

Ancestría materna de los individuos del sitio Chimpay (Río Negro) e implicancias para la interpretación de un contexto mortuorio del siglo XIX

Maternal ancestry of individuals from the Chimpay site (Río Negro) and implications for interpreting a mortuary context of the 19th century

*Postillone M. Bárbara**, *Alejandro Serna†*, *Cristina B. Dejean‡* y *Luciano Prates§*

RESUMEN

En este trabajo se presentan los resultados de la caracterización de la ancestría materna de dos individuos inhumados en el sitio arqueológico Chimpay, en el valle del río Negro, a finales del siglo XIX. Se trata del entierro doble de una mujer adulta con un variado y abundante acompañamiento funerario, y de un hombre que vestía un uniforme militar del Estado argentino. En trabajos previos basados en el análisis de la evidencia arqueológica, bioarqueológica y etnohistórica se planteó como hipótesis principal que el contexto correspondía al entierro de un líder militar mapuche, aunque no se había confirmado fehacientemente la ancestría del individuo. A fin de contrastar esta hipótesis, se presentan aquí los resultados del análisis de la ascendencia materna de ambos individuos a partir del estudio de la secuencia de la HVR I del ADN mitocondrial (ADNmt). Como resultado se obtuvo la presencia del subhaplogrupo D1g en el hombre y el haplogrupo B2 en la mujer. El primero es altamente frecuente en muestras arqueológicas y actuales del norte de la Patagonia y la Araucanía chilena, y el segundo en poblaciones actuales huiliches, pehuenches, tehuelches y mapuches. Estos resultados permiten confirmar la ancestría nativa americana de ambos y, por lo tanto, reforzar la idea de que el sitio representa un entierro de un líder militar mapuche.

* División Antropología, Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Universidad Nacional de La Plata.
postillone.barbara@fcnym.unlp.edu.ar

† Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas. División Arqueología, Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Universidad Nacional de La Plata. aserna@fcnym.unlp.edu.ar

‡ Instituto de Ciencias Antropológicas, Facultad de Filosofía y Letras, Universidad de Buenos Aires.
dejeancr@gmail.com

§ Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas. División Arqueología, Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Universidad Nacional de La Plata. lprates@fcnym.unlp.edu.ar

Palabras clave: Haplogrupos mitocondriales, ADN antiguo, Patagonia

ABSTRACT

In this paper the results of the maternal ancestry analyses of two individuals buried in the Chimpay archaeological site (Negro river valley) at the end of the 19th century are presented. This site is a double burial of an adult woman accompanied by varied and abundant funerary goods, and of a man wearing an Argentinian military uniform. In previous works based on the analysis of archaeological, bioarchaeological and ethnohistorical evidence, it was proposed as the main hypothesis that the context represents the burial of a Mapuche military leader. Nevertheless, the ancestry of these individuals has not been reliably confirmed so far. In order to test the main hypothesis, we present here the results of the analysis of the maternal ancestry of both individuals through the study of the HVR I sequence of mitochondrial DNA (mtDNA). As result we obtained the presence of the D1g subhaplogroup in the man and the B2 haplogroup in the woman. The first is highly frequent in archaeological and modern samples from northern Patagonia and the Chilean Araucanía, and the second in current Huiliches, Pehuenches, Tehuelches and Mapuches populations. These results allow us to confirm the Native American ancestry of both individuals and, therefore, to reinforce the idea that Chimpay represents a burial of a Mapuche military leader.

Keywords: Mitochondrial haplogroups, Ancient DNA, Patagonia

Recibido: 06/07/2020

Aceptado: 28/11/2020

INTRODUCCIÓN

El río Negro fue un área con una intensa dinámica social desde los primeros contactos hispano-indígenas en el siglo XVI hasta fines del siglo XIX (Bechis, 2008; Mandrini 2002; Mandrini y Ortellì 2008; Nacuzzi, 1998). Toda la cuenca funcionó como una importante vía de comunicación y de comercio que utilizaron varios grupos indígenas como huiliches, tehuelches, mapuches y pehuenches en camino hacia los pasos cordilleranos que permitían cruzar a Chile desde el centro-sur del territorio actual de la provincia de Neuquén. A finales del siglo XIX, una mujer y un hombre adultos fueron sepultados en un entierro doble en la cuenca del río Negro, pocos kilómetros río arriba de la Isla de Choele Choel (Prates *et al.*, 2016; Serna *et al.*, 2015) (Figura 1). Lo más notable del entierro era que presentaba una combinación de rasgos indígenas e hispano-criollos, lo cual genera cierta ambigüedad para la interpretación precisa del contexto (Prates *et al.*, 2016). La presencia de objetos de acompañamiento funerario junto a ambos cuerpos y el origen indígena de algunos de ellos eran claras referencias al mundo indígena, pero la posición extendida de los cuerpos y la evidencia de que el hombre vestía un uniforme militar argentino cuando fue enterrado apuntaban al mundo hispano-criollo.

Mediante el análisis bioarqueológico de los restos humanos (Serna *et al.*, 2015), los materiales que acompañaban al conjunto mortuorio (Prates *et al.*, 2016) y la información etnohistórica referida a las costumbres funerarias en Norpatagonia y la Araucanía a fines del siglo XIX (de Jong *et al.*, 2020), se planteó la hipótesis de que el sitio correspondía a un entierro indígena y que el hombre había cumplido un rol con cierta jerarquía política, militar y/o social. Posiblemente, un cacique o un capitanejo con un cargo militar otorgado por el Estado argentino. Más allá de la presencia de rasgos morfológicos dentales en el hombre más comunes en indígenas que en hispano-criollos y de la fuerte afinidad del sitio Chimpay con un ritual funerario mapuche (i.e. *suttee*), la ancestría de ambos individuos no había sido descrita hasta el momento con indicadores biológicos precisos.

En este contexto, los objetivos de este trabajo son determinar si efectivamente los cuerpos enterrados en Chimpay corresponden a individuos con ascendencia nativa americana, con especial atención en el hombre por las ambigüedades de su acompañamiento funerario, y aportar nuevas evidencias filogenéticas para tiempos históricos en Norpatagonia mediante el análisis de la ancestría materna a partir del estudio de la secuencia de la Región Hipervariable I (HVR I, por sus siglas en inglés) del ADN mitocondrial (ADNmt). El estudio de los linajes maternos en restos humanos pre-hispánicos e históricos se ha convertido en una herramienta útil para abordar los procesos demográficos y de estructuración poblacional a través del tiempo y el espacio (Matisoo-Smith y Horsburgh, 2012) pero han sido escasamente aplicados en el área de estudio (Crespo *et al.*, 2017; Parolin *et al.*, 2019; Posth *et al.*, 2018; Postillone *et al.*, 2020).

El ADNmt, transmitido únicamente por la madre a su descendencia (Giles *et al.*, 1980), es el marcador molecular más utilizado en genética de poblaciones prehistóricas debido, principalmente, a su mayor probabilidad de recuperación por encontrarse en varios miles de copias por célula. Si los individuos de Chimpay fueran de ancestría indígena esperaríamos encontrar en ellos haplogrupos mitocondriales propios de las poblaciones nativas del Cono Sur de Sudamérica. Para esta región se han descrito hasta el momento los haplogrupos mitocondriales A2, B2, C1 y D1, junto a todos sus subhaplogrupos y haplotipos derivados (Bodner *et al.*, 2012; de la Fuente *et al.*, 2015; de Saint Pierre *et al.*, 2012 a y b; Moraga *et al.*, 2010; Motti *et al.*, 2017; Perego *et al.*, 2010; Postillone *et al.*, 2019, 2020). En la Patagonia argentina y en la Araucanía chilena se hallaron con mayor frecuencia los linajes mitocondriales nativos americanos D1, D1g, B2i, C1b13 y D4h3 (Arencibia *et al.*, 2019; Bobillo *et al.*, 2010; Bodner *et al.*, 2012; Crespo *et al.*, 2017; de la Fuente *et al.*, 2015; de Saint Pierre *et al.*, 2012 a y b; Moraga *et al.*, 2010; Motti *et al.*, 2019; Parolin *et al.*, 2019; Perego *et al.*, 2010; Postillone *et al.*, 2019, 2020; Raghavan *et al.*, 2015). Estos linajes maternos probablemente se originaron en esa región durante

el Pleistoceno final o el Holoceno temprano (de la Fuente *et al.*, 2015; de Saint Pierre *et al.*, 2012 a y b; Moraga *et al.*, 2010; Motti *et al.*, 2017). Migraciones recientes desde Europa y zonas vecinas modificaron la composición mitocondrial existente, diluyendo la presencia de algunos de esos linajes maternos nativos americanos, pero aun en los estudios genéticos de poblaciones modernas puede detectarse la continuidad espacial y temporal de alguno de esos linajes (Postillone *et al.*, 2019).



Figura 1. Mapa con la ubicación del sitio arqueológico Chimpay (39°9′51.95″S, 66°8′44.70″O).

MATERIALES Y MÉTODOS

Descripción del sitio arqueológico y de los restos analizados

El sitio está constituido por un entierro humano doble con los individuos dispuestos en posición extendida y en forma paralela. Según lo descrito por Serna *et al.* (2015), el individuo 1 (Ch-1), masculino de entre 25 y 35 años al momento de su muerte, corresponde a un entierro primario, dispuesto en posición decúbito dorsal extendida con los miembros superiores e inferiores situados paralelamente al tronco. El cráneo no presenta evidencias de deformación artificial y la mayor parte del sector izquierdo de la bóveda y del esqueleto facial se encuentran ausentes. La

configuración morfológica dental (elevados grados de dentición en forma de pala) sugiere una mayor probabilidad de que corresponda a una población de origen nativo americana que a una europea (Serna *et al.*, 2015).

El individuo Ch-2 es una mujer de entre 40 y 49 años al momento de la muerte (Serna *et al.*, 2015). También corresponde a un entierro primario, pero en posición decúbito ventral extendido, con los miembros superiores dispuestos paralelamente al tronco y los inferiores levemente flexionados. El cráneo está completo, no muestra evidencias de deformación artificial, y sólo conserva tres dientes en posición oclusal. Si bien algunos indicadores de estrés anatómico sugieren la realización frecuente de actividades de molienda e hilado, asociadas con la esfera de actividades de las mujeres mapuches de fines de siglo XIX (Serna *et al.*, 2015), no son entendidos como evidencias determinantes de ancestría indígena.

Para el desarrollo de este estudio se utilizó un tercer molar superior derecho del individuo Ch-1 y un primer premolar inferior izquierdo del individuo Ch-2. Ninguna de las piezas dentales seleccionadas presenta signos patológicos (*e.g.* caries, defectos en el desarrollo del esmalte). Ambas piezas fueron procesadas en el laboratorio de ADN antiguo de la Universidad Maimónides. El laboratorio cuenta con áreas físicamente separadas y acondicionadas para: a) limpieza y pre-procesamiento de las muestras; b) purificación y preparado de reacciones para amplificación y c) amplificación por PCR. Las electroforesis en gel de agarosa se llevan a cabo en otro laboratorio separado. Actualmente, todo el material bioarqueológico se encuentra bajo la custodia del Museo Provincial Eugenio Tello (Viedma) y de la Secretaria de Cultura de la Provincia de Río Negro.

Pre-procesamiento de muestras

Para el procesamiento y análisis de las muestras se tomaron los recaudos y medidas necesarias para evitar la contaminación del material arqueológico con ADN de quienes lo manipulan, con ADN de microorganismos o animales que hayan estado en contacto con la muestra en el sitio de entierro, o la contaminación cruzada con otras muestras recolectadas y almacenadas de manera conjunta (Pickrell y Reich, 2014; Willerslev y Cooper, 2005).

Como primer paso se limpiaron todas las superficies del material utilizado durante el procesamiento de las muestras con hipoclorito de sodio al 10% y con alcohol al 70%. El material fue irradiado por 45 min de cada lado con luz ultravioleta en campana, así como también se irradió todo el laboratorio previamente a su uso. Se utilizaron puntas descartables con filtros para las micropipetas para evitar la contaminación con aerosoles. Como otra medida de recaudo, las muestras fueron procesadas en su totalidad por una sola persona (M.B.P.; con un haplotipo

mitocondrial T1 con los polimorfismos: T16126C, T16198C, C16294T, C16296T, T16304C).

Procedimiento de extracción del ADN antiguo

En cada pieza dental se desbastó la dentina interna con un mini torno (Dremel) tanto de la corona como de la raíz. El polvo obtenido se dividió en tubos de 1,5 ml, en varias alícuotas que contenían de 70 a 100 mg. En cada extracción que se llevó a cabo por cada pieza dental, se utilizó una de estas alícuotas. Se hicieron como mínimo dos extracciones por cada pieza siguiendo el método de Fenol-Cloroformo-Alcohol isoamílico (25:24:1) tomado y modificado de Green y Sambrook (2012) tal como se describe en Postillone (2016), y purificado utilizando el equipo AccuPrep® PCR Purification Kit (BIONEER). Por cada muestra extraída se realizó un blanco de extracción, es decir, un tubo que contiene todos los reactivos utilizados pero que no contiene ninguna muestra ni material biológico, como control de posible contaminación y que será tratado durante todo el procesamiento como una muestra más.

Luego se realizó una cuantificación de la cantidad aproximada de ADN utilizando un gel de agarosa al 1%, y como marcadores de peso molecular, diluciones 1:10 y 1:100 del ADN del bacteriófago lambda según las especificaciones del fabricante (511µg/ml, Promega).

Amplificación y secuenciamiento de la Región Hipervariable I del ADN mitocondrial

Mediante la reacción en cadena de la polimerasa (PCR, por sus siglas en inglés) se procedió con la amplificación de la HVR I de la región control del ADNmt. Esta se llevó a cabo en tres fragmentos traslapados de menos de 220 pb cada uno, que comprenden desde la posición 15984 a la 16410 del genoma mitocondrial, utilizando seis cebadores ya descritos (Adachi *et al.*, 2004; Gabriel *et al.*, 2001; Ivanov *et al.*, 1996; Postillone, 2016; Ricaut *et al.*, 2004). Las reacciones de PCR se realizaron en un volumen de 25 µl conteniendo: 1X de Hot Start PCR Buffer (Thermo Scientific), 2 mM de MgCl₂ (Thermo Scientific), 0,4 µM de cada par de cebadores (Invitrogen), 0,2 mM de cada dNTP (Thermo Scientific), 1 U de Maxima Hot Start *Taq* DNA Polymerase (Thermo Scientific) y 5 µl de la muestra de ADN_a como templado. En cada amplificación se incluyó un blanco o control de contaminación (i.e. tubos que contienen únicamente los reactivos de amplificación). Estas reacciones se realizaron en 45 ciclos con una temperatura de anidamiento de los cebadores de 54°C.

Para observar los productos de amplificación se realizó una electroforesis en geles de agarosa al 1% y se utilizó una escalera de peso molecular de 100pb. Las muestras que presentaban una banda intensamente visible fueron purificadas con el equipo AccuPrep® PCR Purification Kit (BIONEER), siguiendo el protocolo descrito por el fabricante. La única modificación fue en el último paso, en el que la elución de las muestras se realizó en agua de calidad para biología molecular, según lo recomendado por el servicio de secuenciación en las condiciones de envío de las muestras. Las mismas fueron secuenciadas en la Unidad Genómica del Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA) de la sede Castelar, utilizando un secuenciador automático 3130XL Genetic Analyzer con el equipo BigDye™ Terminator Sequencing Kit (Applied Biosystems).

Análisis preliminares de las mutaciones observadas y comparativos a nivel regional

Los electroferogramas de las secuencias obtenidas fueron revisados y editados manualmente utilizando el programa Mega 7.0.26 (Kumar *et al.*, 2016). Las secuencias (disponibles para consulta en la División de Arqueología del Museo de La Plata) fueron alineadas con MAFFT 7.012b (Katoh y Standley, 2013), utilizando el algoritmo FFT-NS-2. De las dos secuencias obtenidas para cada muestra, se obtuvo una secuencia consenso teniendo en cuenta aquellas mutaciones que se encontraban en ambas secuencias. Para definir el haplogrupo de cada individuo se utilizó el programa en línea Haplogrep (Klöss-Brandstätter *et al.*, 2011) y se tuvieron en cuenta las mutaciones descritas como específicas para cada haplotipo en Perego *et al.* (2010) y Phylo Treemt (Van Oven y Kayser, 2009).

Se generó una base de datos comparativa compuesta por 199 secuencias de ADNmt de individuos actuales y arqueológicos cercanos geográficamente (Tabla 1). Con el fin de estimar con qué muestras tienen más semejanzas las secuencias del sitio Chimpay, se construyeron redes de haplotipos utilizando el algoritmo de Median Joining y un post-procesamiento de máxima parsimonia con el programa Network 5.0.0.3 (Bandelt *et al.*, 1999). A cada sitio se le asignó un peso proporcional a su frecuencia de aparición en los diferentes haplogrupos mitocondriales teniendo en cuenta lo propuesto por Soares *et al.* (2009).

Región	n total	n secuencias para B2	n secuencias para D1	Referencias
Centro-Sur de Chile	84	34	50	de Saint Pierre <i>et al.</i> 2012 a; Moraga <i>et al.</i> 2000
Río Negro	54	26	28	Bobillo <i>et al.</i> 2010; Crespo <i>et al.</i> 2017; de Saint Pierre <i>et al.</i> 2012 a
Mendoza	19	9	10	Motti <i>et al.</i> 2017
Neuquén	32	6	26	Postillone <i>et al.</i> 2019
Sur de Buenos Aires	10	0	10	Crespo <i>et al.</i> 2017; Postillone <i>et al.</i> 2020
Total	199	75	124	

Tabla 1. Descripción de las muestras comparativas utilizadas para construir las redes de haplotipos.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Para ambos individuos se obtuvo ADN mitocondrial apto para amplificar y secuenciar la HVR I. Para cada individuo se realizaron dos extracciones de alícuotas del polvo de dentina diferentes, de cada una de las cuales se obtuvo una secuenciación de la HVR I. Al obtenerse dos secuencias iguales, se generó una única secuencia consenso. El individuo Ch-1 presentó mutaciones características del subhaplogrupo D1g más la mutación 16364T, mientras que en Ch-2 se identificaron mutaciones típicas del haplogrupo B2, junto a la mutación adicional 16197T (Tabla 2).

Individuo	Pieza Dental	Subhaplogrupo	Polimorfismos de HVR I (16024-16365)
Ch-1	M3SD	D1g	C16187T - C16223T - T16325C - T16362C - C16364T
Ch-2	PM1II	B2	T16182C- T16189C - C16197T - T16217C

Tabla 2. Descripción de la pieza dental analizada por individuo, el subhaplogrupo obtenido y los polimorfismos de la HVR I que lo caracterizan.

En la red haplotípica del haplogrupo D1 se observa que Ch-1 posee un haplotipo que no está presente en otro de los individuos comparados, que se diferencia del D1g nodal por un solo polimorfismo (Figura 2). El centro-sur de Chile y oeste de Río Negro presentan la mayor diversidad de haplotipos de D1g. En líneas generales, los linajes maternos de los restos humanos arqueológicos se diferencian del subhaplogrupo nodal por dos o tres polimorfismos.

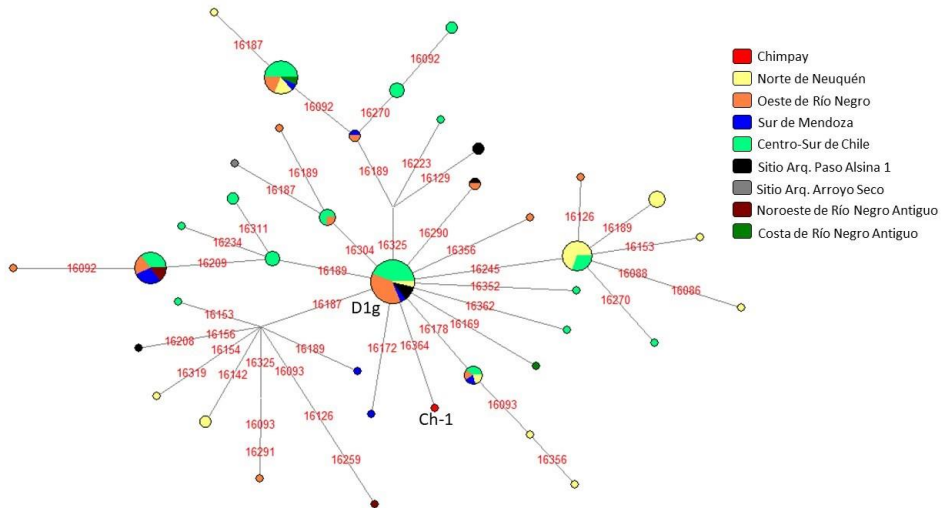


Figura 2. Red haplotípica de D1g y sus variantes. El tamaño del círculo es proporcional al número de individuos que poseen ese haplotipo.

Por su parte, el haplotipo del individuo Ch-2 se diferencia del haplogrupo nodal B2 por dos polimorfismos, y es el único entre los linajes comparados que posee esa combinación de mutaciones (Figura 3).

Si bien las piezas dentales presentaban un grado de deterioro externo importante, se obtuvo ADN suficiente para su amplificación y secuenciación de la región HVR I en ambos individuos. El individuo Ch-1 presentó un haplotipo D1g que no coincide con el de los otros individuos analizados de Norpatagonia debido a que presenta la mutación adicional C16364T. Lo mismo sucede con el individuo Ch-2 que posee un haplotipo B2 caracterizado por el polimorfismo C16197T. Sin embargo, según las redes filogenéticas de ambos subhaplogrupos, los haplotipos obtenidos, que presentan uno o dos eventos mutacionales de diferencia con el haplotipo central, son cercanos filogenéticamente a otros muy frecuentes en toda la región patagónica y centro-sur de Chile. Se realizó una búsqueda de posibles coincidencias en la base en línea EMPOP (<https://empop.online>) y el haplotipo de

Ch-1 no coincidió con ninguno de los 208 D1g que posee dicha base. Lo mismo sucedió para el haplotipo de Ch-2 con los 211 B2 descriptos para la región. Según un estudio previo sobre análisis bayesianos de estimación de edades de los linajes maternos en poblaciones actuales, la complejidad en la diversidad haplotípica de D1g, principalmente, y de B2, puede deberse a que ambos serían los linajes más antiguos en la región con ca. 15.000 y 14.000 años, respectivamente (de Saint Pierre *et al.*, 2012 a).

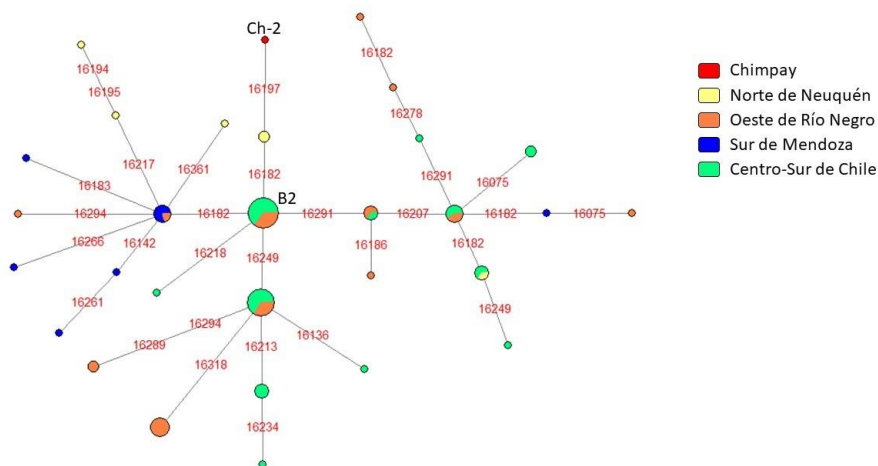


Figura 3. Red haplotípica de B2 y sus variantes. El tamaño del círculo es proporcional al número de individuos que poseen ese haplotipo.

El subhaplogrupo D1g y sus variantes están muy representados en todo el norte de la Patagonia y la Araucanía chilena, tanto en muestras arqueológicas de ca. 2500 a 200 años AP, como en actuales (Crespo *et al.*, 2017; de Saint Pierre *et al.*, 2012 a; Motti *et al.*, 2017; Postillone *et al.*, 2019, 2020). Alguno de los haplotipos de D1g hallados en los individuos pre-hispánicos se encuentran en poblaciones actuales, como por ejemplo el linaje materno D1g+C16290T, presente en muestras actuales del oeste de Río Negro y en restos humanos del sitio arqueológico Paso Alsina 1, en el valle inferior del río Colorado (de Saint Pierre *et al.*, 2012 a; Postillone *et al.*, 2020).

El haplogrupo B2 está ampliamente distribuido en todo el continente americano, con su mayor presencia en el norte y centro de los Andes. A nivel regional de Norpatagonia es muy frecuente en poblaciones actuales huiliches, pehuenches, tehuelches y mapuches, en especial su subhaplogrupo B2i, a ambos

lados de la Cordillera de los Andes (de Saint Pierre *et al.*, 2012 a; Postillone *et al.*, 2019). Sin embargo, ni este ni sus derivados han sido registrados en otras muestras antiguas del norte de la Patagonia. Esto es llamativo ya que diferentes haplotipos de B2 fueron encontrados en la región pampeana, en dos restos humanos de ca. 6800 años AP del sitio arqueológico Laguna Chica (Posth *et al.*, 2018) y en una gran proporción de individuos del lago Salitroso (Patagonia meridional) de entre 600 y 300 años AP (Arençibia *et al.*, 2019). Para la región de Chile, Moraga *et al.* (2009) utilizó la técnica de RFLP (i.e. polimorfismos en el largo de los fragmentos de restricción) para detectar el haplogrupo B en muestras del sitio arqueológico Baño Nuevo 1 de ca. 8800 años AP, en Patagonia central, y en otros sitios ubicados más al sur, como Río Bote y Oreja de Burro, de entre ca. 3700 y 3500 años AP. También se describió la presencia del subhaplogrupo B2i en dos individuos de Conchalí, cerca de Santiago de Chile, de 860-600 años AP (Posth *et al.*, 2018). Es posible que la ausencia de estos haplogrupos en la región se deba a una limitación de muestreo por los pocos estudios de ADN antiguo llevados a cabo en el área hasta el momento.

Aunque nuestros resultados no permiten descartar una ancestría mixta de los individuos de Chimpay, la confirmación de la ancestría materna nativa americana refuerza la idea propuesta desde otras líneas de evidencia (de Jong *et al.*, 2020; Prates *et al.*, 2016; Serna *et al.*, 2015), de que el hombre sepultado con uniforme militar fue un cacique o un capitanejo. Son abundantes las referencias sobre el uso de este tipo de atuendo por los jefes militares mapuches en sus ceremonias mortuorias durante los siglos XVIII y XIX; especialmente a partir de mediados del siglo XIX, cuando el Estado argentino comenzó a otorgar títulos militares a muchos líderes en el marco de la firma de tratados de paz (de Jong, 2011; de Jong *et al.*, 2020). Este fue sin dudas uno de los principales símbolos de prestigio político y militar en las jefaturas mapuches de Pampa, Norpatagonia y la Araucanía a fines del siglo XIX.

CONCLUSIONES

Los resultados de este trabajo muestran que el hombre y la mujer del sitio Chimpay eran portadores del subhaplogrupo materno Dg1 y del Haplogrupo B2, respectivamente, propios de las poblaciones nativas del Cono Sur de Sudamérica, y con una fuerte presencia en Patagonia, a ambos lados de la cordillera. Esto confirma la ancestría materna nativa americana de ambos individuos, planteada como hipótesis en trabajos previos a partir del estudio de evidencias arqueológicas y bioarqueológicas, aunque no implica descartar la posibilidad de ancestría mixta, la cual puede ser caracterizada en futuros estudios. Al confirmarse estos resultados de la ascendencia materna indígena, y teniendo en cuenta que el hombre fue enterrado

con un uniforme militar como vestimenta, se refuerza la idea de un rol de cacique o capitanejo, o de algún rango militar otorgado por el Estado argentino durante su expansión en la segunda mitad del siglo XIX.

En un contexto general, el intento de eliminar a los pueblos originarios que habitaban en el norte de la Patagonia durante la “Campaña del Desierto”, así como procesos migratorios más recientes o eventos evolutivos regionales, moldearon la estructura poblacional existente hasta momentos de contacto hispano-indígena y, posiblemente, diluyeron la variabilidad previa de linajes maternos. Al igual que otros estudios de ADN antiguo, los resultados aquí presentados proveen nueva evidencia sobre esa variabilidad y sobre su dilución en las poblaciones locales actuales como resultado de procesos demográficos recientes. Si bien para definir con mayor precisión la ancestría de los individuos de Chimpay es necesario realizar análisis más exhaustivos y contar con un número más alto de polimorfismos, o con la secuencia de la región control completa, la descripción de dos nuevos linajes maternos contribuye al entendimiento de la diversidad de los subhaplogrupos D1 y B2 en el extremo Sur de Sudamérica.

AGRADECIMIENTOS

A Tranquilo Zaccaria, Daniel Cabaza y al Museo Paleontológico de Lamarque (Río Negro) por la denuncia de la inminente destrucción del sitio Chimpay. A la Secretaría de Cultura de Río Negro por la iniciativa y solicitud de rescate del sitio. Los trabajos de campo y análisis de los materiales fueron realizados por solicitud y autorización de la Secretaría de Cultura de la provincia de Río Negro, con fondos de la Agencia Nacional de Promoción Científica y Tecnológica (PICT-2015-3645) y del Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (PIP-CONICET N° 244/15).

REFERENCIAS

Arencibia, V., C. M. Crespo, S. García Guraieb, M. G. Russo, C. B. Dejean y R. Goñi.

2019. Análisis genético poblacional de grupos cazadores recolectores del Holoceno tardío del lago salitroso (Santa Cruz, Argentina). *Revista Argentina de Antropología Biológica* 21 (2).
<https://doi.org/10.24215/18536387e004>

Adachi N, K. Umetsu, W. Takigawa y K. Sakaue. 2004. Phylogenetic analysis of the human ancient mitochondrial DNA. *Journal of Archaeological Science* 31 (10): 1339–1348.
<https://doi.org/10.1016/j.jas.2004.02.011>

Bandelt, H-J., P. Forster y A. Röhl.

1999. Median-Joining Networks for inferring intraspecific phylogenies. *Molecular Biology & Evolution* 16 (1): 37-48.
<https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a026036>

Bechis, M. (comp.).

2008. *Piezas de etnohistoria del sur sudamericano*. Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC). Madrid.

- Bobillo, M. C., B. Zimmermann, A. Sala, G. Huber, A. Röck, H-J. Bandelt, D. Corach y W. Parson. 2010. Amerindian mitochondrial DNA haplogroups predominate in the population of Argentina: towards a first nationwide forensic mitochondrial DNA sequence database. *International Journal of Legal Medicine* 124 (4): 263-268. <https://doi.org/10.1007/s00414-009-0366-3>
- Bobner, M., U. A. Perego, G. Huber, L. Fendt, A. W. Röck, B. Zimmermann, A. Olivieri, A. Gómez-Carballa, H. Lancioni, N. Angerhofer, M. C. Bobillo, D. Corach, S. R. Woodward, A. Salas, A. Achilli, A. Torroni, H-J. Bandelt y W. Parson. 2012. Rapid coastal spread of First Americans: Novel insights from South America's Southern Cone mitochondrial genomes. *Genome Research* 22 (5): 811-820. <http://www.genome.org/cgi/doi/10.1101/gr.131722.111>
- Crespo, C. M., M. G. Russo, A. Hajduk, J. L. Lanata y C. B. Dejean. 2017. Variabilidad mitocondrial en muestras precolombinas de la Patagonia argentina. Hacia una visión de su poblamiento desde el ADN antiguo. *Revista Argentina de Antropología Biológica* 19 (1). <http://doi.org/10.17139/raab.2017.0019.01.07>
- de la Fuente, C., J. Galimany, B. M. Kemp, K. Judd, O. Reyes y M. Moraga. 2015. Ancient marine Hunter-Gatherers from Patagonia and Tierra del Fuego: diversity and differentiation using uniparentally inherited genetic markers. *American Journal of Physical Anthropology* 158 (4): 719-729. <https://doi.org/10.1002/ajpa.22815>
- Gabriel, M. N., E. F. Huffine, J. H. Ryan, M. M. Holland, T. J. Parsons. 2001. Improved mtDNA sequence analysis of forensic remains using "mini-primer set" amplification strategy. *Journal of Forensic Sciences* 46: 247-253.
- Giles, R. E., H. Blanc, H. M. Cann, D. C. Wallace. 1980. Maternal inheritance of human mitochondrial DNA. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 77 (11): 6715-6719. <http://www.jstor.org/stable/9630>
- Green, M. R. y J. Sambrook. 2012. *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*. 4^o Edición. Cancer Institute. Melbourne.
- Ivanov, P. L., M. J. Wadhams, M. M. Holland, V. W. Weedn y T. J. Parsons. 1996. Mitochondrial DNA sequence heteroplasmy in the Grand Duke of Russia Georgij Romanov establishes the authenticity of the remains of Tsar Nicholas II. *Nature Genetics* 12: 417-420.
- de Jong, I. 2011. Las alianzas políticas indígenas en el período de organización nacional: una visión desde la política de Tratados de Paz (Argentina 1852-1880). En Quijada, M. (ed.) *De los cacicazgos a la ciudadanía. Sistemas políticos en la frontera. Río de la Plata, siglos XVIII-XX*: 81-146. Ibero-Amerikanisches Institut Preussischer Kulturbesitz. Berlín.
- de Jong I, A. Serna, E. Mange y L. Prates. 2020. Mortuary rituals and the suttee among Mapuche chiefdoms of Pampa-Patagonia. The double burial of the Chimpay site (Argentina). *Latin American Antiquity* 31 (4): 838-852. <https://doi.org/10.1017/laq.2020.66>
- Katoh, K., y D. M. Standley. 2013. MAFFT multiple sequence alignment version 7: Improvements in performance and usability. *Molecular Biology & Evolution* 30 (4): 772-780. <https://doi.org/10.1093/molbev/mst010>
- Klöss-Bandstätter, A., D. Pacher, S. Schönherr, H. Weissensteiner, R. Binna, G. Specht, y F. Kronenberg. 2011. HaploGrep: a fast and reliable algorithm for automatic classification of mitochondrial DNA haplogroups. *Human Mutation* 32 (1): 25-32. <https://doi.org/10.1002/humu.21382>
- Kumar, S., G. Stecher y K. Tamura. 2016. MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 7.0 for bigger datasets. *Molecular Biology & Evolution* 33: 1870-1874. <https://doi.org/10.1093/molbev/msw054>
- Mandrini, R. J. 2008. *La Argentina aborigen. De los primeros pobladores a 1910*. Colección Biblioteca Básica de Historia. Buenos Aires, Siglo XXI editores.
- Mandrini, R. J. y S. Ortelli. 2002. Los "araucaños" en las pampas (c. 1700-1850). En Boccara, G. (ed.) *Colonización, Resistencia y Mestizaje en las Américas (Siglos XVI-XX)*: 237-257. Ediciones Abya-Yala. Quito.
- Matisoo-Smith, L. y K. A. Horsburgh. 2012. *DNA for Archaeologists*. Left Coast Press. California.
- Moraga, M., P. Rocco, J. Miquel, F. Nervi, E. Llop, R. Chakraborty, F. Rothhammer y P. Carvallo. 2000. Mitochondrial DNA polymorphisms in Chilean aboriginal populations: implications for the peopling of the Southern Cone of the continent.

American Journal of Physical Anthropology 113 (1): 19-29.

[https://doi.org/10.1002/1096-8644\(200009\)113:1%3C19::AID-AJPA3%3E3.0.CO:2-X](https://doi.org/10.1002/1096-8644(200009)113:1%3C19::AID-AJPA3%3E3.0.CO:2-X)

Moraga, M., F. Mena, O. Reyes, G. Barrientos, R. Goñi, N. Franco y L. A. Borrero.

2009. Linajes mitocondriales fundadores en restos humanos prehistóricos de Patagonia y Tierra del Fuego. En *Actas de las Novenas Jornadas Nacionales de Antropología Biológica*: 42. Asociación de Antropología Biológica. Puerto Madryn.

Moraga, M., M. de Saint Pierre, F. Torres, y J. Ríos. 2010. Vínculos de parentesco por vía materna entre los últimos descendientes de la etnia Kawesqar y algunos entierros en los canales patagónicos: evidencia desde el estudio de linajes mitocondriales. *Magallania* 38 (2): 103-114.

<http://dx.doi.org/10.4067/S0718-22442010000200006>

Motti, J. M. B., M. E. Schwab, J. Beltramo, L. S. Jurado-Medina, M. Muzzio, V. Ramallo, G. Bailliet y C. M. Bravi.

2017. Diferenciación regional de poblaciones nativas de América a partir del análisis de los linajes maternos. *Intersecciones en Antropología* 18 (3): 271-282.

Motti, J. M. B., A. S. Muñoz, I. Cruz, M. D. D'Angelo del Campo, L. A. Borrero, C. M. Bravi y R. A. Guichón.

2019. Análisis de ADN mitocondrial en restos humanos del Holoceno tardío del sur de Santa Cruz. En Gómez Otero, J., A. Sandoval y A. Benegas (comp.) *Arqueología de la Patagonia: el pasado en las arenas*: 493-503. Editorial IDEAUS, CONICET-CENPAT. Puerto Madryn.

Nacuzzi, L. R.

1998. *Identidades impuestas. Tehuelches, aucas y pampas en el norte de la Patagonia*. Sociedad Argentina de Antropología. Buenos Aires.

Parolin, M. L., J. Galimany, J. Gómez Otero, S. Dahinten, A. G. Millán y M. Moraga.

2019. Primeras secuencias mitocondriales de la región control completa en muestras humanas del Holoceno tardío de la costa norte y centro de Patagonia, Argentina. En Gómez Otero, J., Sandoval, A. y Benegas, A. (comp.) *Arqueología de la Patagonia: el pasado en las arenas*: 469-480. Editorial IDEAUS, CONICET-CENPAT. Puerto Madryn.

Perego, U. A., N. Angerhofer, M. Pala, A. Olivieri, H. H. Lancioni, B. Kashani, V. Carossa, J. E. Ekins, A. Gomez-Carballa, G. Huber, B. Zimmermann, D.

Corach, N. Babudri, F. Panara, N. M. Myres, W. Parson, O. Semino, A. Salas, S. Woodward, A. Achilli y A. Torroni.

2010. The initial peopling of the Americas: a growing number of founding mitochondrial genomes from Beringia. *Genome Research* 20: 1174-1179.

<http://www.genome.org/cgi/doi/10.1101/gr.109231.110>

Pickrell, J. y D. Reich.

2014. Towards a new history and geography of human genes informed by ancient DNA. *Trends in Genetics* 30 (9): 377-389.

<https://doi.org/10.1016/j.tig.2014.07.007>

Posth, C., N. Nakatsuka, I. Lazaridis, I. Skoglund, S. Mallick, T. C. Lamnidis, N. Rohland, K. Nägele, N. Adamski, E. Bertolini, N. Broomandkhoshbacht, A. Cooper, B. J. Culleton, T. Ferraz, M. Ferry, A. Furtwängler, W. Haak, K. Harkins y D. Reich.

2018. Reconstructing the Deep Population History of Central and South America. *Cell* 175 (5): 1-13.

<https://doi.org/10.1016/j.cell.2018.10.027>

Postillone, M. B.

2016. *Estudio de ADN antiguo en muestras precolombinas de Argentina*. Tesis Doctoral. Universidad Nacional de La Plata. Inédita.

Postillone, M. B., V. A. Cobos, C. Urrutia, C. B. Dejean, P. N. Gonzalez, S. I. Perez y V. Bernal.

2019. Mitochondrial DNA diversity and evolutionary history of native human populations of Argentinean Northwest Patagonia. *Human Biology* 91 (2): 57-80.

<https://doi.org/10.13110/humanbiology.91.2.01>

Postillone, M. B., G. Martínez, G. Flensburg, C. B. Dejean.

2020. First analysis of mitochondrial lineages from the eastern Pampa-Patagonia transition during the final late Holocene. *American Journal of Physical Anthropology* 171 (4): 659-670.

<https://doi.org/10.1002/ajpa.24016>

Prates, L., A. Serna, E. Mange y I. de Jong.

2016. Expresión material de la intersección entre indígenas y criollos en un sitio funerario del siglo XIX de Norpatagonia (Chimpay, Río Negro). *Intersecciones en Antropología* 17: 35-48.

Raghavan, M., M. Steinrücken, K. Harris, S. Schiffels, S. Rasmussen, M. DeGiorgio, et al.

2015. Genomic evidence for the Pleistocene and recent population history of Native Americans. *Science* 349 (6250).

<https://dx.doi.org/10.1126%2Fscience.aab3884>

Ricaud, F. X., S. Kolodesnikov, C. Keyser-Tracqui, A. N. Alekseev, E. Crubézy, B. Ludes.

2004. Genetic analysis of human remains found in two eighteenth century Yakut graves at At-Dabaan. *International Journal of Legal Medicine* 118: 24-31. <https://doi.org/10.1007/s00414-003-0411-6>

de Saint Pierre, M., C. M. Bravi, J. M. B. Motti, N. Fuku, M. Tanaka, E. Llop, S. L. Bonatto y M. Moraga.

2012 a. An alternative model for the early peopling of southern South America revealed by analyses of three mitochondrial DNA haplogroups. *PLoS One* 7 (9): e43486.

<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0043486>

de Saint Pierre, M., F. Gandini, U. A. Perego, M. Bodner, A. Gómez-Carballa, D. Corach, N. Angerhofer, S. R. Woodward, O. Semino, A. Salas, W. Parson, M. Moraga, A. Achilli, A. Torroni y A. Olivieri.

2012 b. Arrival of Paleo-Indians to the Southern Cone of South America: New clues from mitogenomes. *PLoS One* 7 (12): e51311.

<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0051311>

Serna A., L. Prates y A. Luna.

2015. Osteobiografía de dos individuos inhumados durante la Campaña del Desierto: el caso del sitio Chimpay (Argentina). *Revista Española de Antropología Americana* 45 (2): 419-437.

Soares, P., L. Ermini, N. Thomson, M. Mormina, T. Rito, A. Röhl, A. Salas, S. Oppenheier, V. Macaulay y M. Richards.

2009. Correcting for purifying selection: an improved human mitochondrial molecular clock. *American Journal of Human Genetics* 84 (6): 740-759.

<https://dx.doi.org/10.1016%2Fj.ajhg.2009.05.001>

Van Oven M. y M. Kayser.

2009. Updated comprehensive phylogenetic tree of global human mitochondrial DNA. *Human Mutation* 30 (2): 386-394.

<https://doi.org/10.1002/humu.20921>

Willerslev, E. y A. Cooper.

2005. Ancient DNA. *Proceeding of the Royal Society of Biology* 272: 3-16.