



ESTUDIO GENÉTICO DESCARTA LA INMIGRACIÓN A GRAN ESCALA COMO CAUSA DEL AUGE DE PAQUIMÉ

- Se analizaron datos genéticos mitocondriales de 114 individuos, de asentamientos previos y posteriores a su esplendor, en el siglo XIII
- Los resultados sugieren que la migración no estuvo mediada por mujeres, asimismo, no explica un evento migratorio que cambiara la genética regional

La teoría de una inmigración a gran escala proveniente del centro de México como un factor para el apogeo poblacional de [Paquimé](#), en Chihuahua, ha sido descartada por un análisis de ADN mitocondrial antiguo, cuyos resultados demuestran que, a lo largo del tiempo, no hubo un reemplazo genético significativo entre los habitantes de esta ciudad, la más representativa de la cultura casas grandes.

El proyecto de investigación, avalado por el Consejo de Arqueología del Instituto Nacional de Antropología e Historia (INAH), es liderado por el arqueólogo de esta institución, José Luis Punzo Díaz, su colega Michael T. Searcy y la antropóloga molecular Meradeth Snow, adscritos a los departamentos de Antropología, de las universidades Brigham Young, de Oklahoma y de Montana, en Estados Unidos.

En un artículo, publicado en las Actas de la Academia Nacional de Ciencias, de aquella nación, se explica que este sitio arqueológico debió contar en su auge, hacia el año 1200 d.C., con una población aproximada de 3,500 habitantes, erigiéndose como la urbe prehispánica más grande entre las culturas del desierto.

Según explica el investigador del Centro INAH Michoacán, José Luis Punzo, este crecimiento poblacional se ha vinculado al establecimiento de Paquimé como centro político-ceremonial, pero las razones del florecimiento de la tradición Casas Grandes –extendida en la confluencia de los estados mexicanos de Chihuahua y Sonora, con los estadounidenses de Nuevo México y Arizona— aún es objeto de debate.

La migración se había considerado el principal catalizador, en virtud de que Charles DiPeso sugirió que Paquimé fue fundada como un lugar estratégico para el comercio de productos exóticos, por parte de un grupo venido del centro de



Mesoamérica. No obstante, diversos autores defienden un modelo local para el clímax de la ciudad, al coincidir en que hubo cierto desplazamiento, pero no a gran escala, para reasentarse.

Faltaba un estudio que incluyera diversos métodos, entre ellos ADN antiguo, para evaluar la cuestión. Con la aprobación del Consejo de Arqueología del INAH, se tomaron muestras de las colecciones óseas del [Museo de las Culturas del Norte](#), a fin de examinar los cambios en los acervos genéticos de la región, a lo largo del tiempo.

Se seleccionaron muestras del sitio Convento, un conjunto de aldeas que data del periodo Viejo (700-1200 d.C.), y de Paquimé, una población del periodo Medio (1200-1450 d.C.), para realizar pruebas mitogenómicas. Ambos lugares se excavaron de 1958 a 1961, por DiPeso y sus colegas, en la Expedición Conjunta Casas Grandes.

“Al examinar ambos lapsos, buscamos identificar si hubo un cambio genético en la población desde el periodo previo, a la ocupación posterior de Paquimé, lo cual podría explicarse por una gran inmigración”, anota el arqueólogo.

Las muestras se analizaron en el laboratorio de ADN antiguo del campus de la Universidad de Montana, donde se extrajo el fragmento más pequeño utilizable del diente o hueso; tras lo cual se crearon bibliotecas de ADN para la secuenciación, incluido el sondeo de hibridación para fragmentos del mitogenoma.

En total, se analizaron datos genéticos mitocondriales de 114 individuos. Como indica el artículo científico, las secuencias completas del mitogenoma reforzaron la idea de que existe evidencia de una correlación directa entre los periodos Viejo y Medio.

Los datos obtenidos sugieren firmemente que la migración no estuvo mediada por mujeres. Asimismo, no explica un evento migratorio notable que cambiara significativamente la composición genética de la región durante el auge de Paquimé y hasta su desaparición, poco después de 1400 d.C.

De haber ocurrido tal evento, donde hubo una inmigración desde un lugar con diferentes haplogrupos (linajes genéticamente distintos que indican un ancestro común que, en el caso del ADN mitocondrial, apunta linajes directos de herencia femenina) y haplotipos (grupos con variaciones de la línea ancestral primaria del



haplogrupo), existirían linajes específicos para cada periodo. Se habrían formado clados (grupos que incluyen un antepasado común y toda su descendencia) distintos, sin continuidad entre ellos.

Si se hubiera dado un reemplazo significativo de la población femenina, proveniente de fuera de la región, se esperaría encontrar grupos de individuos del sitio Convento que no compartieran haplogrupos/tipos con los individuos de Paquimé, o viceversa. La falta de distinción genética en siete siglos (de 700 a 1400 d.C.) demuestran que los cambios culturales en la región de Casas Grandes, fueron internos.

---oo0oo---