

ARQUEOGENÉTICA EN LA PATAGONIA AUSTRAL

7.000 AÑOS DE HISTORIA EN EL FIN DEL MUNDO

El estudio de genomas antiguos contribuye a reconstruir la historia de las poblaciones humanas de Patagonia Austral. Se identificaron movimientos migratorios asociados a cambios tecnológicos y se observó mestizaje entre poblaciones vecinas.

Josefina M. B. Motti, Pierre Luisi, Mónica Salemme, Fernando Santiago y Rodrigo Nores

La arqueogenética es una disciplina que analiza el ADN recuperado a partir de restos humanos del pasado. El estudio de la variación genética en individuos antiguos de Patagonia Austral, articulado con el conocimiento arqueológico, permite entender mejor cómo se pobló esta región, tan especial por ser

uno de los últimos rincones del mundo en colonizarse. El registro arqueológico da cuenta de transiciones culturales que ocurrieron en diferentes épocas y zonas geográficas de Patagonia Austral, como desarrollos tecnológicos asociados a cambios en materias primas, herramientas y armas usadas. Se destaca en la región el desarrollo de canoas y arpones de hueso para aprovechar los recursos marinos. Para explicar estos cambios culturales, se han formulado distintas hipótesis de movimientos poblacionales en el pasado, tales como migraciones hacia esta región y entre las poblaciones que la habitaban. En el presente artículo se describen los resultados de un estudio arqueogenético recientemente publicado en la revista Nature Communications (ver Nakatsuka et al., 2020, del cual los autores de este artículo formaron parte), en el que fue posible inferir distintos procesos demográficos que ocurrieron en Patagonia Austral en los últimos 6.600 años. Esto se logró a partir de la caracterización de centenares de miles de marcadores genéticos (ver Glosario) a lo largo del genoma (ver Glosario) de 19 individuos, de los cuales se cuenta con restos esqueléticos, y de la comparación de esta información genética con la ya existente para otros individuos con diferente antigüedad, tanto de la región (ver Tabla 1 y Figura 1) como de América. Estos análisis indican que el surgimiento de la especialización para el aprovechamiento de recursos marinos no se asocia a la llegada de una población diferente desde otra región, sino que estaría relacionada a un desarrollo local o al aprendizaje por transmisión cultural. A su vez, los datos analizados dan cuenta de una continuidad genética parcial desde hace al menos 6.600 años, es decir que, hasta el presente, los pobladores de la región comparten antepasados que vivieron allí miles de años atrás. También se identifican dos eventos posteriores de migración desde el norte que coinciden temporalmente con algunos cambios tecnológicos, los que estarían asociados con estos movimientos poblacionales hacia Patagonia Austral. Finalmente, las afinidades genéticas entre grupos vecinos atestiguan el mestizaje (ver Glosario) que ocurrió hace entre 2.200 y 1.200 años.

Palabras clave: ADN antiguo, arqueología, Patagonia, Tierra del Fuego.

Josefina M. B. Motti¹

Dra. en Ciencias Naturales
josemotti@yahoo.com.ar

Pierre Luisi²

Dr. en Biomedicina
pierre.luisi@unc.edu.ar

Mónica Salemme^{3,4}

Dra. en Ciencias Naturales, orientación Arqueología
monica.salemme@gmail.com

Fernando Santiago^{3,4}

Dr. en Arqueología
ersant2@gmail.com

Rodrigo Nores^{2,5}

Dr. en Ciencias Químicas
rodrigonores@ffyh.unc.edu.ar

¹ Facultad de Ciencias Sociales, NEIPHPA-CONICET, Universidad Nacional del Centro de la Provincia de Buenos Aires (UNICEN), Quequén, Argentina

² Facultad de Filosofía y Humanidades, Departamento de Antropología, Universidad Nacional de Córdoba (UNC), Córdoba, Argentina

³ Centro Austral de Investigaciones Científicas (CADIC), CONICET, Ushuaia, Argentina

⁴ Universidad Nacional de Tierra del Fuego (UNTDF), Ushuaia, Argentina

⁵ Instituto de Antropología de Córdoba (IDACOR), CONICET - Universidad Nacional de Córdoba (UNC), Córdoba, Argentina

Recibido: 11/09/2020. Aceptado: 20/11/2020.

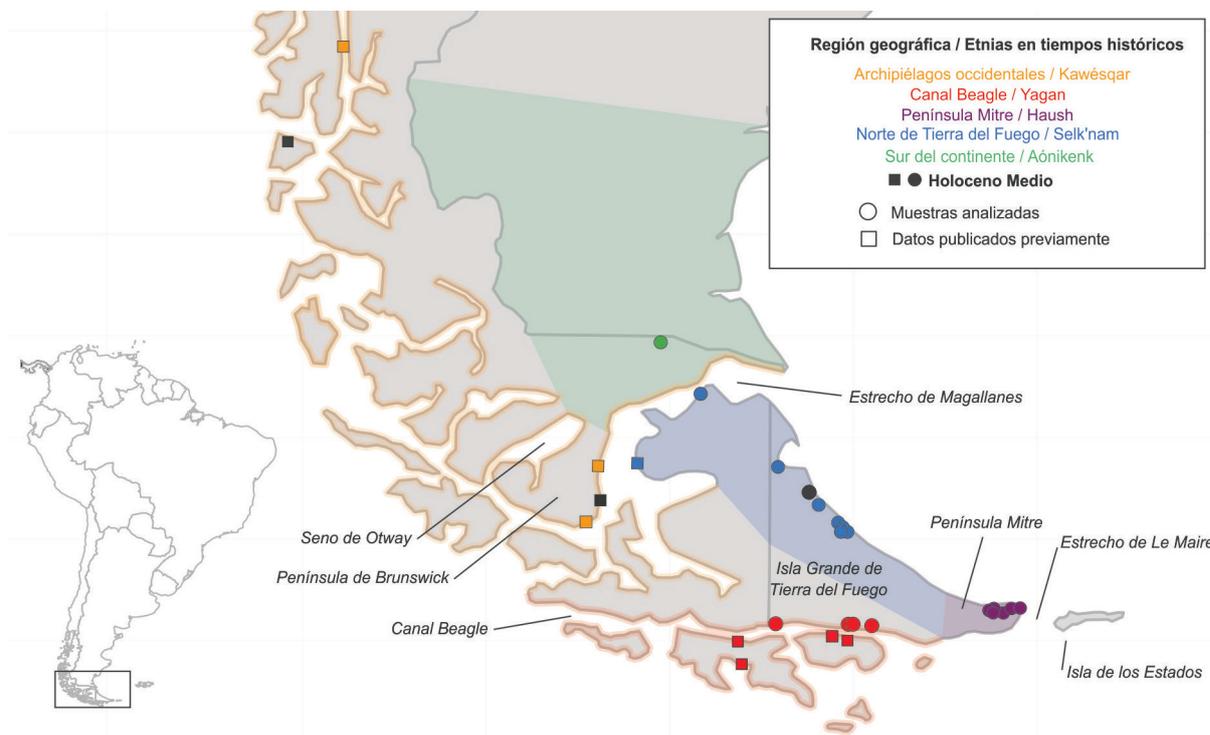


Imagen: Modificada de Nakatsuka et al. (2020).

Figura 1. Mapa de la región de estudio. Cada punto representa un individuo.

Más de 12.000 años de historia

El registro arqueológico del extremo sur de Patagonia (al sur del paralelo 49°) da cuenta de una ocupación humana de más de 12.000 años (ver Figura 2). Son pocos los sitios que se conocen para los períodos denominados Holoceno (ver Glosario) temprano (entre 13.000 y 8.500 años antes del presente AP, aproximadamente) y medio (entre 8.500 y 3.500 años AP). Sin embargo, la densidad de sitios es considerablemente mayor para el Holoceno tardío (menos de 3.500 años AP). Para los últimos siete milenios, la investigación arqueológica ha proporcionado evidencia de múltiples cambios en la cultura material (ver Glosario) que podrían haber estado asociados con la llegada de nuevos grupos a la región.

El primer cambio se relaciona con la aparición de nuevas estrategias de aprovechamiento de los recursos marítimos, incluyendo la adopción de canoas y la fabricación de arpones en hueso hace unos 6.700 años en las costas del Canal Beagle y del Estrecho de Magallanes. Ello hizo posible la caza de lobos marinos y otros pinípedos (ver Glosario) en temporadas en las que no estaban disponibles en la costa, y permitió la ocupación recurrente de los archipiélagos por parte de poblaciones nómadas de cazadores-recolectores. Se han formulado distintas hipótesis para explicar el desarrollo de esta tecnología: por un lado, se propuso que se trataría de una adaptación local de los cazadores-recolectores terrestres ya asentados en la región y, por el otro, que las nuevas tecnologías de navegación se habrían difundido desde el norte mediante transmisión del conocimiento o movimiento de personas.

Tabla 1. Muestras analizadas. Se destacan en negrita aquellas cuyos datos fueron generados por nuestro equipo de trabajo.

Grupo	Nombre del sitio / Expedición	Antigüedad aproximada (años AP)	Número de muestras
Holoceno medio	Ayayema	4.700	1
	La Arcillosa 2	5.800	1
	Punta Santa Ana	6.600	1
Archipiélagos occidentales	Expedición Hagenbeck	100	5
	Punta Santa María	600	1
	Yekchal	1100	1
Canal Beagle	Acatushún	100	1
	Almanza	200	2
	Misión Cabo de Hornos	100	3
	Isla Hoste	1.000	1
	Puerto Williams	600	1
	Río Pipo	1.500	1
Península Mitre	Caleta Falsa - S3	300	1
	Caleta Falsa - S7	300	1
	Caleta Falsa - S8	500	3
	Río Policarpo	400	1
Norte de Tierra del Fuego	Faro Mendez	100	1
	Margen Sur	700	3
	Pozo Tierra del Fuego 1	100	1
	Puesto Pescador 1	400	1
	Misión Rousson y Willems	100	3
Sur del continente	Río Grande	500	1
	Cerro Johnny	400	1

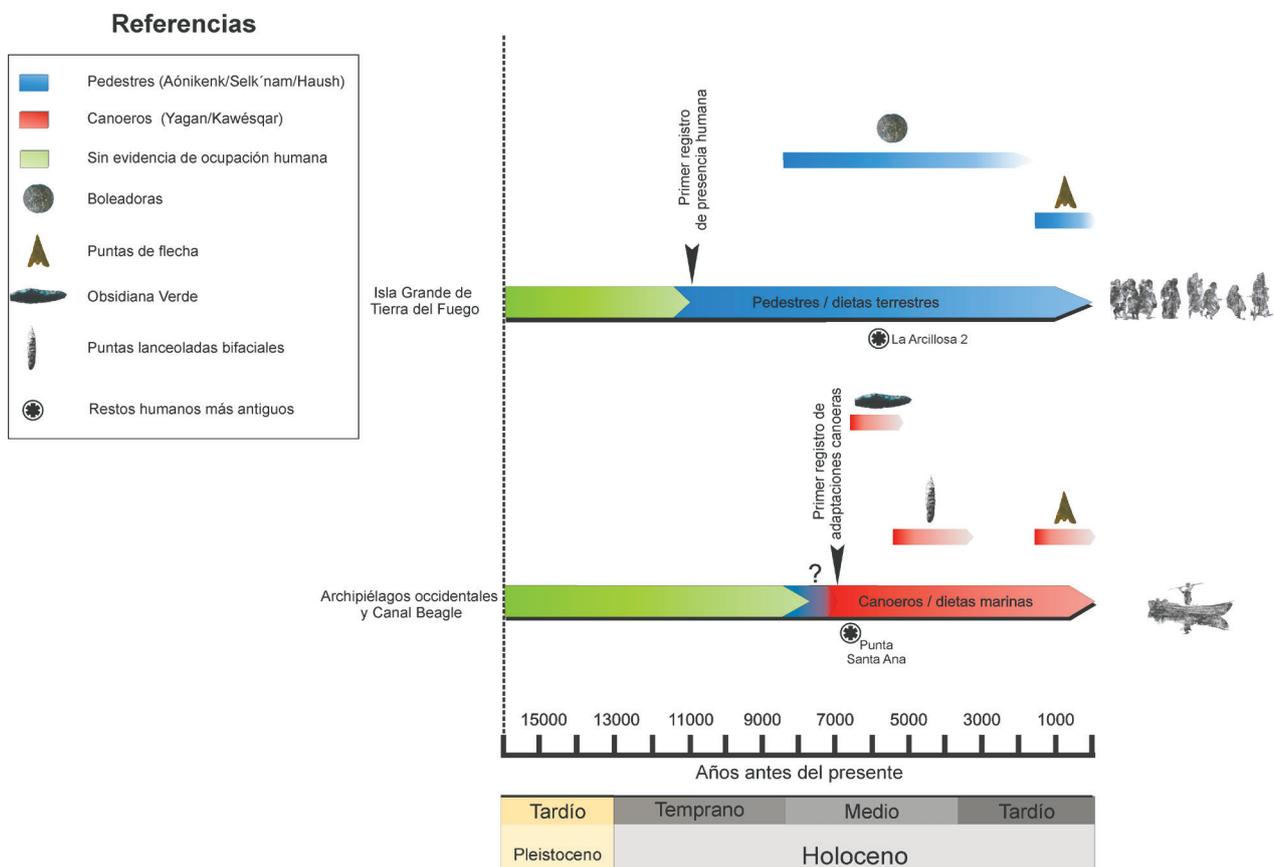
El segundo cambio ocurrió en los archipiélagos occidentales e implicó variaciones en el uso de las materias primas y en la morfología de las herramientas. Los artefactos de obsidiana verde (ver Glosario) que caracterizan al período comprendido aproximadamente entre 6.700 y 6.300 años AP, fueron reemplazados por grandes puntas líticas bifaciales (ver Glosario) de forma lanceolada (ver Figura 2) y manufacturadas con otras materias primas aproximadamente entre los años 5.500 y 3.100 AP. Se ha sugerido que el abandono del uso de la obsidiana verde refleja la pérdida del conocimiento sobre la ubicación de la cantera de extracción de esta materia prima, debido posiblemente a la llegada de grupos humanos no familiarizados con su nuevo territorio.

El tercer cambio implicó innovaciones tecnológicas que tuvieron lugar alrededor de 2.000 años AP, coincidentes con un aumento demográfico en toda la región. El registro arqueológico del Canal Beagle muestra una diversificación en los diseños de las puntas de proyectil líticas, lo que ha sido interpretado como una reorganización y ampliación en las estrategias de adquisición de presas. En los archipiélagos occidentales, la obsidiana verde volvió a ser utilizada como materia prima y, en el norte de Tierra del Fuego, el uso de boleadoras para la caza cesó hace aproximadamente 1.500 años, luego de miles de años de emplear este tipo de arma. Además, un nuevo tipo de punta lítica pedunculada (ver Glosario) usada como

cabezal para armas de proyectil apareció hace unos 2.000 años, lo que culminó con la incorporación de la tecnología de arco y flecha hace aproximadamente 900 años AP, al reducirse su tamaño. La similitud de estas puntas de proyectil del Holoceno tardío con las de épocas posteriores al contacto con los europeos documenta una continuidad cultural desde hace al menos 2.000 años; sin embargo, esto no prueba la continuidad biológica, ya que las técnicas pueden ser copiadas y entornos similares pueden llevar a innovaciones paralelas.

Los pueblos originarios de la región

Cuando los europeos llegaron a la Patagonia Austral en el siglo XVI describieron cinco grupos nativos de cazadores-recolectores (ver Figura 1) que practicaban dos estrategias de subsistencia optimizadas para diferentes geografías: las mesetas y las tierras bajas del este y del norte, y las costas irregulares con islas y archipiélagos en el oeste y en el sur. Los Aónikenk (o Tehuelches del sur), que habitaban la vertiente oriental del territorio continental y los Selk'nam (u Onas), que ocupaban el norte de la Isla Grande de Tierra del Fuego, explotaban principalmente recursos terrestres, tales como guanacos, roedores, zorros y aves a través de la caza, y adicionalmente peces y moluscos mediante la pesca y recolección en la costa. Los Yaganes (o Yámanas) en la región del Canal Beagle y los Kawésqar (o Kawéskar o Alacalufe) en



los archipiélagos occidentales (incluyendo el Estrecho de Otway y las costas del Estrecho de Magallanes) dependían en gran medida de los recursos marinos, a los que podían acceder fácilmente con canoas fabricadas con corteza de guindo, particularmente para la caza de lobos marinos. Los Haush (o Mánekenk), que ocuparon la Península Mitre, en el extremo sudoriental de la Isla Grande de Tierra del Fuego, cazaban animales tanto terrestres como marinos, aunque no disponían de tecnología de navegación. Las relaciones entre los cinco grupos han sido objeto de debate, ya que algunos autores sostienen que el mestizaje entre los diferentes grupos era común en las zonas fronterizas, mientras que otros sugieren que tales uniones eran poco frecuentes.

Cabe aclarar que se mantuvieron los nombres con los que los pueblos originarios se autodenominan desde el momento del contacto europeo-indígena (Selk'nam, Haush, Yagan, Kawésqar y Aónikenk) aun para referirse a individuos/poblaciones anteriores. Sin embargo, es importante recordar que no es posible afirmar que las poblaciones anteriores al contacto también se nombraran a sí mismas de esta manera.

Desde el punto de vista de la cultura material, la dependencia compartida de los recursos marinos de Yaganes y Kawésqar y de los recursos terrestres de los Selk'nam y los Aónikenk podría estar indicando que descienden de dos poblaciones diferenciadas hace mucho tiempo. Sin embargo, las afinidades culturales de los Haush han sido tema de discusión. Por un lado, desde la etnografía se han documentado sistemas simbólicos compartidos con los Selk'nam del norte -por ejemplo, la celebración del Hain, ceremonia de la iniciación masculina a la edad adulta-, sugiriendo que los Haush podrían considerarse como un subgrupo oriental de una entidad más amplia que también incluye a los Selk'nam, sin una relación cultural con los Yaganes. Por otro lado, los análisis zooarqueológicos de los sitios de Península Mitre dan cuenta de una gran dependencia del consumo de recursos litorales, especialmente moluscos, aves y lobos marinos. A su vez, los datos de ocupaciones humanas en la Isla de los Estados, separada de la Península Mitre por el Estrecho de Le Maire, indican que las poblaciones de la región también hicieron uso de canoas en algún momento.

Desde un punto de vista lingüístico, hay fuertes correlaciones con la dieta y la geografía. Por un lado, las lenguas de los Aónikenk, Selk'nam y Haush pertenecen a la familia lingüística Chon. Por otro lado, los Kawésqar y Yaganes suelen ser considerados como aislados lingüísticos, aunque algunos estudiosos consideran que sus lenguas están relacionadas.

A partir de los estudios de la forma de los esqueletos del cuerpo, se infiere que hay diferencias sorprendentes entre los grupos. En el momento del contacto europeo,

los grupos cazadores-recolectores terrestres tenían una estatura significativamente mayor (1,80 metros en promedio) que los marítimos (1,57 metros). Estas diferencias han sido interpretadas como otro indicio de la existencia de dos poblaciones ancestrales, una correspondiente a la vertiente del Atlántico (terrestre) y otra a la vertiente del Pacífico (marítima). Finalmente, otros estudios han interpretado la uniformidad morfológica de los esqueletos más antiguos de esta región como prueba de un único origen con una gran profundidad temporal y una posterior diferenciación ocurrida localmente.

Aunque los estudios genéticos hasta la fecha son limitados, tanto en el número de individuos antiguos estudiados como en los marcadores genéticos tipificados, existen evidencias de que los grupos fundadores de Patagonia Austral estaban constituidos por pocos individuos, tal como lo sugiere el registro arqueológico (sitios pequeños, registros fragmentarios). Además, una vez establecidas las poblaciones en la región, éstas se mantuvieron bastante aisladas y con baja densidad poblacional.

Teniendo en cuenta los estudios previos en la región, surgen varias preguntas que pueden ser abordadas a través de estudios genéticos, tales como: ¿Qué grado de continuidad biológica hubo a través del tiempo en la región? ¿Hay algún cambio genético detectable en las poblaciones que se correlacione con la especialización para la dieta marina surgida hace aproximadamente 6.700 años? ¿Se pueden asociar los cambios tecnológicos, como el abandono del uso de la obsidiana verde a partir del 5.500 AP, y la transición del uso de boleadoras a puntas líticas pedunculadas hace unos 2.000 años AP, con movimientos poblacionales? ¿Hubo mestizaje entre los grupos vecinos de Patagonia Austral? ¿En qué grado? ¿Eran los habitantes de la Península Mitre más similares genéticamente a los grupos cazadores-recolectores marítimos o a los terrestres? ¿Cómo se relacionan los grupos antiguos con los que se encuentran después del contacto europeo-indígena?

¿Cómo se recupera la información del pasado?

Para profundizar en el conocimiento de la historia evolutiva de las poblaciones de la Patagonia Austral se generaron datos genómicos para 19 restos humanos procedentes de las distintas zonas geográficas de la región. Éstos fueron encontrados de manera fortuita, recuperados para evitar su deterioro o pérdida por la acción de agentes naturales, y conservados en instituciones públicas. Antes de la toma de muestras, se realizaron actividades educativas y se mantuvieron conversaciones con miembros de diferentes comunidades originarias de Patagonia Austral acerca de los objetivos, alcances y limitaciones de los estudios de ADN. Durante esas charlas se recibió el apoyo e

interés de algunos de estos miembros para realizar estudios genéticos. Como en el momento de la toma de muestras (año 2016) no existía aún un protocolo para la obtención del consentimiento a nivel comunitario, las muestras fueron tomadas con el permiso de las autoridades de las instituciones que resguardan a los individuos, y exportadas de acuerdo a la legislación vigente, es decir, con la autorización de la Dirección Provincial de Museos y Patrimonio Cultural de la Provincia de Tierra del Fuego y del Instituto Nacional de Antropología y Pensamiento Latinoamericano. Finalmente, los resultados de esta investigación fueron compartidos con miembros de las comunidades del sur de Patagonia.

Para hacer la extracción del ADN antiguo (ADNa), como se denomina al ADN que se recupera de muestras biológicas de origen arqueológico, se utilizó un diente de cada individuo, ya que el esmalte dental actúa como una cubierta protectora que favorece la preservación del material genético en su interior. Con el transcurso del tiempo, el ADN se va degradando y fragmentando, por lo que la obtención de ADNa requiere de condiciones experimentales muy estrictas, tanto para favorecer su recuperación como para evitar la contaminación con ADN humano moderno. Las muestras fueron pulverizadas en un molino criogénico, que produce la fractura de los dientes por enfriamiento con nitrógeno líquido y posterior percusión con un vástago de metal, hasta alcanzar una desintegración completa. Parte del polvillo obtenido se digirió enzimáticamente para terminar de romper las estructuras sólidas y liberar las moléculas de ADNa encerradas en su interior. El ADNa se recuperó mediante filtración en columnas de sílice, un compuesto con afinidad para captar ADN. Luego de la aplicación de diversas técnicas moleculares para purificar y multiplicar la cantidad de ADNa extraído, se secuenciaron (ver Glosario) más de un millón de variantes genéticas a lo largo del genoma de cada individuo. Esta nueva información generada fue comparada con datos publicados previamente, correspondientes a 17 individuos de origen arqueológico de Patagonia Austral (Tabla 1 y Figura 1) y a miembros de comunidades originarias que viven actualmente en la región.

Por otro lado, con el excedente del polvillo de los dientes se realizó la estimación de la antigüedad de cada individuo, a través de la técnica de datación por carbono 14 (C^{14}). El método consiste en la extracción y purificación del colágeno presente en los dientes, proteína en la cual se mide la cantidad del isótopo (ver Glosario) radiactivo C^{14} . Este isótopo se incorpora naturalmente y en muy bajas proporciones al organismo a través de la alimentación, durante toda la vida. Al momento de la muerte, el C^{14} deja de incorporarse y la radioactividad comienza a decaer, reduciendo la

mitad de su radiación cada 5.730 años. En función de la cantidad de radiación medida en cada individuo es posible estimar el tiempo transcurrido desde su muerte (ver Tabla 1).

¿Qué aportan los estudios genéticos?

Los análisis de centenares de miles de marcadores genéticos de individuos de origen arqueológico correspondientes a un amplio rango espacio-temporal pueden ofrecer mucha información para inferir procesos demográficos del pasado, tales como la migración o el mestizaje.

El ADN es una macromolécula que se encuentra en todas las células de nuestro organismo y que contiene la información genética que se hereda de generación en generación. Esta información está codificada en forma de bases nitrogenadas ordenadas secuencialmente, las cuales pueden tomar el valor de adenina, timina, guanina o citosina (A, T, G y C), y organizada en cromosomas. La información genética se recibe de los progenitores a través de la reproducción sexual: en nuestra especie el espermatozoide y el óvulo contienen 23 cromosomas cada uno, por lo que mediante la fecundación se reconstituye la carga genética total de 23 pares de cromosomas del nuevo individuo. La maquinaria para copiar la molécula de ADN es altamente fiable, por lo que en cada duplicación del genoma se producen muy pocos errores. Estos errores son las mutaciones genéticas, estimándose que hay un promedio de una mutación cada 40 millones de bases. Es decir, un individuo presentará sólo 175 mutaciones en todo su genoma si se lo compara con el de sus progenitores. La mutación constituye una fuerza evolutiva, ya que es la fuente de la variabilidad genética. Las mutaciones se acumulan generación tras generación, y su frecuencia en las poblaciones varía en el tiempo según el accionar de las otras tres fuerzas evolutivas: la migración, la selección natural y la deriva genética, que se explicará a continuación. El estudio de los cambios en la composición genética de las poblaciones es el campo de acción de la genética de poblaciones.

Para descifrar cómo se moldeó la diversidad genética dentro y entre las poblaciones, se buscan los modelos matemáticos que mejor expliquen los efectos esperados de las diferentes fuerzas evolutivas sobre los cambios de frecuencia de las mutaciones en las poblaciones generación tras generación. Estos modelos evolutivos predicen la tasa de aparición de estas mutaciones y su posterior difusión en las poblaciones. Para ello, se parte de un modelo de base en el cual ninguna de las fuerzas evolutivas está actuando en la población (modelo nulo). En este caso, la composición genética no cambia generación tras generación, es decir la población no evoluciona. Si a este modelo se le añaden fuerzas evolutivas, se

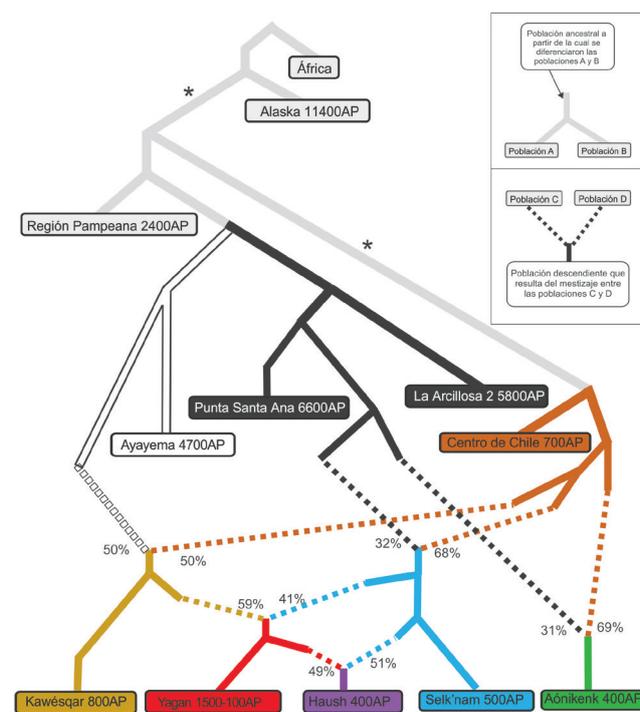
esperan cambios en la composición genética. Primero, la selección natural influye sobre la probabilidad de herencia de las mutaciones, que codifican rasgos que proporcionan mayores o menores posibilidades de que un organismo se reproduzca y/o sobreviva en un entorno determinado (por ejemplo, la resistencia a una enfermedad infecciosa, el metabolismo de los nutrientes, la capacidad de sobrevivir en climas extremos, entre muchos otros). Esta fuerza evolutiva no está vinculada con la historia demográfica, que es el enfoque de este artículo. En segundo lugar, la deriva genética es un término genérico para el hecho de que, en cada generación, algunos individuos dejan más descendientes que otros, simplemente por azar. Entonces, contribuyen más al acervo genético de la siguiente generación, pero no por ser los mejor adaptados a su ambiente. La deriva genética tiene lugar en todas las poblaciones; sin embargo, cuanto menor es el tamaño poblacional, más significativo es su impacto. Cuando el tamaño poblacional se reduce drásticamente, por una epidemia o una catástrofe natural, por ejemplo, un número reducido de individuos de la población contribuirá a la generación siguiente, un caso de deriva genética que se conoce como "cuello de botella poblacional". Asimismo, cuando un grupo reducido de individuos se separa de una población ancestral para fundar una nueva población, la diversidad genética de esta nueva población no será representativa de la observada en la población original. Este fenómeno de deriva genética se denomina "efecto fundador". Y, en tercer lugar, la intensidad de las migraciones entre dos poblaciones, A y B, aumenta las probabilidades de que una mutación que apareció y se difundió en la población A se transfiera a la población B. Las migraciones y la deriva genética afectan a todo el genoma, es decir no actúan sobre mutaciones particulares. Entonces, cuando comparamos las frecuencias de miles de mutaciones a lo largo del genoma en diferentes poblaciones, podemos inferir qué poblaciones se fundaron desde una población ancestral común, cuánto se diferenciaron por deriva genética desde entonces (informando así la profundidad temporal desde su divergencia o los cambios de tamaño poblacional) y cuán intensos fueron los procesos migratorios entre las mismas.

Un enfoque tradicional de la genética de poblaciones humanas para estudiar estas cuestiones, es trabajar con una captura de pantalla actual de la película de la evolución de las poblaciones: se extrae ADN de sangre o saliva en individuos vivos de las poblaciones de interés y se realizan análisis genéticos para entender su historia, estimando el escenario demográfico pasado más probable que explica la diversidad genética en el presente. Sin embargo, nuevas tecnologías permiten la extracción y secuenciación del ADN recuperado de dientes o huesos de individuos de origen arqueológico,

obteniendo así capturas de pantalla a lo largo de la película evolutiva de las poblaciones, lo cual proporciona información muy valiosa para entender su historia.

Para estudiar la evolución de las poblaciones a partir de datos genómicos de muestras antiguas, se desarrollaron una serie de índices llamados F que calculan los grados de ancestría genética (ver Glosario) compartida entre poblaciones o individuos. A mayor tiempo desde que las poblaciones se separaron (y por lo tanto mayor deriva genética), y a menor migración entre ellas, menos ancestría genética compartida. Estos índices parten del postulado de que las poblaciones se organizan en forma de un árbol que da cuenta de las ramificaciones entre las mismas. Los índices F se utilizan para comparar la diversidad genética entre distinto número de poblaciones, usándose generalmente los índices F_3 y F_4 para comparar 3 y 4 poblaciones, respectivamente.

La comparación de diferentes árboles, es decir diferentes agrupamientos de las poblaciones estudiadas por ramificación, permite evaluar matemáticamente cuál estructura de árbol se ajusta mejor a las diferencias genéticas entre grupos o individuos, y así entender cómo se relacionan entre sí, ya sea porque se separaron a partir de una población ancestral común o porque son el resultado de la mezcla entre dos poblaciones diferenciadas anteriormente. Una vez que se calculan los F para muchas combinaciones de poblaciones, y si hay evidencia de mestizaje entre poblaciones, pueden llevarse a cabo pruebas matemáticas más sofisticadas



* El largo de las ramas NO debe interpretarse como indicativo de una mayor o menor similitud genética

Figura 3. Modelo evolutivo para las poblaciones antiguas de Patagonia Austral a partir de los datos genómicos.

Imagen: Modificada de Nakatsuka et al. (2020).

para estimar cuántas poblaciones ancestrales contribuyeron a la conformación de la población de interés y en qué momento ocurrió el mestizaje.

La incorporación de individuos antiguos que poseen datación en los análisis basados en los índices *F* permite a su vez aproximar las fechas de divergencia entre poblaciones. Asimismo, se puede estimar en un rango geográfico dado si ocurrió un cambio drástico en la composición genética, lo que informa sobre potenciales olas migratorias que reemplazaron a las poblaciones preexistentes. En resumen, estimar los grados de afinidad genética entre poblaciones a diferentes tiempos permite poner a prueba las distintas hipótesis sobre divergencia entre poblaciones, eventos migratorios, reemplazos de una población por otra, entre otras. Los estudios genéticos de muestras antiguas toman todo su potencial cuando se acoplan al análisis arqueológico de las mismas, ya que estas hipótesis se formulan desde las similitudes y diferencias de los hallazgos arqueológicos en diversos rangos espacio-temporales.

¿Qué se sabe ahora?

Con los nuevos datos generados en el estudio discutido aquí, se amplió significativamente el rango espacio-temporal de los datos de ADN antiguo para la región, lo cual permite llegar a una mejor comprensión de la historia evolutiva de las poblaciones. En la Figura 3 se resume gráficamente cuáles fueron las relaciones interpoblacionales que pudieron reconstruirse en Patagonia Austral en base a estos nuevos datos. A continuación, se detallan los principales resultados.

Primero, se comparó la similitud genética entre los dos individuos más antiguos encontrados hasta el momento en la región, datados en 5.800 y 6.600 años, respecto a centenares de individuos de toda América que cubren un rango de más de 10.000 años. El más antiguo de estos dos individuos fue hallado en el sitio Punta Santa Ana, situado en la costa del Estrecho de Magallanes en la Península de Brunswick (Chile) y está asociado al consumo de recursos marítimos. El más reciente fue hallado en el sitio La Arcillosa 2, próximo a la costa Atlántica en el norte de la Isla Grande de Tierra del Fuego (Argentina), que está vinculado al consumo de recursos terrestres. A pesar de estar relacionados al aprovechamiento de recursos disponibles en ambientes distintos, estos dos individuos son genéticamente más similares entre sí que respecto a cualquier otro individuo de América incluido en estas comparaciones. Este hallazgo sugiere que las distintas estrategias de adaptación no estarían asociadas a poblaciones diferentes, sino que habría sido una única población que llegó tempranamente a la región, donde los grupos que la constituían implementaron posteriormente distintas maneras de aprovechar los recursos disponibles de acuerdo al

ambiente (ver Figura 4A).

Por otra parte, se encontró que tanto los individuos procedentes del Canal Beagle, como los del norte de Tierra del Fuego y del sur del continente, de entre 2.000 y 100 años de antigüedad, son descendientes de esos individuos más antiguos, pero también de pobladores que llegaron posteriormente a la región. Por el contrario, en individuos de la misma cronología hallados en los archipiélagos occidentales (Chile), no se detecta la señal genética de los individuos más antiguos, sino que éstos descienden de poblaciones que llegaron más tardíamente desde el norte. Los datos analizados permiten inferir el origen de dos migraciones que contribuyeron a estos cambios en el acervo genético de las poblaciones de Patagonia Austral, así como también estimar cuándo ocurrieron.

La primera migración, que impactó en los grupos canoeros de los archipiélagos occidentales y del Canal Beagle, habría llegado por la vertiente pacífica hace entre 4.700 y 2.000 años, ya que se identificó una gran afinidad genética de estos grupos con un individuo de 4.700 años de antigüedad hallado en el norte de los archipiélagos occidentales, en el sitio Ayayema (ver Figura 4B). La segunda migración, que impactó en todas las poblaciones de la región (ver Figura 4C), habría llegado alrededor de 2.000 años AP y estaría vinculada con grupos del centro de Chile (actual área de Santiago de Chile). Es importante destacar que no se dispone de datos genéticos de individuos de origen arqueológico del centro y norte de Patagonia, que también podrían haber estado involucrados en este movimiento poblacional.

Dada la temporalidad estimada para estas migraciones, podrían estar asociadas a cambios tecnológicos que se observan en el registro arqueológico para esos momentos. La primera estaría vinculada a la discontinuidad en el uso de la obsidiana verde como materia prima en los archipiélagos occidentales, y la segunda, a la aparición de un nuevo tipo de punta de proyectil que llevó al reemplazo de las boleadoras para la caza, en el sur del continente y en el norte de Tierra del Fuego.

Por otra parte, al analizar los procesos de mestizaje entre los grupos de Patagonia Austral, se encontró que las poblaciones Haush de la Península Mitre son descendientes tanto de poblaciones del norte de la Isla Grande de Tierra del Fuego como de canoeros del Canal Beagle. Este proceso de mestizaje, que habría ocurrido hace unos 1.300 años podría explicar las similitudes culturales con sus vecinos tanto del norte como del sur de la isla (ver Figura 4D). Esta mezcla entre poblaciones no fue la única en la región, ya que también se determinó que entre 2.200 y 1.200 años atrás, todos los grupos del sur de Patagonia experimentaron un proceso de mestizaje con sus vecinos más cercanos, lo cual generó



similitudes genéticas entre sí, que se correlacionan con la distancia a lo largo de la línea de costa. Este proceso de mestizaje, inferido a partir de los datos genéticos, concuerda con la evidencia arqueológica que da cuenta de una intensificación de las redes de intercambio entre distintos grupos al final del Holoceno tardío. Por ejemplo, el hallazgo de obsidiana verde en sitios del norte de Tierra del Fuego es una clara evidencia del contacto entre las poblaciones canoeras y los cazadores terrestres, ya que la fuente de esta materia prima debió estar disponible únicamente para los primeros. A su vez, en esta época se registra la presencia de un mismo tipo de herramientas (puntas de proyectil pedunculadas utilizadas como lanza o como flecha) en las distintas zonas de la región.

Finalmente, se estudió el vínculo genético de los individuos antiguos con los pobladores originarios que viven actualmente en el mismo territorio. Este análisis sólo se pudo llevar a cabo para las comunidades originarias Kawésqar y Yaganés de Chile, ya que se cuenta con información genómica de representantes actuales de las mismas. Los resultados revelan una continuidad genética de al menos dos milenios en la región, sólo alterada por los eventos de inmigración de europeos, criollos y africanos, vinculados al proceso colonial.

Glosario

Ancestría genética: herencia biológica del ADN de los antepasados, que puede ser rastreada en el genoma de un individuo. También puede referirse a la distribución biogeográfica de la variación genética en las poblaciones.

Cultura material: registro o evidencia arqueológica que permite describir las actividades de una sociedad a partir de instrumentos o artefactos en piedra, hueso, cerámica, textiles, etc., así como fogones o conjuntos faunísticos asociados.

Genoma: conjunto de todo el ADN que se encuentra en cada célula de un organismo. En la especie humana, consiste en 23 pares de cromosomas en el núcleo y un cromosoma más pequeño en las mitocondrias. El estudio del conjunto de datos a partir de marcadores a lo largo del genoma se denomina Genómica.

Holoceno: período geológico iniciado luego del retroceso definitivo de los glaciares, hace aproximadamente 13.000 años, hasta la actualidad. Se divide en tres subperíodos: Holoceno temprano (entre 13.000 y 8.500 años AP, aproximadamente), medio (entre 8.500 y 3.500 años AP) y tardío (menos de 3.500 años AP).

Isótopos: distintos tipos de átomos de un mismo elemento, que se diferencian por el hecho de que sus núcleos tienen una cantidad diferente de neutrones, y por lo tanto, difieren en número másico.

Marcador genético: segmento de ADN con una ubicación identificable en un cromosoma. Un marcador puede ser parte de un gen o de una sección de ADN sin función conocida.

Mestizaje (entendido en este artículo como mestizaje genético): formación de una nueva población mediante la mezcla de dos o más poblaciones ancestrales, previamente aisladas entre sí por un período suficientemente largo de tiempo para que cada una presente un acervo genético diferenciado.

Obsidiana verde: roca también conocida como vidrio volcánico. Es una materia prima muy apropiada para la confección de herramientas por

su excelente filo. Según su composición química, puede presentar distintos colores; la obsidiana verde se diferencia por tener altos niveles de hierro y magnesio que le confieren su color.

Pinípedos: orden de mamíferos adaptados a la vida acuática marítima. Son de cuerpo fusiforme y extremidades transformadas en aletas, con respiración pulmonar y piel gruesa con una capa de grasa que les preserva del frío. En Patagonia Austral se encuentra principalmente el lobo marino sudamericano.

Puntas líticas bifaciales: instrumentos de piedra tallados en ambas caras, para generar una hoja (o limbo) con buena aerodinámica.

Puntas líticas pedunculadas: puntas de proyectil triangulares, con un estrechamiento en su base (denominado pedúnculo) que se utilizaba para enmangar en un astil. Su tamaño es más pequeño en momentos tardíos, a partir de la incorporación del arco como instrumento de lanzamiento.

Secuenciación: determinación mediante técnicas bioquímicas del orden de las cuatro bases nitrogenadas (adenina, timina, guanina y citosina) que constituyen el ADN.

Resumen

Se ha propuesto que las migraciones podrían explicar cambios culturales identificados en el registro arqueológico de Patagonia Austral, como el desarrollo de estrategias de aprovechamiento de recursos marinos y modificaciones en las herramientas utilizadas. El análisis del genoma de individuos de origen arqueológico revela una continuidad genética durante 6.600 años y sugiere que los movimientos poblacionales no explican la aparición de la adaptación marina, adquirida por desarrollo local o por transmisión cultural. Sin embargo, dos eventos de migración posteriores estarían correlacionados con cambios vinculados a tecnologías líticas. Además, se observa que ocurrieron procesos de mestizaje entre grupos vecinos hace 1.500 años.

Para ampliar este tema

- Comas, D. (2014). *La genética de las migraciones humanas. Siguiendo el rastro de las migraciones a través de nuestro genoma*. MÉTODE Science Studies Journal, 4. [Disponible en internet].
- Nakatsuka, N., P. Luisi, J. Motti, M. Salemme, F. Santiago, M.D. D'Angelo Del Campo, R.J. Vecchi, Y. Espinosa-Parrilla, A. Prieto, N. Adamski, A.M. Lawson, T.K. Harper, B.J. Culleton, D.J. Kennett, C. Lalueza-Fox, S. Mallick, N. Rohland, R.A. Guichón, G.S. Cabana, R. Nores, and D. Reich. (2020). *Ancient genomes in South Patagonia reveal population movements associated with technological shifts and geography*. Nature Communications, 11(1): 3868. [Disponible en internet]
- Oría, J., F. Santiago y M. Salemme. (2011). *Haciendo arqueología en la estepa fueguina*. La Lupa. Colección fueguina de divulgación científica, 2:18-23.
- Orquera, L., E. Piana, D. Fiore y A.F. Zangrando. (2012). *Diez mil años de fuegos*. Arqueología y Etnografía del fin del mundo. Buenos Aires, Argentina: Dunken.
- Santiago, F. (2013). *La ocupación humana en el norte de Tierra del Fuego durante el Holoceno medio y tardío. Su vinculación con el paisaje*. Ushuaia, Argentina: Aguafuerte. [Disponible en internet].
- Terranova, E., L. Marchionni, D. Herno, R. Blanco, L. Magnín, V. Linch, E. García Añino, B. Mosquera, N. Carden y L. Miotti. (2016). *Vivir en la Patagonia. Una historia antigua: Arqueología de las primeras poblaciones del sur del continente*. La Plata, Argentina: Quire-Quire.