

La dinámica demográfica de las poblaciones humanas que habitaron el noroeste de Patagonia ha emergido en años recientes como un campo de gran interés debido a la vasta variabilidad ambiental y cultural que caracterizó a esta región durante el Holoceno. Su estudio se ha abordado a partir de diversas líneas de evidencia; entre ellas, el empleo de distribuciones temporales de frecuencias de fechados y de genealogías moleculares han sido extensamente utilizados.

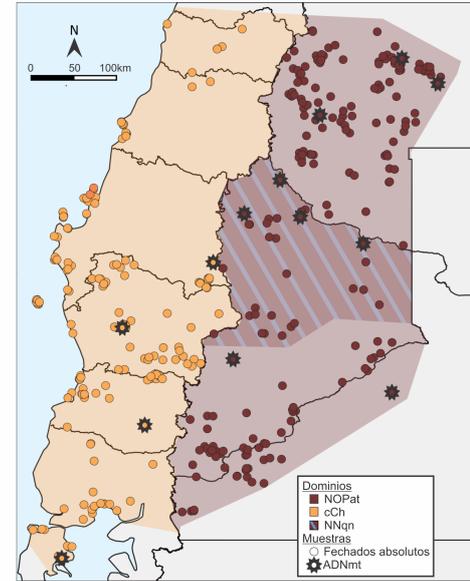
El **objetivo** de esta presentación es analizar los cambios temporales en el tamaño de las poblaciones del noroeste de Patagonia durante el Holoceno a partir de fechados absolutos y de genealogías moleculares, considerando diferentes escalas espaciales. A su vez, se explora la sensibilidad de ambos tipos de datos para realizar estimaciones paleodemográficas en dominios espaciales de extensión variable.

## MATERIALES Y MÉTODOS

Se delimitaron tres dominios espaciales de diferente jerarquía: **1) región** de noroeste de Patagonia y centro de Chile (NOPat-cCh), **2) subregiones** de noroeste de Patagonia (NOPat) y centro de Chile (cCh) y **3) área** del norte de Neuquén (NNqn).

Para explorar la variación a través del tiempo en la densidad de ocupación de la región, se recopiló de la bibliografía 1.286 fechados absolutos georeferenciados de sitios arqueológicos del NOPat-cCh, de los cuales se emplearon 1.077 del período 15.500-500 años Cal AP para los análisis. Una vez calibrados los fechados 14C con la curva SHCal 20, se calculó la Distribución de Probabilidad Sumada (SPD) para los diferentes dominios espaciales. Ambos procedimientos se realizaron con paquete *rCarbon* versión 1.4.1 del programa R 4.0.3.

Para caracterizar el patrón de cambio temporal en el tamaño poblacional efectivo femenino, se analizaron las regiones HVR I y II de 96 secuencias mitocondriales (ADNmt) amerindias de individuos de localidades de la Pcia. del Neuquén. A su vez, se utilizaron 194 secuencias amerindias disponibles en *GenBank* y de trabajos publicados. Luego de alinear las secuencias con el algoritmo FFT-NS-2 del programa MAFFT 7.471, se estimaron *Bayesian Skyline Plots* (BSP) con los programas BEAST 1.6.1 y Tracer 1.7.1, a partir de todas las secuencias y a partir de aquellas correspondientes a haplotipos específicos de la región. Finalmente, se construyó una red molecular en el programa Network 10.2.0.0 con todas las secuencias que contaran con ambos segmentos HVR.



Mapa con los dominios espaciales y las muestras analizadas.

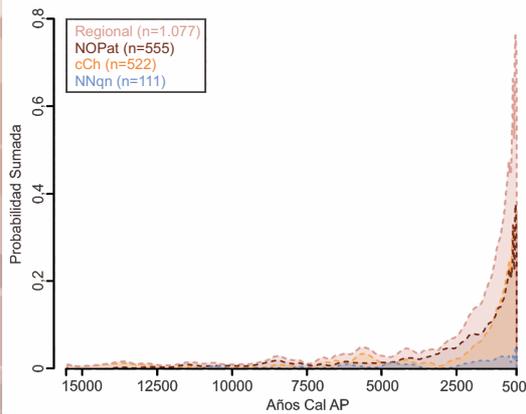


Figura 1. SPDs estimados a partir de los fechados absolutos.

### Cambios temporales en la densidad de fechados (Figura 1)

- La trayectoria delineada por el SPD regional muestra una baja densidad poblacional hasta los 6.500 años AP. Hacia los 2.500 años AP tuvo lugar un incremento exponencial en la densidad de fechados.
- El NOPat y el cCh muestran una tendencia que se ajusta a la regional.
- El NNqn exhibe una baja densidad de fechados hasta los 2.500 años AP, cuando se produjo un incremento menos marcado que el observado a nivel regional y subregional.

### Cambios temporales en el tamaño poblacional efectivo femenino

#### BSPs estimados a partir de todas las secuencias (Figura 2.A)

- El tamaño poblacional regional se incrementó aceleradamente entre los 10.500-6.000 años AP.
- El NOPat presenta un patrón semejante al regional, aunque con valores superiores hasta los 2.500 años AP.
- El cCh exhibe los niveles poblacionales más bajos a lo largo de toda su trayectoria.
- El BSP del NNqn mantiene valores muy semejantes a los regionales a lo largo del Holoceno temprano y medio.

#### BSPs estimados a partir de las secuencias asignadas a haplotipos específicos (Figura 2.B)

- En casi todos los dominios presentan valores inferiores y una aceleración más tardía y pronunciada en su pendiente que en los BSPs construidos con la totalidad de las secuencias.
- El NOPat y el NNqn mantienen niveles poblacionales superiores que los observados para la región hasta los 4.000 años AP.

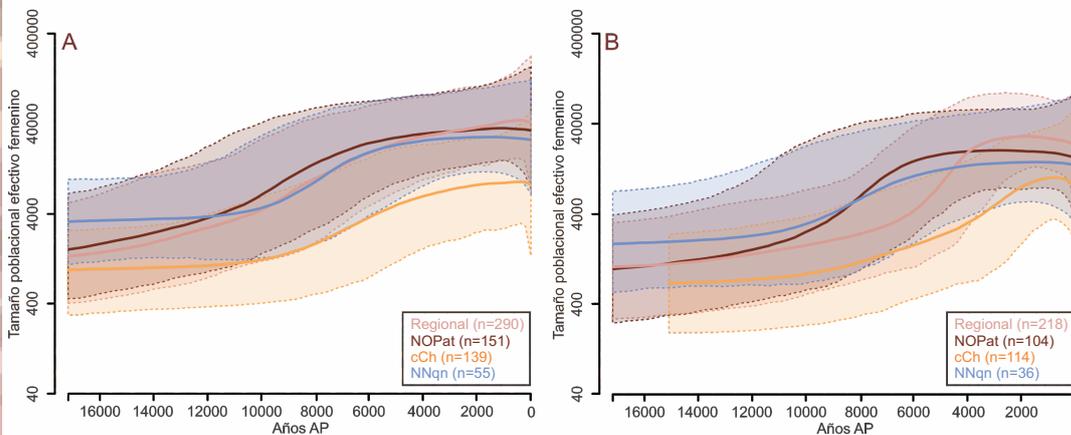


Figura 2. BSPs estimados a partir de (A) todas las secuencias y (B) las secuencias de haplotipos específicos de la región.

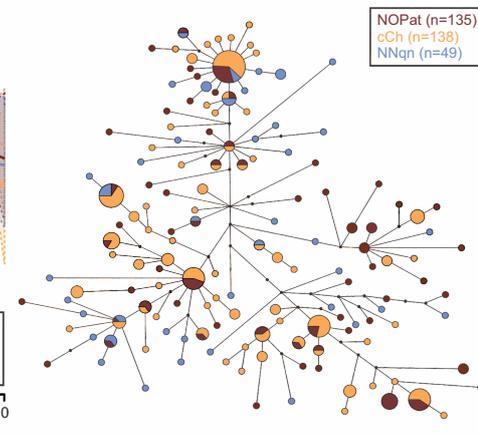


Figura 3. Red molecular.

## CONCLUSIÓN

- ➔ Se observan tendencias dispares entre las estimaciones obtenidas mediante ambos métodos: los SPDs muestran un aumento poblacional progresivo, abrupto hacia el final de la secuencia, mientras que los BSPs exhiben un aumento menos acelerado y más temprano, seguido por una relativa estabilidad en el tamaño poblacional.
- ➔ Las distribuciones temporales de frecuencias de fechados brindaron una mayor sensibilidad para realizar inferencias en los dominios de menor jerarquía.
- ➔ A escalas espaciales pequeñas, se observa una sobreestimación relativa del tamaño poblacional al emplear datos moleculares. Esto podría deberse al efecto del flujo génico entre las poblaciones de las áreas que componen las subregiones y regiones de mayor extensión espacial, resultado en una mayor diversidad de linajes mitocondriales a nivel local (Figura 3). A su vez, la subestimación relativa obtenida a partir de las frecuencias de fechados podría deberse al sesgo en el muestreo —i.e. intereses particulares en la intensidad de exploración de un área— y al efecto de procesos tafonómicos sobre el registro arqueológico.