hipervariable y el análisis de mitogenomas completos empleando técnicas de secuenciación masiva.

Estos aportes que describen la variabilidad

genética mitocondrial, intentan complementar los datos arqueológicos, morfológicos y lingüísticos para comprender los procesos que delinearon la distribución espacio temporal de los nativos americanos.