Aportes a las discusiones arqueológicas de la cuenca del Lago Salitroso (Santa Cruz, Argentina) mediante genomas mitocondriales completos

Valeria Arencibia[1,2,*], Cristian Crespo[3], Marianne Muñoz[4,5], Pablo Vera[4,5], Verónica Lia[6,7], Solana García Guraieb[2,8,9], Rafael Goñi[8,9], Sergio Avena[1,2], Andrea Puebla[4,5], Cristina Dejean[3,10]

[1] Equipo de Antropología Biológica, CCNAA; [2] CONICET; [3] Universidad de Buenos Aires, Facultad de Filosofía y Letras, Cátedra de Antropologia Biológica y Paleoantropología; [4] INTA; [5] Instituto de Biotecnología-IABIMO (CONICET), Unidad de Genómica, Nodo CATG; [6] Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular (INTA-CONICET); [7] Universidad de Buenos Aires, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Departamento de Ecología, Genética y Evolución; [8] INAPL; [9] Universidad de Buenos Aires, Facultad de Filosofía y Letras; [10] Universidad de Buenos Aires, Facultad de Filosofía y Letras, Sección Antropología Biológica, Instituto de Ciencias Antropológicas.
*Correo electrónico: aren.vale@gmail.com

Introducción

La cuenca del Lago Salitroso (N.O. de Santa Cruz; **Fig. 1**) posee una alta concentración de entierros humanos con cronologías correspondientes al Holoceno tardío. La modalidad funeraria en chenque conforma el grupo más tardío y recurrente de entierros (ca.1.500-300 años AP), siendo frecuentemente estructuras mortuorias múltiples.
Los estudios genéticos obtenidos hasta el momento sobre la Región Hipervariable I del ADN mitocondrial (ADNmt) de 16 individuos muestran una alta frecuencia del linaje B2 (31,3%), resultando llamativo dada su ausencia en poblaciones antiguas y su baja frecuencia en actuales de esas latitudes.
El **objetivo** del trabajo consistió en profundizar la información genética sobre el haplogrupo B2 presente en la población de la cuenca del Lago Salitroso mediante la obtención de genomas mitocondriales completos, y aportar a las discusiones arqueológicas vigentes en el área a diferentes escalas (i.e. procesos demográficos y de circulación humana, prácticas mortuorias).

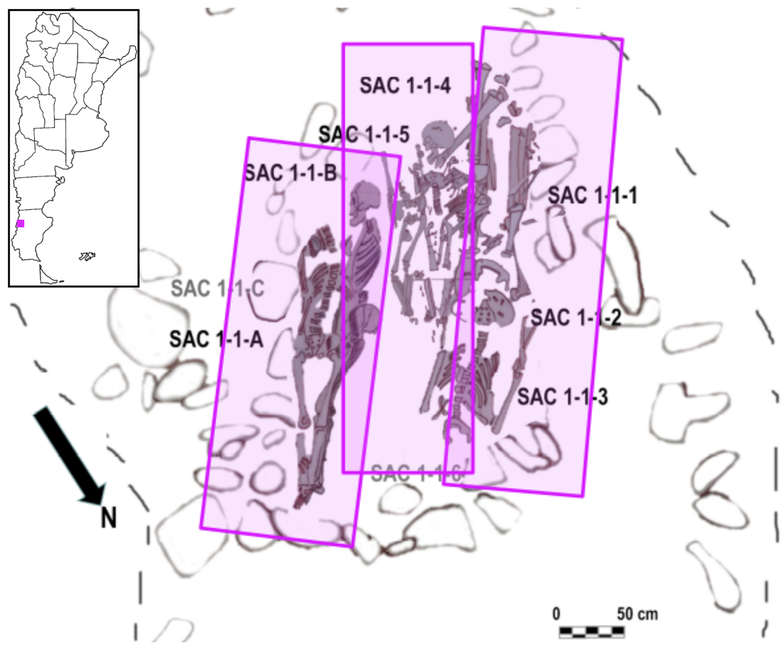

Fig. 1. Detalle del etierro SAC 1-1. Individuos analizados: SAC 1-1-3 (LS20) y SAC 1-1-4 (LS22)

Resultados

Se obtuvieron mitogenomas de los individuos LS20 y LS22 con los patrones de daño esperados para ADN antiguo. Los detalles se muestran en la **Tabla 1**.
El haplotipo del individuo LS20 fue asignado al haplogrupo B2 según Haplogrep, mientras que el de LS22 al B2b. Si bien ambos individuos comparten haplogrupo B2, sus haplotipos tienen al menos 7 diferencias.
El árbol filogenético (**Fig. 2**) ubica al haplotipo de LS22 dentro del subhaplogrupo B2b, cercanamente emparentado con el haplotipo B2b15 hallado en un individuo de Santiago del Estero[(1)], mientras que el de LS20 se asocia al de individuos B2 de Brasil.

Muestra	Invididuo	Fechado Cal AP (2σ)	Profundidad mínima	Calidad mínima	Profundidad promedio	Cobertura	SNPs
LS20	SAC 1-1-3	301-473	2	20	53	95 %	25
LS22	SAC 1-1-4	301-473*	10	20	79	99 %	33

Tabla 1. Información y resultados de las muestras analizadas en el presente trabajo. *Individuo no fechado; se indica el fechado del individuo más próximo en el entierro

Metodología

Procesamiento. A partir de extractos de ADN antiguo de dos individuos con linaje B2 enterrados en el mismo chenque (**Fig. 1**, **Tabla 1**) se construyeron bibliotecas para tecnología Illumina en el laboratorio del Equipo de Antropología Biológica (UBA/Universidad Maimónides). Se enriquecieron en ADNmt y secuenciaron en la Unidad de Genómica del Instituto de Biotecnología (INTA/IABIMO-CONICET).
Análisis bioinformático. Se filtraron adaptadores y lecturas de baja calidad. Se mapearon las lecturas sobre la rCRS, y se evaluaron los patrones de daño con mapDamage2. Se generaron mitogenomas consenso según la **Tabla 1**.
Análisis bayesiano. Se obtuvieron de la literatura mitogenomas pertenecientes al haplogrupo B2 representativos de la diversidad de Argentina, Bolivia, Brasil y Chile. Se realizó una reconstrucción filogenética con BEAST 2.6. Se escaló con la tasa de mutación de Llamas et al., 2016.

Discusión y Conclusiones

-Los individuos LS20 y LS22 provienen del chenque múltiple con mayor cantidad de individuos (MNI 20), evidencias de reutilización y amplitud cronológica (ca.700-350 AP) de la cuenca. Su pertenencia a linajes maternos distintos ratifica una tendencia que muestra que no sería el parentesco por vía materna el criterio de conformación de los chenques, sino que otras relaciones sociales tendrían un peso mayor en las prácticas mortuorias.

-Los haplotipos de estos individuos no pertenecen al linaje B2i2, altamente frecuente en poblaciones modernas de la región. La ausencia de las mutaciones características de este subhaplogrupo en poblaciones antiguas ya ha sido reportada en la literatura[(2)].

-El haplotipo del individuo LS22 es cercano a los de individuos del centro de Argentina[(1)] y Bolivia[(3)], mientras que el de LS20 lo es a los de individuos de Brasil[(4)]. Ninguno se encuentra cercanamente emparentado con poblaciones del Oeste de la cordillera.

-Los resultados son novedosos y permiten plantear diferentes escenarios: la posibilidad que la población del Lago Salitroso sea descendiente de una población ancestral más vinculada con el centro de Argentina y el litoral atlántico que con una migración pacífica, o que la misma tuviera eventos de flujo génico durante el Holoceno con regiones del centro de Argentina, Bolivia y Brasil.

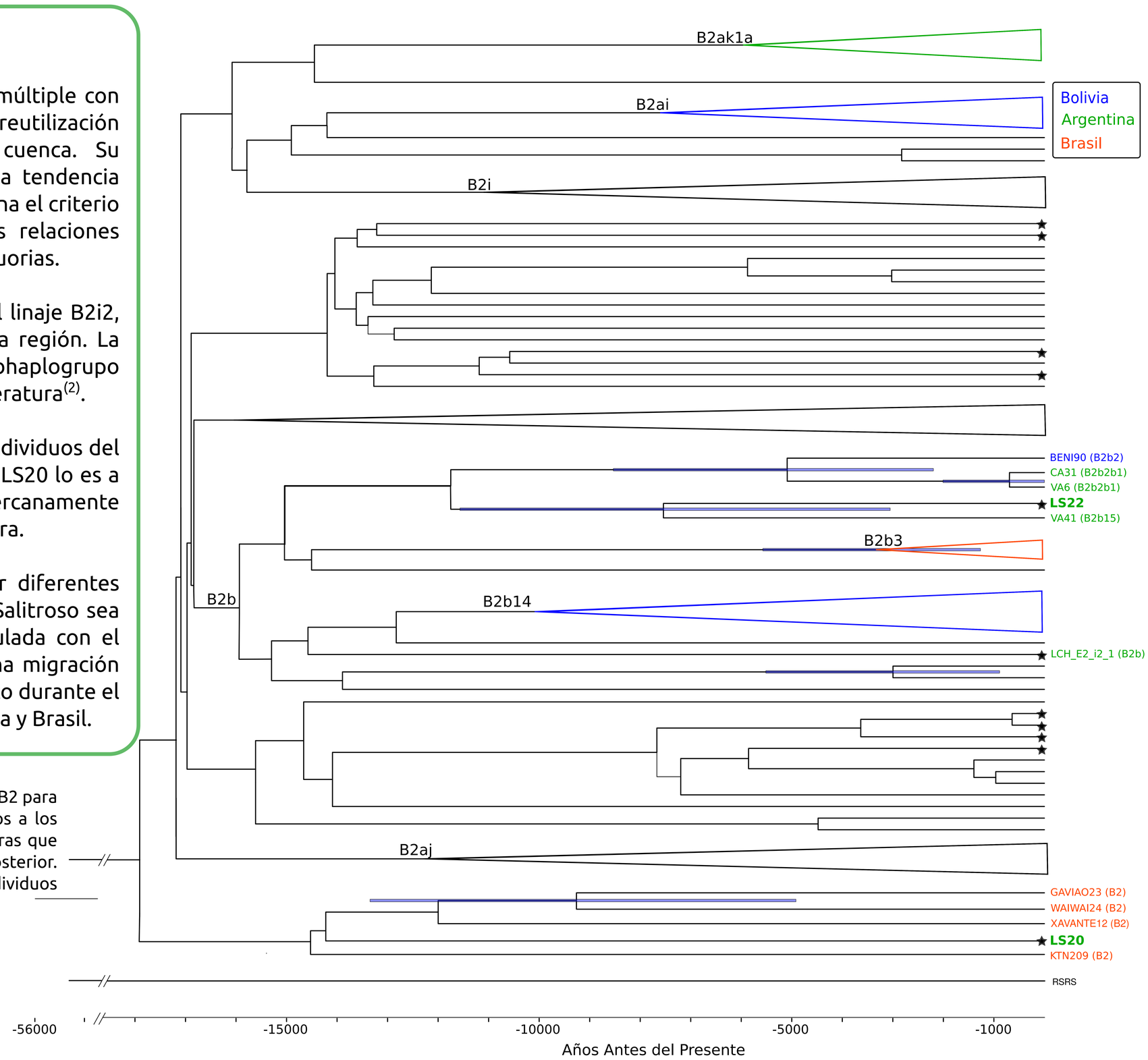

Fig. 2. Reconstrucción filogenética bayesiana del linaje mitocondrial B2 para Argentina, Bolivia, Brasil y Chile. Los nodos de los grupos cercanos a los individuos de interés y con probabilidad posterior >0,7 poseen barras que indican los rangos de edad que acumulan el 95% de probabilidad posterior. Se indican los nombres de los grandes subhaplogrupos. Estrellas: individuos antiguos.

Referencias

(1) García et al., 2021
(2) Parolin et al., 2017; Moreno-Mayar et al., 2018
(3) Taboada-Echalar et al., 2013
(4) Fagundes et al., 2008