

-----1988. La Reforma de La Universidad de Chile y La Institucionalización de Las Ciencias Antropológicas (1967-1971). Estudios Sociales 58, C.P.U., Santiago.

RAMIREZ, H., 1969. Necesidad de suplementar el presupuesto de La Facultad para el 2º semestre de 1969. Santiago: Oficio Nº 633, Facultad de Filosofía y Educación, U. de Chile.

ARQUEOLOGIA Y GENETICA

Mario A. Rivera

Field Museum of Natural History

El avance de la tecnología y el desarrollo de los estudios sobre el pasado de la humanidad confluyen en una nueva y fascinante apreciación del potencial que la arqueología puede ofrecer para resolver problemas actuales. Una de estas situaciones se presenta con la posibilidad de experimentar nuevas técnicas para recuperar ADN de los cuerpos muy bien conservados que la arqueología ha logrado exhumar en el norte de Chile. De por sí, el estudio de secuencias de ADN prehistórico confiere a los estudios de genética una tercera dimensión, cronológica, que hace posible una visión evolutiva de lo que significó el código genético en el presente. Hasta el momento, esta dimensión ha sido desconocida para la genética, pues normalmente trabaja con ADN de poblaciones vivas, con antecedentes de, a lo más, un par de generaciones. Es por ello que a través del estudio de esta materia fundamental de la vida en tiempos pasados, puede aspirarse ahora a conocer fenómenos que inciden en la evolución y características de enfermedades cruciales en la vida moderna y caracterizar la estructura de una determinada entidad de población, contribuyendo por tanto a definir en forma más completa unidades biológicas que han tenido incidencia en el poblamiento humano pretérito.

Desde el punto de vista de la arqueología, tales estudios pueden facilitar la interpretación sobre migraciones y movimientos poblacionales en el pasado, contribuyendo a complementar los estudios sobre la cultura material de determinados grupos, como también proveyendo parámetros válidos a los estudios lingüísticos. De la misma forma, los estudios de ADN también pueden ser aplicados para determinar la contemporaneidad de poblaciones ubicadas en un mismo sitio o localidad, permitiendo mejores análisis respecto de formas y medios de subsistencia, dieta y nutrición, tecnología, organización social y aspectos de la cultura material y espiritual de los grupos involucrados.

Mediante análisis de ADN también puede llegarse a determinar sexo y su composición relativa en una población determinada. Análisis de grupos sanguíneos susceptibles de obtenerse a partir de tejidos blancos o de la dentina, también contribuyen en forma importante a determinar la relación entre individuos en una población dada y entre poblaciones. En efecto, el análisis de proteína por radio-inmunología (detección de la reacción de anticuerpos) puede llegar a identificar moléculas de proteínas que sobreviven por miles y aún millones de años. Estas proteínas pueden descifrar la relación taxonómica de fósiles y organismos extinguidos con organismos vivos, y también puede ser desarrollado para el caso de los homínidos.

Por otro lado, el análisis estadístico de frecuencias de grupos sanguíneos en poblaciones diferentes ubicadas a través del espacio puede indicar la presencia de gradientes con cierta direccionalidad, lo que contribuye a reconstruir verdaderas corrientes migratorias.

El estudio de ADN en relación a agentes de enfermedades infecciosas es también un aspecto importante. En efecto, estudios de epidemiología a través de ADN pueden entregar una visión de la evolución de la patogénesis de organismos microbiales y conocer el comportamiento de determinadas enfermedades a través del tiempo.

Análisis directos a partir de ADN fueron hechos por el australiano Allan Wilson en 1984. Wilson fue el que primero identificó genes en tejidos antiguos, aunque se trató de un animal --el quagga-- una especie de cebra africana hoy extinta. En 1985, el sueco Svante Pääbo logró la primera clonación a partir de tejidos de una momia egipcia (4400 AP). En la misma época nosotros mismos ya nos encontrábamos preocupados de recuperar ADN de los cuerpos Chinchorro de Camarones-15 con el fin de contrastarlos con aquellos de poblaciones amazónicas (Rivera & Rothhammer 1986). Sin embargo, los resultados fueron suficientemente confiables sólo a partir del descubrimiento de la técnica de reacción polimerasa en cadena (PCR), que amplifica de manera más nítida los segmentos de ADN mitocondrial (mt ADN). Pääbo logró aplicar esta técnica por primera vez en 1988, al trabajar tejidos de cerebro de restos humanos del sitio Little Salt Spring, en Florida, fechados ca. 2600 AP. En la actualidad varios grupos se encuentran trabajando esta técnica, utilizando pelo humano, dientes, y hueso.

El método PCR funciona a partir del fenómeno que la doble hélice de una muestra de ADN que quiere recuperarse se divide en dos cadenas simples. Luego, las enzimas producen una segunda cadena nueva a partir de un baño de bases ácidas nucleicas que flotan libres. Repitiendo el proceso, una sola molécula de ADN llega a transformarse en dos, luego en cuatro, y así sucesivamente, produciendo una amplificación geométrica que contiene en principio toda la información para análisis.

Los análisis de ADN humano por PCR más antiguos que se han obtenido corresponden a muestras del sitio de Acha-2 (Muñoz et al. 1993), logrado por un grupo de biólogos dirigidos por S. Woodward y de arqueólogos integrado por M. Rivera, E. Matheny, I. Muñoz y J. Chacama. Una comunicación sobre este logro ha sido recientemente preparada y espera su publicación (Woodward et al. 1993, Ms.). R. Ferrell, conjuntamente con F. Rothhammer, M. Rivera y D. A. Merriwether se encuentran realizando análisis similares en momias Chinchorro, Alto Ramírez y posteriores del valle de Azapa, habiéndose logrado ya resultados preliminares (Ferrell et al. 1993).

En el caso específico de la arqueología del norte de Chile, los análisis de ADN tienen una aplicación muy interesante. Desde luego, cuando se cuente con un número importante de muestras analizadas y con significado estadístico, podremos estar en condiciones de responder preguntas relativas a orígenes de una determinada población, y la continuidad o reemplazo de una o más poblaciones a través del tiempo en una región dada. Un caso concreto que ha motivado nuestros estudios dice relación con la situación que genera el desarrollo Chinchorro en la costa del norte de Chile. Los análisis de ADN podrán incorporarse a los estudios arqueológicos para confirmar nuestra hipótesis de migraciones desde la cuenca amazónica o, en su defecto, reforzar la idea de un desarrollo costero autóctono. Los recientes resultados obtenidos por Ferrell y colaboradores (1993) a partir de polimorfismos de mt ADN definidos para poblaciones pehuenches, huilliches, aymaras, atacameñas y quechuas indican una alta frecuencia del linaje B, que, comparado con los resultados de 12 momias de Azapa en las que no aparece representado, sugiere que los aymaras modernos de la región no son descendientes de poblaciones costeras prehistóricas.

Esto plantea dos problemas adicionales en los que la arqueología ya estaba trabajando. Uno tiene que ver con la relación genealógica de individuos dentro y entre poblaciones, sean antiguas o modernas. En este sentido, es interesante plantear cierta divergencia o heterogeneidad entre grupos aymaras orientales y occidentales, así como probables relaciones genealógicas de alguno de estos grupos con poblaciones definidas como atacameñas y chipayas, y ciertos grupos amazónicos. Esta hipótesis configuraría un enorme potencial para estudios de lingüística histórica, origen y

desarrollo de la nación aymara y otros grupos. Un problema semejante lo plantea la identificación de individuos "Tiwanaku" en sitios de desarrollo regional en los valles bajos, y que arqueológicamente han sido detectados por un trato funerario diferencial. Aspectos sobre organización social y política que lindan en la concepción de "colonias altiplánicas" pueden integrarse en esta discusión, y contribuir a complementar la visión del arqueólogo cuando trata de interpretar problemas de movilidad social. Parecidas consecuencias puede traer un estudio similar en sitios con contexto inca y desarrollo regional, y aún, al analizar la relación centro-periferia en tiempos de Alto Ramírez. En este último ejemplo, análisis comparativos de mt ADN proveniente de restos humanos del centro mismo de Tiwanaku contribuirán a especificar la naturaleza de esta relación con mucho más posibilidades que las estrictamente arqueológicas. Podemos informar que en la actualidad se están procesando muestras de los sitios de Tiwanaku e Iwawe, en un programa de colaboración con los arqueólogos que dirigen las investigaciones en el altiplano boliviano.

El segundo problema se refiere a la coexistencia de poblaciones como es el caso de Chinchorro y Alto Ramírez. Análisis comparativos de mt ADN que definan ambas poblaciones contribuiría a clarificar esta problemática de manera que la identificación de grupos humanos desde el punto de vista biológico también aporta a complementar los análisis puramente arqueológicos.

Hoy día, el pesimismo inicial en la interpretación de ADN prehistórico da paso a un optimismo más innovador, especialmente por parte de biólogos y algunos arqueólogos que comienzan a entender que no es posible configurar un reloj genético aplicable a la antigüedad del hombre en América. Esto, que por ahora podríamos llamar un mecanismo absoluto, comienza a dar paso al desarrollo y establecimiento de los estudios de ADN como una herramienta relativa, útil y efectiva cuando se trata de estudiar situaciones controladas y precisas del ámbito regional que el arqueólogo debe indicar. Es en este plano de colaboración que están surgiendo nuevas técnicas en la búsqueda de respuestas para los nuevos momentos que vive la ciencia antropológica (Horai 1993; Pääbo 1993; Wallace & Torroni 1992).

Desde este ángulo, los análisis de mt ADN contribuirán al conocimiento de la definición de entidades de población así como en la composición de las mismas; la diferenciación de componentes en una o más poblaciones; en aspectos migracionales y principales corrientes de poblamiento; e, incluso, en factores epidemiológicos.

Esto es importante porque Sudamérica y especialmente el norte de Chile, ofrecen características muy importantes para este tipo de estudios. Por un lado, la presencia de grupos humanos en condiciones de aislamiento geográfico por cientos de años, representados en colecciones bien documentadas y de gran valor arqueológico. Luego, una excelente preservación de tejidos orgánicos que permite la experimentación y desarrollo de técnicas dedicadas al rescate de ADN.

En la actualidad, los principales problemas en que los análisis de ADN pueden contribuir a su mejor interpretación se refieren a conocer cuándo fue poblada América del Sur y específicamente el norte de Chile; si este poblamiento original ha sido el producto de una o más olas migracionales; a conocer aspectos sobre los efectos del aislamiento en el rango de velocidad de las mutaciones resultantes; a la vez que consideraciones sobre el tamaño de la población y efectos del medio ambiente.

Desde el punto de vista de la investigación genética propiamente tal, se trabaja activamente en lograr recuperar ADN nuclear que, a diferencia del mitocondrial, presenta una radiografía más completa del código genético. Esto porque aún no se conoce con exactitud el mecanismo de transmisión genética paterna en el mt ADN, en comparación con la contribución materna. Sin embargo, el mt ADN es relativamente abundante en las células comparado con el genome nuclear.

Una extensión adicional de estos estudios es el análisis de ADN proveniente de plantas de significado cultural para el hombre en el pasado. Estos análisis contribuirán también a conocer más detalles sobre cómo las plantas y su adopción por el hombre han influido en el poblamiento original, en los mecanismos de reemplazo, dieta y nutrición, movilidad social y origen mismo de las plantas. En este sentido ya estamos realizando un proyecto específico sobre el origen del maíz y de Phaseolus como plantas culturalmente significativas para el hombre en el norte de Chile, a través de mt ADN.

Como medidas concretas para hacer viables estos estudios y ampliamente disponibles para los arqueólogos, es necesario crear un banco de datos de muestras de ADN prehistórico obtenidas mediante técnicas conocidas y comprometido con la comunidad científica. Idealmente, se trataría de integrar muestras provenientes de colecciones bien documentadas arqueológicamente, con técnicas de procesamiento similares, o en su defecto, comparables, con el fin de establecer los parámetros que servirán de base en la interpretación final. La generación, desarrollo y mantención de este banco de datos debe ser, por tanto, el producto de una convención entre arqueólogos y biólogos, en donde la Sociedad Chilena de Arqueología podría jugar un rol clave.

REFERENCIAS

- FERREL, R.; F. ROTHHAMMER & A. MERRIWETHER, 1993. Genetic Relationships between Ancient and Contemporary Chilean Populations as Revealed by Mitochondrial RFLP Haplotype and D-Loop Sequence Analysis. Trabajo leído en la Sesión "Evolutionary Relationships Among Prehistoric and Historic Indigenous Andean Populations", Arica.
- HORAI, S.; R. KONDO, Y. NAKAGAWA-HATTORI & S. HAYASHI, 1993. Peopling of the Americas, Founded by Four Major Mitochondrial DNA. Molecular Biology Evolution 10: 23-47.
- MUÑOZ, I.; B. ARRIAZA & A. AUFDERHEIDE (Eds.), 1993. Acha-2 y los orígenes del poblamiento humano en Arica. Ediciones Universidad de Tarapacá, Arica.
- PÄÄBO, S., 1993. Ancient DNA. Scientific American 269 (5): 86-92.
- PENA, S.D.J.; R. CHAKRABORTY, J.T. EPPLIN & A.J. JEFFREYS (Eds.), 1993. DNA Fingerprinting: State of the Science, Verlag, Basilea.
- RIVERA, M. A. & F. ROTHHAMMER, 1986. Evaluación genética y cultural de poblaciones Chinchorro: Nuevos elementos para la hipótesis de contactos transatlánticos, Cuenca Amazonas, Costa Pacífico. Chungará 16/17: 295-306.
- 1991. The Chinchorro People of Northern Chile 5000 BC-500 BC, a Review of Their Culture and Relationships. International Journal of Anthropology 6(3): 243-255.
- ROTHHAMMER, F. & C. SILVA, 1989. Peopling Andean South America, American Journal of Physical Anthropology 78: 403-410.
- 1992. Gene Geography of South America: Testing Models of Population Displacement Based on Archaeological Evidence. American Journal of Physical Anthropology 89: 441-446.
- WALLACE, D.C. & A. TORRONI, 1992. American Indian Prehistory as Written in the Mitochondrial DNA: A Review. Human Biology 64: 403-416.

WOODWARD, S.; R. MATHENY, I. MUÑOZ, J. CHACAMA & M. RIVERA, 1993, Ms. A ca. 9500 to 10000 Year Old Human DNA Sequence from Acha-2, Northern Chile. Manuscrito en posesión de los autores.

RECOPIACION DE FECHADOS ABSOLUTOS RELATIVOS AL ALGROALFARERO DEL VALLE DE AZAPA - II PARTE *

Oscar Espouey B.
Museo Chileno de Arte Precolombino

8. Fechados asociados a cerámica Maitas¹

8-1	GAK 8780	La Capilla	Cap.4	Basural	Restos O. y Carbón	700 ± 100	Muñoz	Sin Ilustrar
8-2	GAK 5817	Azapa	AZ 6	T 127	Textil	730 ± 80	Focacci & Rivera	Sin Ilustrar
8-3	GAK 5810	Azapa	AZ 83	BN31W	Carbón	760 ± 70	Ampuero & Rivera	Sin Ilustrar
8-4	I 12348	Azapa	AZ140	T 75	Músculos	760 ± 80	Muñoz	Sin Ilustrar
8-5	I 12334	Azapa	AZ 11	Fogon	Basura	790 ± 80	Muñoz	Sin Ilustrar
8-6	I 12352	Azapa	AZ 11	Estruct.	Basura	830 ± 80	Muñoz	Sin Ilustrar
8-7	I 12335	Azapa	AZ 11	Estruct.	Basura	860 ± 80	Muñoz	Sin Ilustrar
8-8	I 12351	Azapa	AZ 11	Estruct.	Basura	860 ± 80	Muñoz	Sin Ilustrar
8-9	I 12335	Azapa	AZ140	T-XPB	Músculos	880 ± 80	Muñoz	Sin Ilustrar
8-10	I 11624	La Lisera	PLM 9	T 24	Sorona	895 ± 80	Focacci & Allison	Sin Ilustrar
8-11	I 12337	Azapa	AZ140	T 36	Músculos	950 ± 80	Muñoz	Sin Ilustrar
8-12	I 12349	Azapa	AZ140	T 23	Músculos	970 ± 80	Muñoz	Sin Ilustrar
8-13	I 12336	Azapa	AZ140	T 105	Músculos	970 ± 80	Muñoz	Sin Ilustrar
8-14	I 12350	Azapa	AZ 11	Estruct.	Músculos	980 ± 80	Muñoz	Sin Ilustrar
8-15	I 11625	Azapa	AZ 6	T 141	Coca	1040 ± 145	Focacci & Allison	Sin Ilustrar
8-16	I 10861	La Lisera	PLM 9	T 14	Sorona	1175 ± 80	Muñoz	DIBUJOS.
(S.Miguel y Charcollo!)								
8-17	I 11621	Azapa	AZ 71	T x	Sorona	1185 ± 75	Focacci & Allison	Sin Ilustrar
8-18	I 11622	Azapa	AZ 6	T 141	Camote y Sorona	1235 ± 130	Focacci & Allison	Sin Ilustrar
8-19	I 11641	Azapa	AZ 71	T 480	?	1255 ± 75	Focacci & Allison	Sin Ilustrar
8-20	UCTL 104	Camarones	M. Rodríguez	Sup. Fragn.		1265 ± 100	Schiappacasse	FOTO Y DIBUJO

Sólo una de las dataciones referidas a Maitas ha sido ilustrada en su publicación, lo que no ayuda a evaluar los posibles cambios temporales y/o espaciales a lo largo de medio milenio de vigencia, o posibles errores de identificación cerámica referida a las dataciones. Las fechas más tempranas

* Este artículo forma parte del proyecto FONDECYT Nº 1930202