

ENSAYO DE OPINIÓN

Un ensayo sobre genética, arqueología y movilidad humana temprana

An Essay Concerning Genetics, Archaeology and Early Human Mobility

Tom D. Dillehay *

Traducción al español de Matías Lépori **

Resumen

El propósito de este ensayo es el de expresar mis inquietudes en relación a los modelos genéticos centrados en el poblamiento temprano de las Américas. Mi interés aquí radica simplemente en plantear preguntas y discutir las formas, desde la perspectiva de la arqueología antropológica, de mejorar las contribuciones de los estudios genéticos y, con algo de suerte, generar un acercamiento entre los estudios genéticos y arqueológicos sobre el asunto del poblamiento temprano. Una inquietud es que los datos e interpretaciones generadas por los modelos genéticos deben poder ser reconciliados de mejor manera con los obtenidos previamente y con los resultados provenientes de la antropología física, la arqueología y la paleoecología. Otras refieren a la posibilidad de comparación entre los datos genéticos derivados de grupos vivos y aquellos de restos humanos antiguos, las historias demográficas y las definiciones de las unidades de análisis demográficas, los diseños de muestreo y la re-

Abstract

The purpose of this essay is to express my concerns with genetic models focused on the early peopling of the Americas. My attempt here is simply to raise questions and to discuss ways, from the perspective of anthropological archaeology, to enhance the contributions of genetic studies and hopefully to bring closer together genetic and archaeology studies on the early peopling issue. One concern is that the findings of genetic models must be better reconciled with previous ones and with the results of physical anthropology, archaeology, and paleoecology. Others are the comparability of genetic data derived from living groups and from ancient human remains, demographic histories and definitions of demographic units of analysis, sampling designs and representation of data, founder populations, genetic drift and selection, reliability of molecular clocks, and data collection strategies and contamination. There also must be a tacit recognition that geneticists must depend

* Vanderbilt University, Nashville, Tennessee, USA. Universidad Austral de Chile, Puerto Montt, Chile. tom.d.dillehay@vanderbilt.edu.

** Instituto de Arqueología y Museo. Facultad de Ciencias Naturales e IML (Universidad Nacional de Tucumán). San Martín 1545, San Miguel de Tucumán (CP 4000), Tucumán, Argentina. matulepori@gmail.com.

presentación de los datos, las poblaciones fundadoras, la deriva y la selección genética, la confiabilidad de los relojes moleculares, y las estrategias de recolección de datos y contaminación. También debe haber un reconocimiento tácito del hecho de que los genetistas deben depender más del registro arqueológico, no sólo para la recuperación de restos humanos, sino también hasta cierto punto para la co-interpretación del ADN moderno y los datos de ADNa, sus contextos y cronología, así como también para la generación de preguntas antropológicas más amplias. Este ensayo no pretende representar las inquietudes de todos los arqueólogos, sino las de la mayoría de los colegas con los que he interactuado en las últimas décadas.

Palabras clave: Genética; Arqueología; Poblamiento de América; Haplogrupos.

more on the archaeological record, not only for the recovery of human remains, but to a certain degree the co-interpretation of the modern DNA and aDNA data and their context and chronology, as well as the production of broader questions in anthropology. This essay does not pretend to represent the concerns of all archaeologists, but a majority of colleagues that I have interacted with over the past few decades.

Keywords: Genetics; Archaeology; Peopling of the Americas; Haplogroups.

Introducción

En décadas recientes, y especialmente en los últimos 15 años, los estudios genéticos han provisto nuevos y excitantes resultados al campo de la arqueología, redefiniendo nuestra comprensión de la historia humana (ver Reich, 2019; Shendure et al., 2017; Yang & Fu, 2018), como se discutió recientemente en un Número Especial de *The SAA Archaeological Record* sobre “Huesos y Cromosomas: La Revolución del ADN Antiguo en la Arqueología” (2019). Como muchos de los artículos en este número indican, no sólo aparecen reportes de resultados sorprendentes e importantes todas las semanas alrededor del mundo, sino que también se desarrollan nuevas técnicas (por ejemplo, secuenciación de alto rendimiento [HTS por sus siglas en inglés]; el instrumental Illumina) que mejoran aún más la habilidad de los estudios genéticos para investigar sobre el pasado más profundamente, de formas que la arqueología, la bioarqueología (esqueletal), y la lingüística histórica no pueden. Pero muchos de estos estudios no están exentos de quejas por parte de algunos arqueólogos. Éstos han cuestionado algunas de las interpretaciones más amplias planteadas por los genetistas (ver Dillehay, 2009; Gibbons, 1997; Johannsen, Larson, Meltzer & Vander Linden, 2017; Llamas, Harkins & Fehren-Schmitz, 2017) que usualmente están basadas en muestras pequeñas de ADN antiguo (ADNa) o en poblaciones vivas distanciadas muchos milenios de aquellas del Pleistoceno. Estos estudios también han sido criticados por no incorporar más datos y patrones arqueológicos en sus modelos interpretativos. Sin embargo, lo que me ha desconcertado en el curso de los recientes desarrollos genéticos es que pocos arqueólogos (y genetistas) evalúan críticamente el significado socio-cultural más amplio de estos modelos en términos de migración humana, demografía, organización social y temporalización pero, sobre todo, de la forma en que sus nuevos modelos se relacionan con los anteriores. Es quizás este último punto el que más me inquieta debido a que muy pocos modelos genéticos nuevos reconcilian sus hallazgos sobre migración humana temprana, vectores geográficos de movilidad y la temporalización de los eventos con los modelos genéticos previamente publicados. Pocos de los genetistas y arqueólogos que escribieron en el Número Especial del 2019 presentan críticas sustantivas a estos estudios, a pesar de que aluden a ciertas limitaciones de las técnicas y los resultados. Es cierto que los estudios genéticos no pueden centrarse en todos los tópicos relacionados con el pasado profundo, pero los nuevos enfoques que utilizan ADNn ahora tienen teóricamente la capacidad de vincular grupos de parentesco e individuos a través de sitios y territorios, lo cual necesariamente requiere de una mayor dependencia y comparaciones con los registros arqueológicos locales y regionales (por ejemplo, un conjunto funerario que los arqueólogos han identificado como un grupo de parentesco, que puede incluir afines, o un grupo de parentesco identificado por los genetistas como una muestra de individuos que comparten afinidades genéticas).

Específicamente enfatizo mi preocupación con la publicación de muchos modelos genéticos enfocados en la migración y el poblamiento temprano de las Américas, que usual-

mente no muestran muchos esfuerzos por parte de los genetistas para criticar las principales diferencias y similitudes entre ellos. Esto no es lo mismo que decir que los genetistas no critican otros hallazgos y modelos. Es sólo que personalmente no creo que se aplique la suficiente auto-crítica, particularmente en relación a los problemas antropológicos y arqueológicos más generales. Pareciera que casi todos los meses aparece un nuevo modelo para explicar la migración humana temprana en algún lugar del mundo, pero principalmente en las Américas. Cada modelo introduce nuevos datos, usualmente una cronología diferente para el poblamiento inicial, y nuevos vínculos poblacionales interregionales (ver Figuras 1-2 para ejemplos de representaciones gráficas de vínculos interregionales). Un modelo parece reemplazar a otro, usualmente sin explicar cómo y por qué. Esto me molesta particularmente porque los estudios de ADN y ADNn aún están en su infancia, y este es un tiempo para ser más cautos y críticos (ver Novembre, Witonsky & Di Rienzo, 2016).

Figura 1: Tomado de Barbieri et al. (2018, p. 5). “Mapa mostrando las localizaciones de muestreo aproximadas de las nuevas correspondientes a poblaciones de Sudamérica, junto con los resultados de Admixture para K=7. Encima del gráfico de Admixture, las muestras recientemente reportadas están en negritas”.

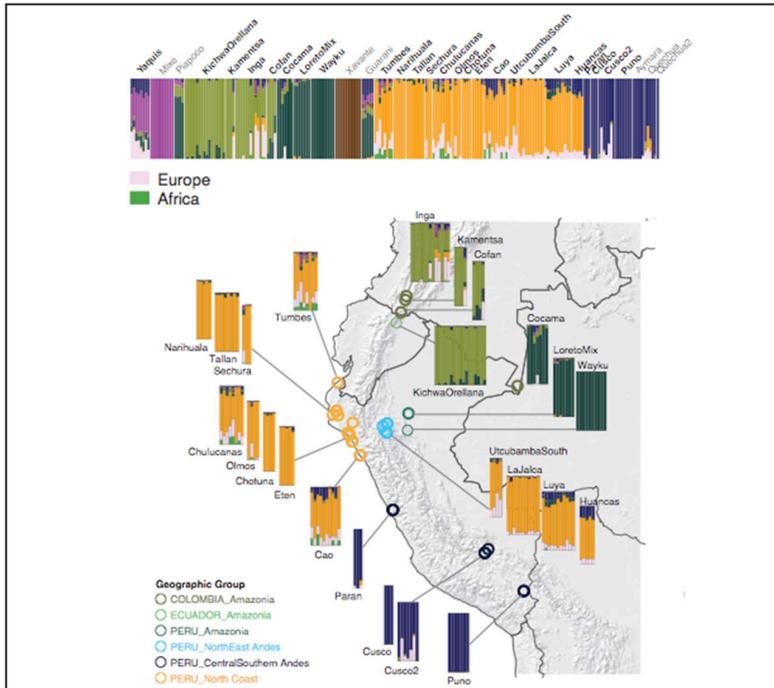
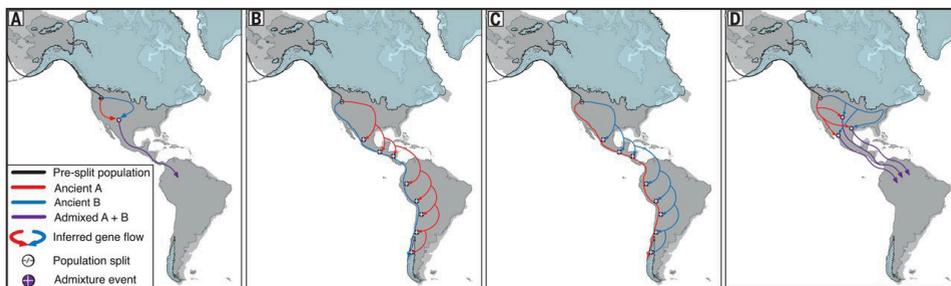


Figura 2: Tomado de Schieb et al. (2018, p. 3). “Modelos de dispersión consistentes con el resultado de este estudio. El rojo y el azul indican ANC-A y ANC-B, respectivamente; los símbolos denotan evento(s) de mezcla. Las ubicaciones de eventos de mezcla son hipotéticas. (A) Modelo con un evento de mezcla en Norteamérica. (B) Modelo en el que una población de ANC-B llegó primero a Sudamérica, seguida por una población ANC-A, con múltiples eventos de mezcla. (C) El mismo modelo que (B), pero con las poblaciones invertidas. (D) Modelo con múltiples eventos de mezcla y dispersiones”.



Durante las últimas dos décadas, varias publicaciones importantes se han centrado en el rol de los datos genéticos y los métodos analíticos para la inferencia de los orígenes y la dispersión global de los humanos (por ejemplo Bodner et al., 2012; Goebel, Waters & O’Rourke, 2008; Nielsen et al., 2017; Skoglund & Reich, 2016; Stoneking, 1996; Yang et al., 2017), así como también en asuntos locales-regionales de estructura y migración poblacional. También se han publicado otros estudios más regionales sobre la variación entre ADN moderno y antiguo, que exploran más a fondo los determinantes ecológicos y sociales de los patrones de diversidad genética dentro y entre las poblaciones definidas en el pasado. Uno de los avances más significativos para el estudio del ADNn fue el descubrimiento de su amplificación a partir de huesos humanos recuperados en sitios arqueológicos, lo cual ha permitido comenzar a construir marcadores genéticos para diferentes poblaciones antiguas locales, regionales y hemisféricas. Como resultado de estos estudios, el análisis genético ha generado nuevas y diferentes perspectivas en relación a la forma en que concebimos el movimiento de las poblaciones tempranas y, especialmente, los tamaños poblacionales proyectados de estos grupos; sólo estos estudios pueden estimar el tamaño y la variación poblacional, al mismo tiempo que mapean las historias demográficas basadas en la variación genética.

El reconocimiento de que existen diferencias poblacionales para los marcadores genéticos, también ha llevado a la identificación de ADN nuclear (es decir, análisis de todo el genoma) y a su utilización en la construcción de una variedad de haplotipos, polimorfismos de nucleótidos únicos (SNP por sus siglas en inglés), direcciones migratorias y temporalización de los eventos vinculados con los movimientos iniciales de los

humanos hacia las Américas (por ejemplo, Moreno-Mayar et al., 2018; Lewis et al., 2007; Rasmussen et al., 2014). Más recientemente, los genetistas han utilizado la variación en el ADN mitocondrial y los cromosomas X para inferir que la diversidad del acervo genético humano en las Américas tiene una antigüedad bastante reciente y representa entre una a cuatro migraciones (por ejemplo, Lewis et al., 2007; Merriwether, Rothhammer & Ferrell, 1995; Torroni & Wallace, 1995; Wang et al., 2007). Por supuesto, el ADN mitocondrial sólo provee información sobre la línea materna, lo que podría explicar por qué algunas veces el ADNn apoya un modelo, mientras que el ADN mitocondrial a otro. El cromosoma Y del ADN puede sustentar alguno de ellos o un modelo diferente. Esto debe ser reconciliado -si es posible- y también debe ser explicado más explícitamente. El modelo multi-migratorio implica poblaciones moderadamente grandes eventualmente distribuidas a lo largo y ancho de toda América, y supone al menos un flujo genético moderado entre ellas. También se ha reconocido que una mayor variación genética en los haplotipos puede estar reflejando tamaños poblacionales mayores en el largo plazo, posiblemente debilitando las inferencias en los tamaños poblacionales a corto plazo. Estos modelos también postulan diferentes tiempos de entrada, generalmente variando entre 15.000 y 25.000 años atrás. Indudablemente, como una línea de investigación novedosa e independiente, los estudios genéticos están proveyendo una mayor resolución, poder analítico y nuevas preguntas al estudio de los primeros pobladores americanos. Estas interpretaciones de los primeros americanos no están completamente en desacuerdo con el registro arqueológico a nivel hemisférico, que también ha sido interpretado como representando una o más migraciones y colocando el arribo de los primeros americanos entre 15.000 y 20.000 años atrás (Goebel et al., 2008). Sin embargo, siguen surgiendo dudas y preguntas arqueológicas sobre estos modelos, tanto antiguas como nuevas.

Para dar un breve ejemplo, en el Número Especial (Parte I) mencionado anteriormente, Sedig (2019) resumió los resultados de dos modelos recientemente publicados relacionados con el poblamiento de Sudamérica, algunos de los cuales me preocupan:

...se encontró que el aADN de un esqueleto perteneciente a un infante de aproximadamente 12.600 años de antigüedad en Montana (Anzick-1) era más similar a las poblaciones actuales de Centro y Sudamérica (Rasmussen et al. 2014) que a los grupos Norteamericanos, lo cual sugiere que la estructura poblacional de linajes norteros-sureños en las Américas es al menos tan antigua como el infante de Anzick-1 (Sedig, 2019, pp. 26-27).

Otro estudio afirma que algunos:

grupos amazónicos actuales tienen significativas similitudes genéticas con las poblaciones Australo-Papuanas y de la Isla de Andamán (Skoglund y Reich 2016), así como también con un [único] individuo chino

del Paleolítico de aproximadamente 40.000 años atrás (Yang et al. 2017), un patrón que sólo puede ser explicado por una población genéticamente diversa contribuyendo a los ancestros de los sudamericanos actuales (múltiples pulsos de movimientos desde Asia) (Sedig, 2019, pp. 26-27).

Estos son resultados de gran alcance basados en muestras de tamaño relativamente pequeño (especialmente en el caso de Anzick-1) tomadas de grupos ancestrales y/o vivos y, sobre todo, tienen pocos medios sustantivos más allá de los “relojes” genéticos para estimar el momento en que se produjeron tales eventos. Luego de leer estos dos estudios en detalle, me pregunté qué conclusiones podrían sacarse de ellos (y otros) dentro de una o dos décadas cuando existan técnicas más refinadas, bases de datos más extensas, una cronología de los eventos más precisa, y una mayor comprensión de los cambios mutacionales que pueden ocurrir durante largos periodos de tiempo y vastos espacios. A pesar de estas inquietudes, el potencial que tienen los análisis de ADN para interconectar individuos a lo largo de vastos tiempos y espacios puede ser ilimitado, lo cual es invaluable para la reconstrucción de los patrones demográficos y sociales del pasado, pero todavía se requiere de mayores cuidados antes de que tales interpretaciones generales puedan ser aceptadas en su totalidad.

Quisiera dejar en claro que aquí no estoy criticando las técnicas empleadas por los genetistas debido a que esta no es mi línea de investigación y experticia, sino que estoy preocupado acerca del por qué se están ofreciendo tantos modelos sin una evaluación crítica seria de sus implicancias, limitaciones, la relación con las bases de datos arqueológicas locales y regionales, y particularmente la reconciliación con los modelos previos. Considero que esto debería constituir un interés no sólo para los genetistas sino también para los arqueólogos, especialmente dado que muchos arqueólogos son sumamente acríticos y parecen estar enamorados de los nuevos modelos genéticos.

En mi opinión, a pesar de que los nuevos modelos genéticos se complementan entre ellos al ofrecer nuevos datos y perspectivas, generalmente no comparten un modelo en común para la colonización humana temprana de América. Quizás el beneficio a largo plazo es que la variedad de combinaciones de los nuevos modelos eventualmente permitirá soluciones más flexibles y adaptadas a los casos locales y regionales específicos. Sin embargo, actualmente éstos parecen sugerir representaciones genéticas fundamentalmente diferentes de las relaciones humanas sociales, biológicas y medioambientales en el pasado, que habrían sido creadas por diferentes formas de interacción demográfica. Sin cuestionar la legitimidad y exactitud de estas representaciones, creo que es crucial concebir a la mayoría de estos modelos como iniciativas fluidas, cuyos límites pueden ser el resultado de interacciones históricas más específicas de las que percibimos en la actualidad.

Para resumir, en mi opinión, generalmente ha habido una falta de crítica pertinente a los modelos genéticos para el estudio epistemológico e interdisciplinario del poblamiento

temprano de las Américas. Además, no estoy convencido de que la mayoría de los genetistas estén lo suficientemente familiarizados con los registros arqueológicos existentes que abordan los temas estudiados por sus modelos. También pareciera que algunos modelos se centran selectivamente en ciertas piezas de conocimiento arqueológico que, convenientemente, coinciden con sus propias ideas acerca de la movilidad, la temporalización y la colonización, algunas veces incluso despojando a tales conocimientos del contexto original en el que fueron generados. Otra preocupación compartida por muchos arqueólogos es que los genetistas usualmente intentan correlacionar poblaciones biológicas específicas (por ejemplo, las representadas por haplotipos o haplogrupos) con culturas arqueológicas específicas, siendo la correlación más obvia la continua asociación entre los llamados “pueblos Clovis” migratorios y ciertos haplogrupos de las Américas. En mi opinión, tales intentos son dudosos y generalmente no tienen mucho sentido a nivel antropológico.

A continuación se discuten varias inquietudes desde la perspectiva de una investigación arqueológica, las cuales espero sean consideradas cuando los genetistas diseñen investigaciones e interpreten sus resultados. Muchas de mis inquietudes están expresadas en forma de preguntas más que de respuestas o sugerencias. Además, este es un ensayo donde expreso mi opinión, y no un estudio académico que presenta datos empíricos y todas las citas relevantes. Este escrito generaliza sin señalar aquellos estudios genéticos con auto-crítica y que intentan reconciliar sus hallazgos con otros modelos y que, en mi opinión, son muy pocos. El proveer una discusión y crítica detallada de estos y otros modelos requeriría de un comentario mucho más extenso del presentado aquí.

Historias, poblaciones y unidades de análisis demográficas

Una de las mayores contribuciones de la información molecular a la arqueología es la posibilidad de inferir historias demográficas desconocidas a partir de los datos genéticos. Entiendo que gran parte de la incertidumbre en relación a las inferencias evolutivas de las historias y poblaciones demográficas generalmente se relaciona con la naturaleza efímera de las poblaciones humanas y la naturaleza usualmente arbitraria de las definiciones de población, tanto en los estudios genéticos como en los arqueológicos. La discusión genética sobre el poblamiento demográfico de cualquier región se relaciona con las premisas que se adoptan para inferir cada tipo de base de datos (genética, arqueológica, esquelética, lingüística), y cómo ésta es definida como unidad de estudio y como unidad poblacional móvil o estática. Un problema significativo tanto en la genética como en la arqueología se relaciona con la forma en que las poblaciones del pasado han sido definidas como unidades de análisis. Son varias las preguntas importantes que vienen a la mente en relación a esta inquietud. Por ejemplo, considerando que las poblaciones locales generalmente han sido la unidad de escrutinio para los genetistas, ¿cómo se define una población local en el pasado? ¿Es un grupo reproductivo, un grupo residencial, un grupo mortuario, un

grupo esquelético guardado en un museo, o un grupo a nivel de sitio arqueológico? ¿Qué es una población reproductiva y una población social identificable en el registro genético? ¿Es un grupo cuya conformación genética total refleja como una unidad los parámetros de aislamiento, selección natural, deriva y/o combinación? Las poblaciones de estudio, ¿son definidas como unidades demográficas, como unidades de análisis para la investigación, como grupos genéticos, más específicamente como haplogrupos o SNP, y para qué propósitos en relación al pasado arqueológico? ¿Cuáles son las unidades de diferencias y similitudes entre estos grupos, y cómo están relacionadas con los patrones arqueológicos? ¿Qué otras categorías demográficas construidas y unidades de análisis arqueológico pueden ser necesarias o pueden resultar engañosas? ¿Cómo se relacionan estos grupos con los grupos y categorías arqueológicamente definidos basados en los sitios individuales, los patrones de asentamiento, las puntas de proyectiles y otros tipos de artefactos, así como otros rasgos culturales? ¿Cómo se relacionan los haplotipos y haplogrupos con estos rasgos, grupos de sitios-tipo, y otras categorías? Desde un punto de vista antropológico, ¿de dónde proviene la diversidad genética y su dinámica en el tiempo dentro de todas estas unidades, una vez definidas?

Los patrones de diferenciación genética en los sistemas genéticos haploides han sido correlacionados con los patrones de residencia en grupos indígenas actuales pero, ¿cómo se traduce esta correlación a los sistemas geográficos de gran escala en el pasado remoto, tales como los territorios regionales, los patrones de movilidad a larga distancia y en un largo plazo, y con las mezclas y movimientos poblaciones, especialmente durante el Pleistoceno tardío y el Holoceno temprano? Encuentro que una de las dificultades que surgen al estudiar grandes escalas geográficas de patrones de variación genética y cultural es la falta de estandarización con respecto a qué sistemas genéticos (o unidades de análisis) son empleados para caracterizar la variación genética en poblaciones individuales locales y regionales. Otra dificultad se desprende de la composición cambiante de las poblaciones locales producida por la fisión y fusión intergrupal y por las múltiples migraciones y fragmentaciones en el tiempo y el espacio. Es probable que algunos grupos puedan reflejar sistemas genéticos y estabilidad temporal a lo largo del tiempo, y por ende ser indicadores de relaciones ancestrales de descendencia (O'Rourke & Suarez, 1995), mientras que otros representen otras relaciones. Sin embargo, ¿cómo se identifican y definen estas relaciones, y cómo podemos, como arqueólogos, reconciliar nuestros datos y hallazgos con éstas? En breve, a mi entender, tanto los genetistas como los arqueólogos requieren de nuevas preguntas, nuevas normas y nuevos abordajes interdisciplinarios para poder definir y comprender de mejor manera la diversidad humana antigua dentro del orden demográfico, temporal y social del poblamiento de las Américas.

Asimismo, no llegamos a comprender del todo hasta qué punto algunos aspectos de los rasgos genéticos, culturales y lingüísticos son compartidos por las historias poblacio-

nales locales. Se supone que los rasgos culturales locales y los rasgos genéticos tienen procesos similares de desarrollo, difusión y cambio, y que por ende están relacionados y se puede inferir uno a partir del otro (Cavalli-Sforza, Menozzi & Piazza, 1994; Raghavan et al., 2014; Skoglund et al., 2015; Weiss, 1996). No obstante, los matrimonios locales y las mezclas a lo largo de generaciones pueden o no haberse mantenido con frecuencia entre los miembros de un mismo grupo. E incluso si este fuera el caso, ¿cómo medimos esto arqueológica, demográfica, lingüística, social y genéticamente? ¿Cómo se relacionan estas variables en la escala regional más amplia, y cómo las identificamos arqueológicamente? Estas son sólo algunas de las preguntas que se me vienen a la mente cuando leo algunos estudios genéticos e intento encajarlos en el pensamiento antropológico y el razonamiento arqueológico.

La posibilidad de comparar las evidencias

Nuestra percepción es que los estudios genéticos comparativos a través del tiempo y el espacio se ven entorpecidos por el hecho de que, en la mayoría de las poblaciones estudiadas, pocos sistemas genéticos están uniformemente tipificados. Por ejemplo, los primeros estudios comparativos de grupos vivos frecuentemente se veían reducidos al uso de la variación en los antígenos de glóbulos rojos (grupo sanguíneo) como el dato primario, solamente debido a que los grupos sanguíneos eran los marcadores genéticos más comunes y habían sido tipificados en más poblaciones que otros rasgos más polimórficos, y por ende, eran marcadores más informativos, tal como aquellos de los antígenos leucocitarios humanos (HLA por sus siglas en inglés). Para complicar más el asunto en relación al pasado reciente, también tenemos el caso de los haplotipos reconstruidos a partir de ADN moderno en mucosa viva y muestras de piel y a partir de ADN en huesos humanos arqueológicos, siendo estos últimos usualmente utilizados junto a los marcadores genéticos derivados del grupo sanguíneo para establecer patrones migratorios y poblacionales para los primeros americanos. La imposibilidad de comparar los tipos de marcadores y material de ADN antiguos y modernos, así como las limitaciones que éstos plantean, siguen siendo un grave problema, especialmente en relación a los problemas de muestreo y a la forma en que se han definido esas poblaciones en toda América, a la fiabilidad de los datos cruzados entre ellas, y a la conciliación de los resultados de estos datos a través del tiempo y el espacio con aquellos provenientes de los registros arqueológicos.

Entonces, el problema no son las muestras de tejido (excepto en los estudios epigenéticos). Considero que la cuestión radica en si el estudio se enfoca en el ADN mitocondrial y luego en presentar resultados en haplogrupos y/o haplotipos, o en centrarse en algunos SNP, o en hacer un análisis completo de todo el genoma. Por supuesto, cada investigador es muy explícito sobre lo que está presentando de forma tal que otros sólo puedan comparar sus resultados con categorías de datos idénticas reportadas por sus colegas. Esto significa

que si yo recupero datos de haplogrupos y haplotipos, sólo puedo compararlos con otros estudios que tienen también datos de haplogrupos y haplotipos. Así, la estandarización de conjuntos de datos está integrada en el sistema analítico.

Aislamiento/expansión poblacional, población fundacional y selección

Mayr (1963) introdujo la idea de que una especiación rápida podría traer aparejado un efecto fundacional (Moreno-Mayar et al., 2018) —la situación donde un individuo atípico o un pequeño grupo de individuos se ven geográficamente aislados de los otros miembros de su población reproductiva y dan origen a una nueva población reproductiva. En otras palabras, las poblaciones pequeñas y geográficamente aisladas deberían mostrar pequeños grados de variabilidad genética y deberían experimentar endogamia y cambios aleatorios en la deriva genética. Por otra parte, el cambio de ambiente genético experimentado por las poblaciones fundacionales pequeñas y aisladas debería cambiar también el valor selectivo de los genes individuales.

Uno de los problemas en la identificación de las historias demográficas de ciertos grupos y de poblaciones antiguas representadas por registros arqueológicos locales y regionales, es que sigue siendo difícil distinguir la expansión y el aislamiento poblacional a partir de fuertes fuerzas de selección en ciertas variantes de poblaciones fundacionales pequeñas. Por ejemplo, en el caso de los orígenes humanos modernos en África, muchos investigadores creían que ciertos datos genéticos no sólo reflejaban una expansión poblacional en el Pleistoceno tardío y, en algunos casos, un aislamiento de los humanos modernos, sino también patrones de variación definidos por los procesos de selección (Harpending & Relethford, 1997). Son varias las preguntas que podemos formular aquí. ¿Hasta qué punto es aplicable este tema a cualquier población fundacional de América durante el Pleistoceno tardío? ¿En qué grado se ven afectadas las secuencias genéticas locales y regionales por la expansión poblacional (y posiblemente las poblaciones fundacionales aisladas), en oposición a los procesos de selección, por las formas en que estos procesos trabajan en conjunto o en oposición para producir secuencias genéticas, y por las formas en que el medio ambiente natural controlaba a los humanos y los humanos al medio ambiente? ¿Cuáles son los matices propios de los datos genéticos y los patrones producidos a partir de estos datos que los arqueólogos deberían conocer para aplicar resultados genéticos a los modelos de poblamiento construidos a partir de los registros arqueológicos? Las preguntas a estas respuestas pueden ser obvias para los genetistas, pero no así para muchos arqueólogos.

Pasando a un tema relacionado, todavía existe un límite notable en las discusiones sobre la colonización temprana de América en términos de cómo las personas podrían haber expandido o contraído sus áreas poblacionales en respuesta a los cambios climáticos, de vegetación, faunísticos y topográficos que afectaron al continente. Se discute aún menos cómo la colonización podría haberse visto afectada por la fragmentación de las poblaciones,

su aislamiento en el largo plazo y por la apertura o cierre de barreras geográficas entre éstas (ver Llamas et al., 2017). La barrera más importante habría estado constituida por los Andes en Sudamérica. Es muy probable que las poblaciones dispersas en las montañas de Centro y Sudamérica hayan estado restringidas a esas breves ventanas de oportunidad marcadas por los interglaciares.

Los cambios climáticos en Sudamérica están bastante bien documentados. Las personas habrían experimentado —junto al resto de la fauna y flora— grandes y repetidas contracciones y expansiones de sus hábitats preferidos. La densidad y distribución de las poblaciones humanas también deben haber sufrido cambios considerables durante el ciclo glacial/interglacial. Probablemente algunas áreas fueron abandonadas durante largos periodos o tuvieron múltiples, esporádicos y discontinuos episodios de asentamiento. Por lo tanto, en general habría habido largos periodos durante los cuales las personas quizás estuvieron restringidas a un pequeño número de áreas medioambientales, y largos periodos durante los cuales las poblaciones habrían estado aisladas unas de otras. En conjunto, estos cambios y patrones probablemente originaron registros arqueológicos intermitentes que varían entre altamente visibles hasta prácticamente invisibles en algunas áreas. ¿Cómo conciliamos estos problemas con los registros genéticos y arqueológicos aplicables a nivel regional?

Variación y significado

La mayoría de los genetistas parecen ver a la variación genética desde la perspectiva de la evolución humana y la sistemática, la distribución geográfica, o la historia y prehistoria poblacional. Pero, aunque los genetistas están ahora empleando estadísticas bayesianas para abordar estas cuestiones, todavía debemos preguntarnos más específicamente qué significa la variación genética y cómo se relaciona con las dinámicas poblacionales y los modelos demográficos. Se piensa que las diferencias genéticas entre las poblaciones son el resultado de una serie de divisiones que se bifurcan. Los problemas que lidian con los modelos filogenéticos de ramificación y los modelos de estructura poblacional (por ejemplo el flujo y la deriva genética), que pueden llegar a los mismos resultados, quizás puedan beneficiarse aún más de los modelos arqueológicos y de las bases de datos esqueléticas humanas originadas en la misma área de estudio, en caso de que las hubiera. Al igual que en las variaciones de los estilos artefactuales, que a menudo son erróneamente pensados como equivalentes a poblaciones humanas y los movimientos de tales poblaciones (por ejemplo, las puntas Clovis y las poblaciones Clovis), también se asume que las secuencias genéticas equivalen a eventos poblacionales (Harpending et al., 1998; Stoneking, 1996).

Comprensiblemente, para poder conciliar las diferencias entre las disciplinas y la forma en que cada una de ellas percibe la estructura, variación y movimiento poblacional, los arqueólogos deben ser más explícitos y definir a lo que se refieren cuando hablan de

variación cultural, social y tecnológica (es decir, arqueológica), y cómo concilian esta información con la variación genética. Debemos entender mutuamente los factores culturales que afectan la estructura genética de una población, la manera en que los sitios arqueológicos y la variabilidad de los conjuntos representan la diversidad cultural, poblacional y genética, y cómo la diversidad arqueológica es sistemáticamente ordenada y documentada. También es necesario un mejor entendimiento de los límites y combinaciones intergrupales en el pasado, y la forma en que estos podrían haber afectado la diversidad genética.

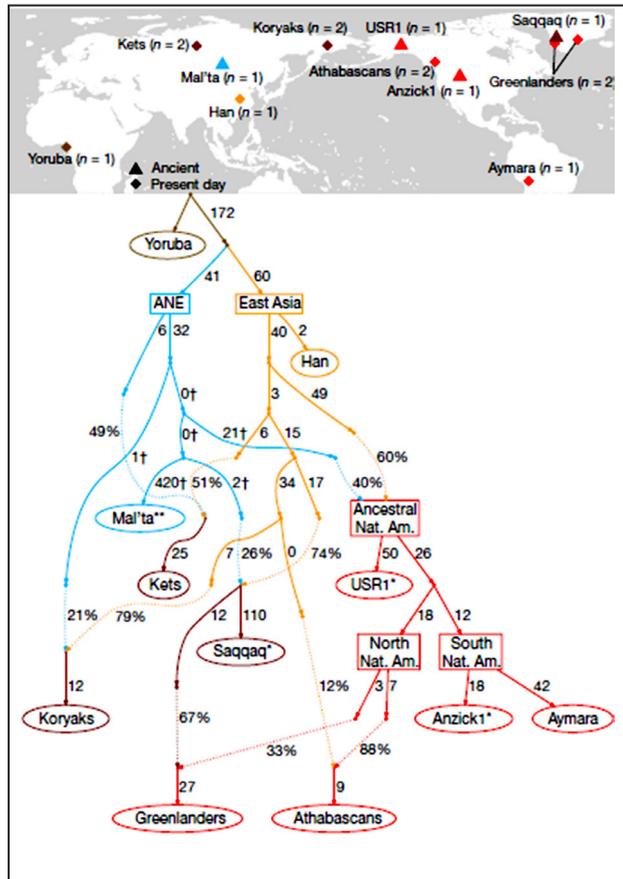
Relojes moleculares y rutas migratorias

A pesar de que la genética está generando evidencias más convincentes y excitantes sobre las historias demográficas, las dinámicas poblacionales antiguas, la especiación y la filogenia (ver Figuras 3-4 para representaciones gráficas de las historias demográficas), en mi opinión, este no es el caso para las estimaciones temporales y cronológicas de la entrada y migración humana (Cann, Stoneking & Wilson, 1987; Dillehay, 2009; Gibbons, 1997; Llamas et al., 2017; Stoneking, 1996). Para resumir brevemente, los estudios genéticos y los árboles filogenéticos dendríticos muestran la secuencia de divergencia evolutiva en las poblaciones humanas tempranas de América y, a grandes rasgos, los momentos aproximados en que los diferentes linajes posiblemente divergieron. La variación en la secuencia de un gen (¿y haplotipo?) y su representación en dendrogramas basados en la descendencia han sido empleados para reconstruir los parámetros poblacionales tempranos, los cuales han sido calibrados en relación a eventos arqueológicos conocidos, para estimar el momento de la entrada y la divergencia de las poblaciones en toda América, si no a nivel hemisférico, al menos a nivel sub-continental y regional. La temporalidad de los eventos genéticos es estimada a partir de los presuntos índices de evolución molecular de las proteínas y los ácidos nucleicos, especialmente el ADN mitocondrial, que supuestamente se ve poco afectado por los procesos de selección y, por ende, acumula cambios en su estructura molecular a una tasa relativamente constante, produciendo así relojes moleculares para estimar, a grandes rasgos, la cronología de la entrada y la divergencia poblacional de los humanos en toda América (ver Respuesta a los Comentaristas).

No obstante, todavía existen grandes problemas con estos relojes y sus estimaciones debido a que las tasas de cambio genético pueden no haber sido lo suficientemente uniformes a lo largo del tiempo como lo requiere el método del reloj. Por otra parte, a pesar de que las diferencias genéticas aparentemente sí ocurren en forma similar a la de un reloj y por ello pueden ser modeladas en términos de dinámicas poblacionales, estas podrían no necesariamente corresponderse con los patrones y las cronologías arqueológicas. También desconocemos si los procesos de expansión, aislamiento, selección poblacional y otros pudieron haber afectado la variación genética y la cronología de esos eventos. Después de todo,

varios investigadores ya han planteado que la variación genética es formada por parámetros demográficos (Harpending et al., 1998; Templeton, 1996). Presumiblemente, las distancias genéticas son indicadores de la cronología de las transformaciones o separaciones genéticas y, por ende, de los cambios poblacionales. Considerando que los genes y la diversidad relativa de genes dentro y entre las poblaciones están afectados por el tamaño, las tasas de crecimiento y la estructura poblacional, entonces ¿cómo afectan y definen éstas y otras variables a la variación genética, y cómo se relaciona esta variación con los estimados cronológicos? Además, ¿cuál es la relación entre la diversidad de una población y su antigüedad? ¿Qué significan las secuencias de datación en relación a las tasas de flujo genético (Relethford & Harpending, 1995), ta-

Figura 3: Tomado de Moreno-Mayar et al. (2017, p. 3). “Modelo para la formación de las diferentes poblaciones nativas americanas. Hemos montado un gráfico de mezcla mediante la adición secuencial de hojas mezcladas a un gráfico de ‘semillas’ incluyendo los genomas Yoruba, Han, Mal’ta, Ket, USR1, Anzick1 y Aymara. Para cada grupo mezclado ‘no-semilla’, encontramos un par de bordes que produjeron el gráfico más ajustado, basado en el ajuste y máximos |Z| scores (3.27 para este gráfico). Nodos con forma elíptica: poblaciones muestreadas; nodos con forma de caja: metapoblaciones. *Genoma antiguo único de gran profundidad, **genoma único de poca profundidad. †Subgráficos con una estructura que no pudimos resolver debido a un error de secuenciación y genotipificación en el genoma Saqqaq. El tamaño de las muestras y su localización se muestran en la parte superior”.



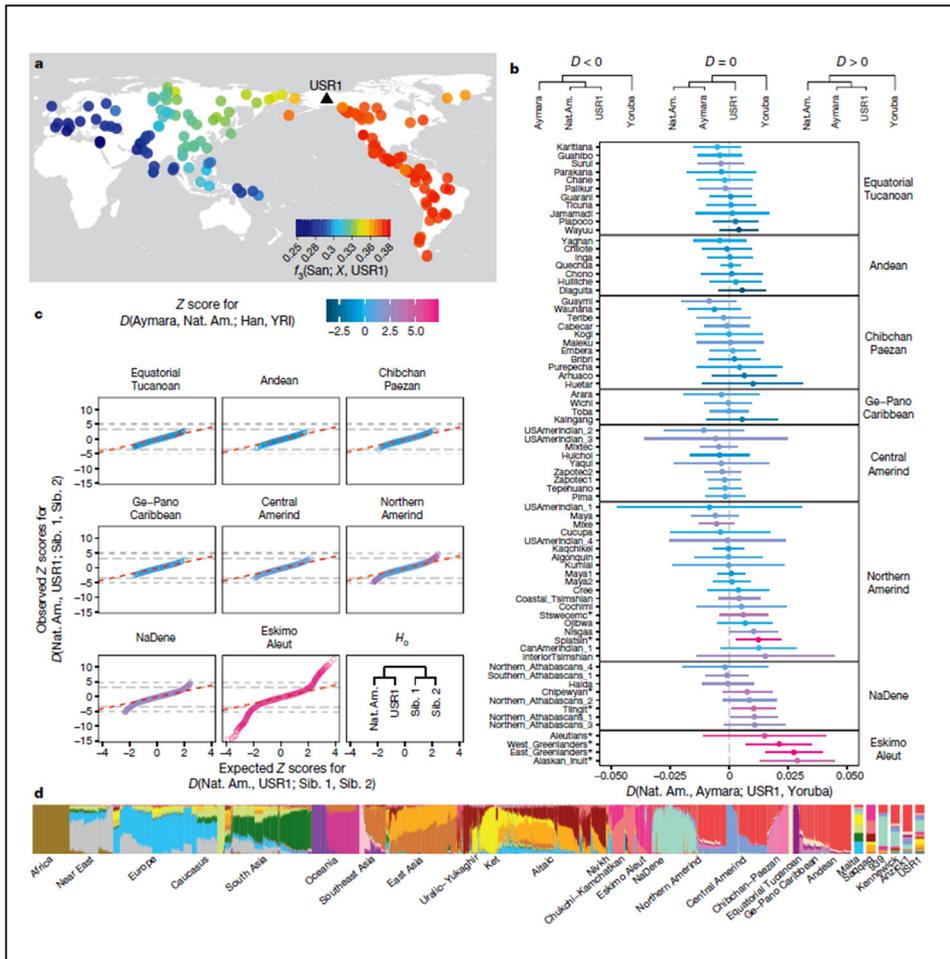
sas de mutación (Gibbons, 1997), coalescencia, influencia de la selección (Hey, 1997), tamaños y diversidad promedio de las poblaciones (Rogers & Jorde, 1995) y la frecuencia de las extinciones y mezclas poblacionales? ¿Cuáles problemas de diversidad y cronología pueden ser exclusivos del poblamiento americano y su lapso de tiempo relativamente corto desde la entrada de los seres humanos hasta su dispersión? ¿Cómo conciliamos las variaciones, secuencias y estimados temporales entre los relojes genéticos y los arqueológicos, especialmente dentro de todos los modelos de poblamiento publicados en los últimos años? Sé que los genetistas han estado lidiando con estas preguntas por décadas, pero aún no están resueltas.

Para citar un ejemplo de alguno de estos asuntos, en un artículo publicado hace relativamente poco, un equipo de genetistas (Wang et al., 2007; cf. Llamas et al., 2016) empleó los marcadores micro satelitales autosómicos de 422 individuos provenientes de 24 poblaciones nativas americanas diferentes de Norte, Centro y Sudamérica para estudiar la variación genética y la estructura poblacional. El objetivo final era el de presentar una perspectiva novedosa para el estudio de los procesos de dispersión y diferenciación poblacional de los primeros americanos, para la estimación cronológica y las rutas seguidas por éstos durante y luego de la migración inicial, y para el estudio del grado en que los genes y el lenguaje varió conjuntamente durante esos eventos. No se incorporaron marcadores genéticos de ADN_a provenientes de material esquelético a este estudio, a pesar de que sí se compararon datos similares de grupos actuales en otras áreas del mundo con los datos americanos.

Sin un conocimiento cabal de los efectos del flujo y la deriva genética, de las condiciones históricas de entrecruzamiento y agregados poblacionales, ni del aislamiento geográfico y la adaptación medioambiental de cada población estudiada a través del tiempo y el espacio, el estudio arrojó varias conclusiones. Se determinó que el Nuevo Mundo fue colonizado en algún momento anterior a 20.000 años atrás desde el extremo noroeste de América, implicando afinidades con Siberia y el noreste asiático. Otros vectores geográficos y de agregados poblacionales fueron eliminados. También se postuló un evento migratorio único que dio como resultado el poblamiento total del hemisferio americano. También se propusieron otros escenarios, incluyendo una migración costera por el Pacífico, basada en gran medida en la densidad y diversidad de la gama de marcadores genéticos representados por los 24 grupos estudiados. La mayoría de los grupos nativos americanos en el estudio estaban localizados sobre los límites occidentales del hemisferio, lo cual, sugiero, posiblemente generó un sesgo en la base de datos genética y la inclinó hacia el lado Oeste. No obstante, más dudosa aún es la falta de evidencia genética para las migraciones a lo largo de los principales ríos, un hallazgo que contradice muchos registros arqueológicos y al que no le encuentro mucho sentido. El intento de encontrar correspondencias entre la

distancia genética y las familias lingüísticas sugería que las diferencias en los lenguajes posiblemente influyeron en la creación de barreras genéticas o co-existieron con otras variables que limitaron el flujo genético. Resumiendo, este tipo de estudios me parece muy útil debido a su valor sugestivo en términos de secuenciamiento geo-demográfico, pero no para la temporalización de los eventos.

Figura 4: Tomada de Moreno-Mayar et al. (2017, p. 2). Diferentes aproximaciones a la representación de resultados genéticos.



Muestreo y representación

Muchos de los datos genéticos utilizados para la reconstrucción de las dinámicas poblacionales en el pasado han sido recogidos y analizados bajo diferentes estrategias de muestreo, técnicas analíticas y preguntas de investigación. Como ya señalaran Weiss y Maruyama (1976) varios años atrás, pero sigue siendo aplicable en la actualidad, muchos de los estudios centrados en la historia de los asentamientos humanos no están lo suficientemente bien relacionados con el contexto original de las muestras esqueléticas humanas ni con su historia antropológica y contenido temático. Además, desafortunadamente, la mayoría de los estudios genéticos agrupan los materiales esqueléticos humanos disponibles (y otros materiales antiguos) en una única muestra colectiva que supuestamente representa a una población biológica proveniente de una amplia región en donde son muchos los sitios arqueológicos que pueden haber sido muestreados. Pero generalmente no hay una uniformidad espacial ni temporal en los materiales esqueléticos provenientes de sitios arqueológicos seleccionados para ser analizados genéticamente. ¿Qué implica esto? Por otra parte, el diseño de muestreo en sí usualmente no es ni adecuado ni estrictamente definible. Pero esto no es necesariamente culpa de los genetistas. Ellos usualmente seleccionan los materiales disponibles para ser utilizados en las colecciones arqueológicas locales y regionales. Es decir, ellos muestrean de acuerdo a la disponibilidad y mediante el agrupamiento. Este agrupamiento de materiales puede añadir una considerable variación a la muestra y presenta los tipos de problemas de conciliación y definición discutidos con anterioridad.

Desde nuestro punto de vista como arqueólogos, necesitamos mayor claridad. Por ejemplo, conocer si la población esquelética corresponde a un único horizonte cultural, cuál es el periodo cultural que éste representa, y el grado de entrecruzamiento y asimilación biológica de una población local. Las declaraciones válidas en relación a la naturaleza biológica de las poblaciones locales deben estar basadas en una muestra que sea adecuada en tamaño, provenga completamente de una población local, sino regional, y pertenezca a un mismo nivel temporal. En resumen, yo recomiendo una recolección más sistemática y estandarizada de los datos genéticos muestreados en sitios arqueológicos, así como también un conocimiento más profundo acerca de la historia de la población en términos de arqueología, historia, y diseño de muestreo.

En la misma línea, estudiar la representación genética implica asumir el contexto social y demográfico dentro del cual apareció por primera vez un marcador genético en el pasado y su consecuente difusión en el tiempo y el espacio. Sin embargo, incluso con un marcador genético antiguo, entiendo que no necesariamente podemos deducir a partir de ese marcador el origen de una población o la naturaleza de un conjunto de prácticas y mecanismos demográficos anterior. Menciono esto porque varios estudios genéticos

han asumido de manera regular que los marcadores de ADN y ADN mitocondrial de los esqueletos humanos del Holoceno temprano al medio también representan los parámetros y dinámicas de las poblaciones del Pleistoceno tardío, a pesar del hecho de que son varios milenios, usualmente más de 450 generaciones, y probablemente varios procesos los que separan al periodo del Pleistoceno tardío de las muestras poblacionales del Holoceno. Además, las muestras del Holoceno generalmente son tomadas de poblaciones humanas sumamente dispersas, que probablemente nunca estuvieron relacionadas históricamente y quizás genéticamente. Un modelo apropiado de los orígenes americanos tempranos no sólo debería cuestionar el aparente vínculo filogenético y el extenso periodo transcurrido entre las muestras del Pleistoceno tardío y las del Holoceno temprano a medio, sino también la posibilidad de su separación debido a varios procesos. El argumento es que los marcadores genéticos son transmitidos a través del tiempo. Sin embargo, la filogenia no debe ser confundida con los procesos históricos y demográficos, esto es, los procesos continuos y transformacionales de producción social y demográfica a través del tiempo y el espacio, y cómo éstos redujeron o aumentaron la variación en las poblaciones muestreadas. En definitiva, nuestra confianza arqueológica en ser capaces de distinguir entre lo que es real y lo que es inferido en relación a la representación del registro humano del Pleistoceno tardío no debería tambalearse por la intrusión de más esqueletos del Holoceno temprano etiquetados como firmas genéticas americanas muy tempranas.

Contaminación

¿Hasta qué punto el ADN arqueológico está demasiado fragmentado y contaminado como para ser útil para la secuenciación genética y los análisis filogenéticos? La preservación del ADN es altamente variable en los sitios arqueológicos, lo que dificulta la definición de los tipos de condiciones que llevaron a una buena preservación del ADN en los huesos. Afortunadamente, cada vez más investigaciones interdisciplinarias están mostrando que varias técnicas son capaces de detectar, e incluso a veces caracterizar, las moléculas antiguas de origen biológico en una serie de materiales provenientes de sitios arqueológicos; el potencial de estos enfoques está mucho mejor establecido hoy en día, aunque queden muchos problemas prácticos por resolver. A pesar de estos avances, los arqueólogos tienen que estar todavía más conscientes de los potenciales peligros a la hora de recolectar y almacenar diferentes materiales orgánicos para los análisis de ADN.

Comentarios Finales

En general, muchos arqueólogos todavía tienen un conocimiento escaso acerca de los efectos relativos de la combinación de los mecanismos evolutivos biológicos, medioambientales y sociales que dieron origen a los patrones, observados e inferidos, de

los marcadores genéticos clásicos que representan el poblamiento de las Américas. Por ejemplo, los efectos del flujo genético (mezcla genética), la deriva genética y la mutación en poblaciones específicas y los procesos de la relación entre las estructuras y las dinámicas demográficas, así como también la generación del patrón de variación genética dentro y entre poblaciones definidas. La inferencia causal no es sencilla y en muchos casos puede que no sea rastreable, incluso cuando las secuencias de marcadores genéticos actuales de ADN y ADNa hayan sido establecidas.

En términos generales, se sostiene que la migración de salida de las poblaciones puede ser estudiada sobre la base de gradientes de frecuencias genéticas (Cavalli-Sforza et al., 1994). Sin embargo, simplemente necesitamos más datos y una mejor comprensión de los patrones de variación genética a nivel local, regional y continental a través del uso de mapas sintéticos de frecuencia genética. También se necesita más información sobre la biogeografía y la ecología local de la variación de la frecuencia genética en una muestra más grande de poblaciones americanas, y sobre la relación entre los patrones de variación genética y la distribución de los grupos lingüísticos y las culturas arqueológicas. Quizás la representación de más frecuencias genéticas como gradientes continuos en mapas de SIG, superpuestas en capas con diferentes mapas arqueológicos, lingüísticos y paleoecológicos, pueda presentar nuevas formas de percibir los datos, de plantearse nuevas preguntas y de realizar nuevas inferencias. Una vez que los genes relacionados con las enfermedades estén mejor definidos y sean comprendidos en términos de la migración humana temprana, la causa de las enfermedades, y los cuellos de botella, estos también deberían ser incluidos en las capas de mapas.

También necesitamos que el enfoque genético sea complementado aún más por las perspectivas antropológicas y arqueológicas de utilizar la diversidad de los patrones sociales y la demografía humana para guiar los análisis y las inferencias genéticas, así como también para la realización de estudios genéticos a largo plazo. En resumen, la fuerza de asociación estimada entre las bases de datos variables y las interpretaciones interdisciplinarias es producto de las suposiciones hechas en el análisis, como en el caso de la relación entre la evidencia genética y física o entre los patrones genéticos y los arqueológicos, y entre la variación genética y las relaciones biogeográficas.

Un asunto importante que no he discutido aquí es la relación entre el patrimonio cultural y biológico de los grupos indígenas actuales, especialmente en Sudamérica donde existen muchas poblaciones tanto pequeñas (como los Nukak) o grandes (como los Quechua), y los hallazgos e inferencias de los estudios genéticos. Este es un tema que los genetistas aún no han abordado del todo en sus estudios sobre los vínculos entre los pueblos actuales y los del pasado. Es un asunto que algún día puede implicar acalorados discursos sobre las relaciones genéticas, el patrimonio cultural y la identidad política, especialmente en los países andinos y en Brasil.

Por último, las inquietudes y dudas expresadas aquí tienen como intención revelar algunos de los malentendidos y dificultades que tenemos los arqueólogos (o al menos este arqueólogo) a la hora de intentar tener una mejor comprensión de los hallazgos y modelos de los estudios genéticos. Cualquier genetista que lea este ensayo probablemente tendrá respuestas inmediatas a muchas de mis preguntas e inquietudes, y quizás vea a algunas de estas como derivadas de mi limitada y particular comprensión de la genética. Pero a partir de mis conversaciones con otros arqueólogos, sé que muchos tienen dudas similares en relación a este campo. Con algo de suerte, partes de este ensayo permitirán una mejor comprensión mutua entre las disciplinas.

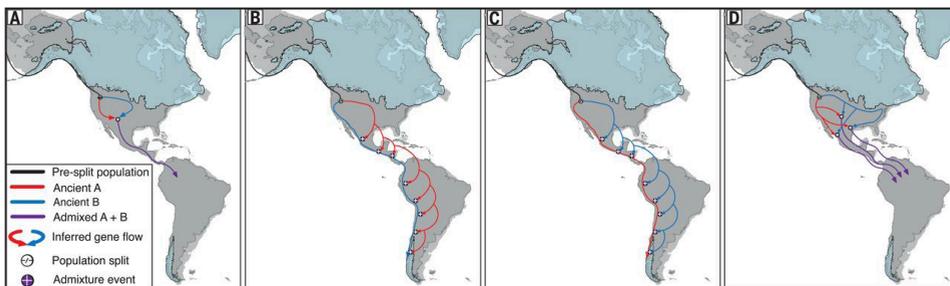
VERSIÓN ORIGINAL EN INGLÉS

Introduction

In recent decades and especially in the past fifteen years, genetic studies have brought new and exciting results to the field of archaeology by redefining our understanding of human history (see Reich, 2019; Shendure et al., 2017; Yang & Fu, 2018), as was recently discussed in a 2019 Special Section of the *SAA Archaeological Record* on “Bones and Chromosomes: The Ancient DNA Revolution in Archaeology.” As several articles in this section point out, not only are there surprising and important results reported every week worldwide, but new techniques (e.g., HTS or high-throughput sequencing; Illumina instrumentation) are being developed that enhance even more the ability of genetic studies to probe deeper into the past in ways that archaeology, bioarchaeology (skeletal), and historical linguistics cannot. But many of these studies are not without some complaints from archaeologists. Archaeologists have questioned some of the wide-sweeping interpretations by geneticists (see Dillehay, 2009; Gibbons, 1997; Johannsen, Larson, Meltzer & Vander Linden, 2017; Llamas, Harkins & Fehren-Schmitz, 2017), which often are based on small ancient DNA samples (aDNA) or on living populations distanced several millennia in time from late Pleistocene peoples. These studies also have been criticized for not incorporating more archaeological data and patterning into their interpretative models. Yet, what has puzzled me during the course of recent genetic developments is that few archaeologists (and geneticists) critically evaluate the wider socio-cultural meaning of these models in terms of human migration, demography, social organization, and timing and, above all, how their new models relate to previous ones. It is perhaps this latter point that concerns me the most because very few new genetic models reconcile their findings on early human migration, geographic vectors of mobility, and timing of events with prior published genetic models. Few of the geneticists and archaeologists writing for the 2019 Special Section provide substantive criticisms of these studies, although they allude to some limitations of techniques and results. It is granted that genetic studies cannot focus on all topics related to the deep past, but new approaches using nDNA now have the theoretically capability to relate kinship groups and individuals across sites and territories, which necessarily requires more reliance on and comparison with local and regional archaeological records (e.g., a burial group that archaeologists have identified as a kinship group, which could include affines. Or a kinship group as identified by the geneticists as a sample of individuals with shared genetic affinities.)

I specifically emphasize my concern with the publication of so many genetic models focused on early migration and the peopling of the Americas, usually without much effort by geneticists to critique the major differences and similarities between them. This is not to say that geneticists do not criticize other findings and models. It is just that I personally do not believe that enough self-criticism is being applied, and particularly in regard to wider

Figure 2: Taken from Scheib et al. (2018, p. 3). “Dispersal models that are consistent with the results of the study. Red and blue indicate ANC-A and ANC-B, respectively; symbols denote admixture event(s). Locations of admixture events are hypothetical. (A) A model with one admixture event in North America. (B) A model in which an ANC-B population first reached South America, followed by an ANC-A population with multiple admixture events. (C) The same model as (B), but reversing the populations. (D) A model with multiple admixture events and dispersals”.



Over the past two decades several seminal publications have focused on the role of genetic data and analytical methods in inferring the origins and global dispersion of humans (e.g., Bodner et al., 2012; Goebel, Waters & O’Rourke, 2008; Nielsen et al., 2017; Skoglund & Reich, 2016; Stoneking, 1996; Yang et al., 2017), as well as local-regional issues of population structure and migration. More regionally focused studies on ancient and modern DNA variation also have appeared that explore further both ecological and social determinants of patterns of genetic diversity within and among defined past populations. One of the most significant breakthroughs for the study of aDNA and nDNA was the discovery of its amplification from human bones recovered from archaeological sites, which has begun to build genetic markers for different local, regional and hemisphere-long ancient populations. As a result of these studies, genetic analysis has brought a new and different perspectives to the way we conceive the movement of early people and especially the projected populations sizes of these people; only these studies can estimate population size and variation and map demographic histories based on genetic variation.

The recognition that population differences exist for genetic markers also has led to the identification of nuclear DNA (i.e., genome-wide analysis) and to their use in the construction of a variety of haplotypes, SNPs, migration directions, and timing events of the initial movement of humans into the Americas (e.g., Moreno-Mayar et al., 2018; Lewis et al., 2007; Rasmussen et al., 2014). Recently, geneticists have used variation in mitochondrial DNA and x-chromosomes to infer that the diversity of the human gene pool in the Americas is of a fairly recent age and represents between one to four migrations (e.g., Lewis et al., 2007; Merriwether, Rothammer & Ferrell, 1995; Torroni & Wallace, 1995; Wang et al., 2007).

Of course, mtDNA only informs of the maternal line, which may explain why sometimes the nDNA points to one model, while the mtDNA points to another model. The Y chromosome DNA may be a different model or support one of them. These need to be reconciled -when possible- and also explicated more explicitly. The multi-migration model implies moderately larger populations of people eventually distributed throughout the Americas and supposes at least moderate gene flows between them. It also has been recognized that greater genetic variation in haplotypes may reflect larger, long-term population sizes, possibly weakening inferences of short-term population sizes. These models also postulate different times of entry, generally ranging from 15.000 to 25.000 years ago. Undoubtedly, as an independent and new line of inquiry, genetic studies are bringing greater resolution, analytical power and new questions to the study of the first Americans. These views of the first Americans are not completely at variance with the hemisphere-long archeological record, which also has been interpreted as representing one or more migrations and as placing the arrival of the first Americans between 15.000 to 20.000 years ago (Goebel et al., 2008). Yet, both old and new archaeological questions and doubts still arise from these models.

To provide a brief example, in the Special Section (Part I) mentioned above, Sedig (2019) summarized the results of two recently published models related on the peopling of South America, some of which concern me:

...aDNA from an ~12.600-year-old infant skeleton in Montana (Anzick-1) was found to be more similar to modern-day Central and South American populations (Rasmussen et al. 2014) than to northern American groups, which suggests that northern-southern lineage populations structure in the Americas is at least as old as Anzick-1 infant (Sedig, 2019, pp. 26-27).

Another study claims that some

present-day Amazonian groups have significant genetic similarities to Australo-Papuans and Andaman Islanders (Skoglund and Reich 2016), as well as to a [single] paleolygic Chinese individual dating back to 40.000 years ago (Yang et al. 2017), a pattern that can only be explained by a genetically diverse population contributing to the ancestors of present-day South Americans (multiple pulses of movement from Asia) (Sedig, 2019, pp. 26-27).

These are wide-sweeping results based on relatively small sample sizes (especially the Anzick-1 case) taken from ancestral and/or living groups and, moreover, have little substantive means other than genetic “clocks” to estimate the timing of these events. After reading these two studies in detail, I wondered what conclusions might be drawn from them (and others) a decade or two from now when there are more refined techniques, larger databases, more precise timing of events, and a greater understanding of the mutational changes that can occur over long periods of time and vast spaces. Despite these concerns,

the potential that aDNA analyses have for interconnecting individuals across vast times and spaces can be unlimited, which is invaluable for reconstructing past demographic and social patterns, but still more caution is required before such broad interpretations can be fully accepted.

Let me be clear that I am not critiquing the techniques employed by geneticists because this is not my line of inquiry and expertise, but I am concerned about why so many models are being offered without serious critical evaluation of their wider implications, limitations, relation to local and regional archaeological databases, and particularly reconciliation with prior models. I think that this should be a concern not only for geneticists but also for archaeologists, especially since many archaeologists are overly uncritical and enamored with new genetic models.

In my opinion, although new genetic models clearly complement each other by offering new data and new insights, they generally do not share a common model of early human colonization in the Americas. Maybe the benefit in the long run is that a variety of combinations of new models eventually will allow for more flexible solutions tailored to specific local and regional cases. At present, however, they seem to suggest fundamentally different genetic representations of past social, biological and environmental human relationships that were created by different ways of demographic interaction. Without questioning the legitimacy and accuracy of these representations, I believe that it is crucial to conceive of most of these models as fluid endeavors, whose boundaries may result from more specific historical interactions than we presently perceive.

To summarize, in my opinion, there generally has been a lack of pertinent criticism to genetic models for the epistemological and interdisciplinary study of the early peopling of the Americas. Moreover, I am not convinced that most geneticists are familiar enough with the pertinent archaeological records that address the issues their models are studying. It also seems that some models selectively focus on certain pieces of archaeological knowledge that perhaps conveniently coincide with their own ideas about mobility, timing, and colonization, sometimes unknowingly stripping such knowledge from the original context in which it had been generated. Another concern of many archaeologists is that geneticists often attempt to correlate specific biological populations (e.g., represented by haplotypes and haplogroups) with specific archaeological cultures, the most obvious correlation being the continuous association between so-called migratory “Clovis peoples” and certain haplogroups across the Americas. In my opinion, such attempts are dubious and often make little anthropological sense.

Discussed below are several concerns from the perspective of an archaeology inquiry, which I hope will be considered when geneticists design research and interpret its findings. Many of my concerns are expressed in questions rather than answers and suggestions. Also, this is an essay expressing an opinion and is not a scholarly study presenting empirical data

and all relevant citations. It generalizes without pointing out those genetic studies indulging in self-criticism and attempting to reconcile their findings with other models, which, in my opinion, are few in number. To provide a detailed discussion and critique of these and other models would require a much lengthier commentary than provided here.

Demographic Histories, Populations, and Units of Analysis

A major contribution of the molecular data for archaeology is in inferring unknown demographic histories from genetic data. It is my understanding that much of the uncertainty regarding evolutionary inferences of demographic histories and populations generally relates to the ephemeral nature of human populations and the often arbitrary nature of population definitions in both genetic and archaeological studies. Discussion in the genetics of the demographic peopling of any region relates to the assumptions that are made to infer each type of data base (i.e., genetic, archaeological, skeletal, linguistic), and how it is defined as a unit of study and as a mobile or static population unit. I think that a significant problem in both genetics and archaeology relates to the way that past populations have been defined as units of analysis. Several important questions come to mind regarding this concern. For instance, given that living local populations generally have been the unit of scrutiny for geneticists, what is a local population in the past? Is it a breeding group, a residential group, a mortuary and cemetery group, a skeletal group housed in a museum, or an archaeological site-level group? What is an identifiable breeding population and a social population in the genetic record? Is it a group whose total genetic makeup reflects as a unit the parameters of isolation, natural selection, drift, and/or intermixture? How are study populations defined, as demographic units, as research units of analysis, as genetic groups, more specifically as haplogroups and SNPs, and for what purposes as related to the archaeological past? What are the units of differences and similarities between these groups, and how do they relate to archaeological patterning? What other constructed categories of demography and archaeological units of analysis might be needed or are misleading us? How do these groups relate to archaeologically defined groups and categories based on individual sites, settlement patterns, projectile point and other artifact types, and other cultural traits? How do haplogroups and haplotypes relate to these traits, site-type groups, and other categories? From an anthropological viewpoint, where does genetic diversity come from and is its dynamic over time within all of these units, once they are defined?

The patterns of genetic differentiation in haploid genetic systems have been correlated with residency patterns in living indigenous groups, but how does this correlation translate to large-scale geographic systems in the remote past, such as regional territories and to long-distance and long-term mobility patterns and population mixtures and movements, especially in the late Pleistocene and early Holocene periods? It is my understanding that a difficulty

encountered in studying large geographic scales of patterns of genetic and cultural variation is the lack of standardization with respect to which genetic systems (and units of analysis) are employed to characterize genetic variation in individual local and regional populations. Another difficulty stems from the shifting composition of local populations produced by intergroup fissioning and fussioning and by multiple migrations and fragmentations in time and space. It is likely that some groups may reflect genetic systems and temporal stability over time, and therefore be indicative of ancestral descendant relationships (O'Rourke & Suarez, 1995), while others represent other relationships. Yet, how are these relationships identified and defined, and how can we archaeologists reconcile our data and findings with them? In short, it seems to me that both geneticists and archaeologists in order to better define and understand ancient human diversity within the demographic, temporal, and social order of the peopling of the Americas require more new questions and new interdisciplinary practices.

Furthermore, we do not well understand to what extent some aspects of genes, cultural, and language traits share local population histories. It is presumed that local cultural traits and genetic traits have similar processes of local development, diffusion and change and thus are related and can be inferred from one another (Cavalli-Sforza, Menozzi & Piazza, 1994; Raghavan et al., 2014; Skoglund et al., 2015; Weiss, 1996). However, local marriages and intermixtures over a period of generations may or may not have remained frequent between members of the same group. And even if they did, how do we measure this archaeologically, demographically, linguistically, socially, and genetically? How are these variables related on the larger regional scale, and how do we identify them archaeologically? These are just some of the questions that come to my mind when I read genetic studies and attempt to fit them to anthropological thinking and archaeological reasoning.

Comparability of Evidence

Our perception is that comparative genetic studies across time and space are hampered by the fact that in most populations studied, few genetic systems are uniformly typed. For instance, earlier comparative studies of living peoples were frequently reduced to using red cell antigen (blood group) variation as the primary data, only because blood groups were the most common early genetic markers and had been typed in more populations than more polymorphic traits, and thus, more informative markers such as those of the human leucocyte antigen (HLA). Further complicating the issue in the recent past are haplotypes reconstructed from modern DNA in living mucous and skin swabs and from aDNA in archaeological human bones, the latter of which are often used with the blood-group derived genetic markers to establish migration patterns and populations for the first Americans. The lack of comparability among the types of ancient and modern DNA material and markers and the limitations it

poses still remain a serious challenge, especially with regard to sampling problems and to the way those populations have been defined across the Americas, to the reliability of the mixed data between them, and to reconciling the findings of these data through time and space with those of archaeological records.

Yet, it is not the tissue samples that are the problem (except in epigenetic studies). I think it's whether or not the study is going after mtDNA and then presenting results on haplogroups and/or haplotypes, or focusing in on a few SNPs, or doing full genome-wide analysis. Of course, each researcher is very explicit about what they are presenting, and then researchers can only compare their data to the identical data category that others have presented. That is, if I collect haplogroup and haplotype data, I can then only compare that to other studies that also have haplogroup and haplotype data. Thus, standardization of comparative datasets is built into the analytical system.

Population Expansion/Isolation, Founder Population, and Selection

Mayr (1963) introduced the idea that rapid speciation might entail a founder effect (Moreno-Mayar et al., 2018) –the situation wherein an atypical individual or small group of individuals becomes geographically isolated from other members of its breeding population and gives rise to a new breeding population. In other words, small, geographically isolated populations should display small degrees of genetic variability and should experience inbreeding and random changes in genetic drift. Furthermore, the change of genetic environment experienced by small, isolated founder populations should change the selective value of individual genes.

A problem in identifying the demographic histories of certain groups and of ancient populations represented by local and regional archaeological records is that it is still difficult to distinguish population expansion and isolation from strong selection forces of certain variants in small founder populations. In the case of modern human origins in Africa, for instance, many researchers once believed that some of the genetic data not only reflected a late Pleistocene population expansion and, in some cases, isolation of modern humans but also patterns of variation defined by selection processes (Harpending & Relethford, 1997). Several questions come to order here. To what extent is this issue applicable to any founding populations in late Pleistocene America? To what degree are local and regional genetic sequences affected by population expansion (and possibly isolated founder populations), as opposed to selection processes, by the ways these processes work together or against each other to produce genetic sequences, and by the way that the natural environment controlled humans and by humans controlling the environment? What are the nuances in the genetic data and in the patterns produced by these data that archaeologists should know in applying genetic results to peopling models constructed from the archeological

records? Answers to these questions may be obvious to geneticists but they may not be too many archaeologists.

Turning to a related topic, there is still a noticeable limit in discussions of early human colonization in the Americas in terms of how people might have expanded or contracted their population ranges in response to the climatic, vegetation, faunal and topographic changes that affected the continent. Still less discussion is given to how colonization might have been affected by the fragmentation of populations, their long-term isolation, and the opening and closing of geographic barriers between them (see Llamas et al., 2017). The most important barrier would have been the Andes in South America. Dispersed populations across the mountains in central and south Andes are most likely to have been restricted to those brief windows of opportunity marked by interglacials.

Major and minor climatic changes across South America have been fairly well documented. People would have experienced –along with the rest of fauna and flora– repeated and major contractions and expansions of their preferred habitats. The density and distribution of human populations must also have changed considerably during a glacial and interglacial cycle. Some areas were probably abandoned for long periods of time or have multiple, sporadic and discontinuous episodes of settlement. Overall, therefore, there would have been long periods when people were perhaps constricted to a small number of core environmental areas, and long periods when they were isolated from each other. Together, these changes and patterns probably led to intermittent and at nearly highly visible to nearly invisible archaeological records in some areas. How do we reconcile these issues with regionally applicable archaeological and genetic records?

Variation and Meaning

Most geneticists appear to view genetic variation from the perspective of human evolution and systematics, geographic distribution, or population history and prehistory. But, more specifically, although geneticists are now using Bayesian statistics to address these issues, we still need to ask more specifically what is meant by genetic variation and how does it relate to population dynamics and to demographic models? Genetic differences between populations are thought to have resulted from a series of bifurcating divisions. Problems dealing with phylogenetic branching models and population structure (e.g., gene flow and drift) models, which can give the same results, could perhaps benefit more from archaeological models and from human skeletal databases from the same study area, where they exist. Much like variations in artifact styles, which are often erroneously assumed to equate with human populations and the movements of those populations (e.g., Clovis points and Clovis populations), gene sequences also often have been assumed to equal population events (c.f., Harpending et al., 1998; Stoneking, 1996).

Understandably, in order to reconcile differences between the disciplines and the way they each perceive population structure, variation and movement, archaeologists need to be more explicit and define what they mean by cultural, social and technological (i.e., archaeological) variation and how they reconcile this with genetic variation. We mutually need to understand the cultural factors affecting a population's genetic structure, how archaeological site and assemblage variability represent cultural diversity, population and genetic diversity, and how archaeological diversity is systematically ordered and documented. Also needed is a better understanding of intergroup boundaries and mixtures in the past, and how they might have affected genetic diversity?

Molecular Clocks and Migratory Routes

Although genetics is providing more convincing and exciting evidence on demographic histories, ancient population dynamics, speciation and phylogeny (see Figs. 3-4 for graphic depictions of demographic histories), in my opinion, the same is not true of time and chronology estimates for human entry and migration (Cann, Stoneking & Wilson, 1987; Dillehay, 2009; Gibbons, 1997; Llamas et al., 2017; Stoneking, 1996). To summarize briefly, genetic studies and dendritic phylogenetic trees show the sequence of evolutionary divergence in early American human populations and the very approximate times when different lineages possibly diverged from one another. Sequence variation in a gene (and haplotypes?) and their depiction in decendency-based dendrograms have been employed to reconstruct early population parameters, which have been calibrated to known archaeological events, to estimate the time of entry and divergence of populations in the Americas, if not at the hemispherical level then the subcontinental and regional levels. Genetic timing events are estimated from the supposed rates of molecular evolution of proteins and nucleic acids, especially mitochondrial DNA, which supposedly is little affected by selection processes and therefore accumulates changes in its molecular structure at a relatively constant rate, thus producing molecular clocks for roughly estimating the chronology of entry and population divergence of humans in the Americas (see Response to Commentaries).

However, there still are major problems with these clocks and estimates because rates of genetic change might not have been as uniform over time as the clock method requires. Furthermore, although genetic differences apparently do occur in a clock-like fashion that can be modeled in terms of population dynamics, this may not necessarily correspond with archaeological patterns and chronologies. Also unknown is how the processes of population expansion, isolation, selection, and others may have affected genetic variation and the timing of these events. After all, it already has been argued by several scholars that genetic variation is formed by demographic parameters (Harpending et al., 1998; Templeton, 1996). Presumably, genetic distances are indicative of the timing of genetic changes or

Without knowing the effects of genetic drift and flow, historical conditions of interbreeding and population admixtures, and geographic isolation and environmental adaption of each studied population through time and space, the study derived several conclusions. It was determined that the New World was colonized sometime before 20,000 years ago from the northwest part of the Americas, implying Siberian and northeast Asian affinities. Other geographic vectors and population admixtures were eliminated. Also postulated was a single migratory event that resulted in the entire peopling of the American hemisphere. Other scenarios also were postulated, including a Pacific coastal migration, based largely on the density and diversity ratios of gene markers represented by the twenty-four studied groups. Most Native American groups in the study were located along the western fringes of the hemisphere, which, I ask, possibly biased the genetic database and possibly skewed it toward the western side. Most dubious, however, was the lack of genetic evidence for migrations along major rivers, a finding that contradicts many regional archaeological records and makes little sense to me. The attempt to find correspondence between genetic distance and linguistic stocks suggested that dissimilarities in languages possibly influenced the creation of genetic barriers or co-existed with other variables that constrained genetic flow. In sum, I find this type of study very useful for its suggestive value in terms of geo-demographic sequencing, but not for timing events.

Sampling and Representation

Much of the genetic data for reconstructing past population dynamics have been gathered and analyzed under different sampling strategies, analytical techniques, and research questions. As Weiss and Maruyama (1976) noted several years ago, which still is applicable today, many studies given to human settlement history are not well related to the origin context of human skeletal samples and to their anthropological history and subject matter. Furthermore, unfortunately, most genetic studies lump available human skeletal (and other ancient) material into a single collective sample supposedly representing a biologic population from a broad region where several archaeological sites might have been sampled. But there often is neither spatial nor temporal uniformity in the skeletal material from archaeological sites selected for genetic analysis. What does this imply? For another, the sampling design itself often is neither adequate nor strictly definable. This is not necessarily the fault of the geneticists. They often selected what was available to them in local and regional archaeological collections. That is, they sampled by availability and by lumping. This lumping may add considerable variation to the sample and present the kinds of reconciliation and definition problems discussed earlier.

From us archaeologists, we need more clarity. For instance, whether the skeletal population belongs to a single cultural horizon, the cultural period it represents, and the degree of mixture and biologic assimilation of a local population. Valid statements as to the

biological nature of the local population must be based upon a sample that is adequate in number, is derived entirely from within a local, if not regional, population, and pertains to a single time level. In short, I recommend more systematic and standardized collection of genetic data sampled from archaeological sites and to know more about the history of the population in terms of archaeology, history, and sampling design.

Along similar lines, to study representation genetically, means to come to terms with the social and demographic context within which a genetic marker first occurred in the past and its subsequent spread across time and space. Yet, even with an ancient genetic marker, it is my understanding that we cannot necessarily deduce from that marker the population origin or nature of a set of prior demographic practices and mechanisms. I say this because several genetic studies have regularly assumed that the mtDNA and aDNA markers of early to middle Holocene human skeletons also represent late Pleistocene population parameters and dynamics, despite the fact that several millennia, usually more than 450 generations, and probably several processes separate the late Pleistocene period from the Holocene population samples. Further, Holocene samples are usually drawn from disparagingly scattered human populations, which were likely never related historically and perhaps genetically. An appropriate model of early American origins should not only question the apparent phylogenetic linkage and extended time period between late Pleistocene and early to middle Holocene samples, but also the possibility of their separation due to various processes. The argument is that genetic markers are transmitted through time. However, phylogeny should not be conflated with historical and demographic processes, that is, the continuous and transformational processes of demographic and social production over time and space, and how they have added or reduced variation in the sampled populations. The end result is that our archaeological confidence in being able to distinguish between what is real from what is inferred in the representation of the late Pleistocene human record should not be shaken by the intrusion of more early Holocene skeletons labeled as very early American genetic signatures.

Contamination

To what extent is archaeological DNA too fragmented and too contaminated to be useful for genetic sequencing and for phylogenetic analysis? aDNA preservation is highly variable in archaeological sites, making it difficult to define the kinds of conditions which lead to good preservation of aDNA in bones. Fortunately, more interdisciplinary research is showing that various techniques are capable of detecting, and sometimes characterizing, ancient molecules of biological origin in a range of materials from archaeological sites; the potential of such approaches is much better established nowadays, even if there are many practical problems to be overcome. Despite these advances, archaeologists still need to

become more aware of the potential hazards in collecting and storing different organic materials for aDNA analyses.

Final Comments

In general, many archaeologists still understand little about the relative effects of combined biological, environmental, and social evolutionary mechanisms that gave rise to the observed and inferred patterns of classical genetic markers representing the peopling of the Americas. For instance, the effects of gene flow (admixture), genetic drift, and mutation in specific populations and processes of the relationship between demographic structures and dynamics, and the generation of the pattern of genetic variation within and between defined populations. Causal inference has not been easy and in many cases may not be traceable even when modern DNA and aDNA gene markers, sequences are established.

Generally speaking, it is claimed that the outward migration of populations can be studied on the basis of gradients of genetic frequencies (Cavalli-Sforza et al., 1994). Yet, we simply need more data on and a better understanding of local, regional and continental level patterns of genetic variation through the use of synthetic gene frequency maps. Also needed is more information on bio-geography and local ecology on gene frequency variation in a large sample of populations in the Americas and on the relationship between patterns of genetic variation and the distribution of linguistic groups and archaeological cultures. Perhaps more plot gene frequencies as continuous gradients on GIS maps overlaid and layered with archaeological, linguistic, and paleoecological maps may provide new ways to perceive data and to ask new questions and make new inferences. Once disease genes are better defined and understood in terms of early human migration, disease causation, and bottlenecks, they also should be included in layered maps.

We also need for the genetic approach to be more enhanced by the anthropological and archaeological perspectives of using the diversity of social patterns and human demography to better guide genetic analysis and inference, and by the undertaking of long-term genetic studies. In short, the estimated strength of association between variable databases and interdisciplinary interpretations is a product of the assumptions made in the analysis, such as the relationship between genetic and physical evidence and between genetic patterning and archaeological patterning, and between genetic variation and bio-geographic relationships.

An important issue that I have not discussed here is the relationship between the cultural and biological heritage of living indigenous groups, especially in South America where many small (e.g., Nukak) to large (e.g., Quechua) populations exist, and the findings and inferences of genetic studies. These findings potentially can have serious political implications for groups in their struggles to gain more ethnic recognition and civic rights in their countries. This is a topic that geneticists have not yet fully broached in their studies

of the linkages between past and living peoples. It is an issue that someday may involve heated discourse on genetics relates, cultural heritage and political identity, especially in the Andean countries and in Brazil.

Lastly, the concerns and doubts expressed here are intended to reveal some misunderstandings and difficulties we archaeologists (or at least this archaeologist) have in attempting to better understand the findings and models of genetic studies. Any geneticist reading this essay likely will have immediate answers to many of my queries and concerns and perhaps view some of them derived from my particular and limited understanding of genetics. But I know from conversing with other archaeologists that they have similar concerns with genetics. Hopefully, parts of this essay will bring a better mutual understanding between the disciplines.

Referencias citadas

- Bodner, M., Perego, U. A., Huber, G., Fendt, L., Rock, A. W., Zimmermann, B.,... Parson, W. (2012). Rapid coastal spread of First Americans: Novel insights from South America's Southern Cone mitochondrial genomes. *Genome Research*, 22, 811-820. doi: 10.1101/gr.131722.111
- Cann, R. L., Stoneking, M. & Wilson, A. C. (1987). Mitochondrial DNA and human evolution. *Nature*, 325, 31-36.
- Cavalli-Sforza, L. L., Menozzi, P. & Piazza, A. (1994). *History and Geography of Human Genes*. Princeton, New Jersey: Princeton University Press.
- Dillehay, T. D. (2009). Probing Deeper into First American Studies. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 106, 971-978.
- Gibbons, A. (1997). Calibrating the mitochondrial clock. *Science*, 279, 28-29.
- Goebel, T., Waters, W. R. & O'Rourke, D. H. (2008). The late Pleistocene dispersal of modern humans in the Americas. *Science*, 319, 1497-1502.
- Harpending, H. C., Batzer, M., Gurven, M., Jorde, L., Rogers, A. & Sherry, S. (1998). Genetic traces of ancient demography. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA*, 95, 1961-1967.
- Hey, J. (1997). Mitochondrial and nuclear genes present conflicting portraits of human origins. *Molecular Biological Evolution*, 14, 166-172.
- Johannsen, N. N., Larson, G., Meltzer, D. J. & Vander Linden, M. (2017). A Composite Window into Human History. *Science*, 356, 1118-1120.
- Llamas, B., Fehren-Schmitz, L., Valverde, G., Soubrier, J., Mallick, S., Rohland, N.,... Haak, W. (2016). Ancient mitochondrial DNA provides high-resolution time scale of the peopling of the Americas. *Science Advances*, 2(4), e1501385. doi: 10.1126/sciadv.1501385

- Llamas, B., Harkins, K. M. & Fehren-Schmitz, L. (2017). Genetic studies of the peopling of the Americas: What insights do diachronic mitochondrial genome datasets provide? *Quaternary International*, 444, 26-35.
- Lewis, C. M. Jr., Lizárraga, B., Tito, R. Y., López, P. W., Iannacome, G. C., Medina, A., M.,... Stone, A. C. (2007). Mitochondrial DNA and the Peopling of South America. *Human Biology*, 22, 346-366.
- Mayr, E. (1963). *Animal Species and Evolution*. Cambridge, U.K.: Harvard University Press.
- Merriwether, D. A., Rothhammer, F. & Ferrell, R. E. (1995). Distribution of the Four Founding Lineage Haplotypes in Native Americans Suggests a Single Wave of Migration for the New World. *American Journal of Physical Anthropology*, 98, 411-430.
- Moreno-Mayar, J. V., Vinner, L., de Barros Damgaard, P., de la Fuente, C., Chan, J., Spence, J.,... Willerslev, E. (2018). Early Human Dispersals within the Americas. *Science*, 362 (6419), eaav2621. doi: 10.1126/science.aav2621
- Nielsen, R., Akey, J. M., Jakobsson, M., Pritchard, J. K., Tishkoff, S. & Willerslev, E. (2017). Tracing the peopling of the world through genomics. *Nature*, 541, 302-310.
- Novembre, J., Witonsky, D. & Di Rienzo, A. (2016). *Assessment of the genetic analyses of Rasmussen et al. 2015*. Recuperado de: <https://cdm16021.contentdm.oclc.org/digital/api/collection/p16021coll11/>
- O'Rourke, D. & Suarez, B. (1985). Patterns and correlates of genetic variation in South Amerindians. *Annual Human Biology*, 13(1), 13-31.
- Raghavan, M., Skoglund, P., Graf, K. E., Metspalu, M., Albrechtsen, A., Moltke, I.,... Willerslev, E. (2014). Upper Palaeolithic Siberian genome reveals dual ancestry of Native Americans. *Nature*, 505(7481), 87-91.
- Rasmussen, M., Anzick, S. L., Waters, M. R., Skoglund, P., DeGiorgio, M., Stafford Jr., T. W.,... Willerslev, E. (2014). The genome of a Late Pleistocene human from a Clovis burial site in western Montana. *Nature*, 506(7487), 225-229.
- Relethford, J. H. & Harpending, H.C. (1995). Ancient differences in population size can mimic a recent African origin of modern humans. *Current Anthropology*, 36, 667-674.
- Reich, D. (2019). *Who We Are and How We Got Here: Ancient DNA and the New Science of the Human Past*. New York, USA: Pantheon Books.
- Rogers, A. R. & Jorde, L. B. (1995). Genetic evidence on modern human origins. *Human Biology*, 67, 1-36.

- Sedig, J. W. (2019). Ancient DNA's Impact on Archaeology: What Has Been Learned and How to Build Strong Relationships. *The SAA Archaeological Record*, 19, 26-32.
- Shendure, J., Balasubramanian, S., Church, G. M., Gilbert, W., Rogers, J., Schloss, J. A. & Waterson, R. H. (2017). DNA Sequencing at 40: Past, Present and Future. *Nature*, 550, 345-353.
- Skoglund, P. & Reich, D. (2016). A Genomic View of the Peopling of the Americas. *Current Opinion in Genetics & Development*, 41, 27-35.
- Skoglund, P., Mallick, S., Bortolini, M. C., Chennagiri, N., Hünemeier, T., Petzl-Erler, M. L., Salzano, F. M., Patterson, N. & Reich, D. (2015). Genetic evidence for two founding populations of the America. *Nature*, 525(7567), 104-108.
- Stoneking, M. (1996). Mitochondrial DNA variation and human evolution. En M. Jackson, T. Strachan y G. Dover (Eds.), *Human Genome Evolution*, pp. 263-281. Oxford, UK: Bios Scientific.
- Templeton, A. R. (1996). Gene lineages and human evolution. *Science*, 272, 1363-1364.
- Torroni, A. & Wallace, D. (1995). mtDNA Haplogroups in Native Americans. *American Journal of Human Genetics*, 56, 1234-1236.
- Wang, S., Lewis, C. M. Jr., Jakobsson, M., Ramachandran, S., Ray, N., Bedoya, G.,... Ruiz Linares, A. (2007). Genetic Variation and Population Structure in Native Americans. *PLoS Genetics*, 3(11), e185. doi:10.1371/journal.pgen.0030185
- Weiss, K. (1996). Is there a 'paradigm' shift in genetics? Lessons from the study of human diseases. *Molecular Phylogenetics Evolution*, 5, 259-265.
- Weiss, K. M. & Maruyama, T. (1976). Archaeology, population genetics, and studies of human racial ancestry. *American Journal of Physical Anthropology*, 44, 31-50.
- Yang, M. A. & Fu, Q. (2018). Insights into Modern Human Prehistory Using Ancient Genomes. *Trends in Genetics*, 34, 184-196.
- Yang, M. A., Gao, X., Theunert, C., Tong, H., Aximu-Petri, A., Nickel, B.,... Fu, Q. (2017). 40,000-Year-Old Individual from Asia Provides Insight into Early Population Structure in Eurasia. *Current Biology*, 27(20), 3202-3208.

COMENTARIO 1

En torno al estudio de rutas migratorias prehistóricas

Francisco Rothhammer

Instituto de Alta Investigación
de la Universidad de Tarapacá.
Facultad de Medicina de la
Universidad de Chile.
Chile.

Correo electrónico:
[francisorothhammer@
gmail.com].

**Un ensayo sobre
genética, arqueología
y movilidad humana
temprana**

Tom D. Dillehay

Pienso que las inquietudes planteadas por el Profesor Tom Dillehay en su ensayo se relacionan en general con la existencia de diferencias existentes entre los enfoques metodológicos utilizados por investigadores con diferente formación profesional, abocados a estudiar un problema de interés común. Cabe mencionar que desde una perspectiva histórica, al menos tres disciplinas: la arqueología, la bioantropología y, más recientemente, la genética de poblaciones, es decir la genética de un grupo de individuos que comparten un acervo genético y habitan en una región geográfica determinada, han permitido realizar aportes al estudio de rutas migratorias utilizadas durante el poblamiento de América. Las tres áreas disciplinarias tienen orígenes y utilizan enfoques metodológicos muy diferentes. La arqueología y posteriormente la bioantropología tuvieron sus tempranos inicios como consecuencia del interés por descubrir evidencia vinculada a antiguos desarrollos culturales, mientras que el inicio de la genética de poblaciones ocurrió durante los primeros años del siglo XX, influyendo, en forma decisiva en su desarrollo, un grupo de científicos interesados en la aplicación de matemáticas a problemas biológicos, específicamente la herencia. Los trabajos iniciales de Galton, especialmente sus estudios sobre las variaciones de estatura de los ingleses, que culminaron con la publicación en 1897 de su Ley de Herencia Ancestral, y posteriormente los de Weldon y Pearson, no solamente establecieron las bases de la genética de poblaciones sino también de la estadística. El teorema central de la genética de poblaciones fue enunciado independientemente en 1908 por el médico Weinberg y el matemático Hardy. En 1924 el matemático Bernstein estudió la distribución geográfica de las frecuencias de grupos sanguíneos, que previamente en 1900 habían sido identificados por el médico Karl Landsteiner. Posteriormente, las frecuencias de grupos sanguíneos comenzaron a servir de base para establecer diferencias genéticas **cuantitativas** entre poblaciones humanas actuales, lo que recurriendo a la estadística previamente desarrollada por los biometristas ingleses, permitió establecer relaciones de parentesco entre éstas. Ahora bien, si las diferencias metodológicas existentes entre la arqueología y la genética de poblaciones en un comienzo ya eran importantes,

estas han aumentado durante los últimos años como resultado del vertiginoso avance de la genética. Un significativo ejemplo de estos avances son los aportes realizados por el Proyecto Internacional del Genoma Humano, sobre todo a partir de Abril de 2003. De hecho, en muy poco tiempo se desarrollaron nuevas áreas de sub-especialización relacionadas con diferentes disciplinas tales como las matemáticas, la estadística, la bioquímica, la genética molecular y la demografía, entre otras.

El estudio de rutas migratorias americanas aplicando conocimientos de genética de poblaciones tuvo sus inicios recién a partir de los años 60 con base en frecuencias génicas de grupos sanguíneos y luego de enzimas eritrocitarias. Luego comenzó el desarrollo de estudios comparativos interpoblacionales de ADN mitocondrial y de polimorfismos de secuencia única, SNPs. Posteriormente, en los años 80, los análisis de ADN antiguo permitieron el establecimiento de relaciones de parentesco genético entre poblaciones prehistóricas. Actualmente, para entender y posteriormente aplicar conocimientos de genética al estudio de antiguas migraciones humanas se requieren, fuera del obvio manejo de información arqueológica y antropológica, conocimientos básicos de estadística y biología molecular y desde luego de genética de poblaciones, incluyendo la forma cómo interactúan los factores microevolutivos. Posiblemente la variedad y dificultad conceptual de estos requerimientos, explican errores en que incurrir genéticos por la falta de conocimientos arqueológicos y antropológicos o bien arqueólogos y antropólogos por el desconocimiento de nuevos enfoques metodológicos resultantes del explosivo avance de la genética. Desde luego habría que agregar otros factores tales como el desagrado que genera la necesidad de interrumpir las indagaciones científicas presionado por los requerimientos institucionales de publicación o simplemente la aversión de tener que entender conceptos que caen fuera del área personal de interés. Quizás, a pesar de no ser una alternativa sencilla de llevar a término, la realización de trabajos científicos transdisciplinarios liderados por expertos en las diferentes áreas del conocimiento involucradas en la reconstrucción de antiguas vías de poblamiento podría ser una solución.

COMENTARIO 2

Comentarios a los problemas señalados por Tom Dillehay

Luis Alberto Borrero

CONICET-IMHICIHU y Universidad de Buenos Aires

Correo electrónico:
[laborrero2003@yahoo.com].

**Un ensayo sobre
genética, arqueología
y movilidad humana
temprana**

Tom D. Dillehay

Tom Dillehay ha resumido las dificultades relacionadas con la integración de estudios genéticos en arqueología, particularmente en relación con el poblamiento de América. Mi acuerdo es total pues ha destacado un problema que enfrentamos constantemente quienes investigamos este tema. En este comentario tan solo agregaré algunas preocupaciones propias.

Más allá de si los estudios de genoma apoyan posiciones de continuidad o discontinuidad poblacional (de la Fuente et al., 2018; Llamas et al., 2016; Reich, 2019), hay algunos desarrollos en algunos estudios que considero problemáticos. Recientes estudios del genoma de individuos patagónicos fechados ca. 1000 AP mostraron continuidad genética con recientes individuos *kawésqar* y *yahgán* (de la Fuente et al., 2018), dato que se une a que comparten modo de vida y sustento en dietas marítimas. Por esos motivos los denominan *kawésqar* y *yahgán*, asignaciones que en mi opinión solo encubren variación. Otorgar un mismo rótulo cultural a representantes de poblaciones que vivieron en dos mundos completamente diferentes es para mí un problema, pues homogenizan lo que posiblemente es distinto. Una razón para ser precavidos es que la velocidad del cambio cultural –tema central del estudio de los arqueólogos– es mucho mayor que la genética (Boyd, 2018; Perreault, 2012). Este problema, que considero metodológico, marca bien el estado de desacople entre arqueología y genética. Por supuesto, aquí están implicadas cuestiones de definiciones genéticas versus culturales, las que también tienen un ángulo legal.

Tom Dillehay desarrolla bien su lista de usos que le molestan en arqueogenética, a la que agregó que me parece inaceptable que se sostenga que los estudios del genoma han sobrepasado al andamiaje de la arqueología, como lo ha hecho David Reich (2019). Esto no es cierto, a menos que uno disponga de una definición extremadamente acotada de lo que es arqueología, la que no se restringe a la dinámica poblacional, ni siquiera a la definición de poblaciones en el pasado. La información poblacional es muy útil y bienvenida, pero de ninguna manera cubrirá los objetivos de la arqueología. Se busca mucho más que lo que nos ofrece el genoma. Pareciera que muchas veces se ha

confundido la precisión genética con los supuestos objetivos de la arqueología. La historia de la ciencia indica que la aparición de nuevas técnicas, objetivos o escalas, no constituye razón suficiente para ignorar la práctica previa. Por otra parte no debe olvidarse que, en un nivel técnico, la arqueología ha servido para seleccionar tasas de sustitución mitocondrial, las que son cruciales para la aún no resuelta discusión temporal (Mulligan & Kitchen, 2013). Me atrevo a decir que por fascinante que sea la información que contiene el genoma, seguiremos interesados en conocer cuestiones acerca de violencia interpersonal, densitometría o contextos de asociación, estudios que informan directamente a temas centrales arqueológicos. En particular estos últimos han sido también reconocidos desde el lado arqueogenético (Fehren-Schmitz, Llamas, Tomatso & Haak, 2011: 35). Incidentalmente, sin algunos de estos estudios, particularmente los formacionales, la arqueogenética se queda vacía.

Por estas razones, sumadas a las muchas que ha desarrollado Dillehay, es que deseo enfatizar la creciente necesidad de que los especialistas en genética consulten a los arqueólogos. Más aún, en muchos casos falta encontrar una buena coordinación entre los resultados genéticos y los morfológicos de homínidos. Lo dicho acerca de la arqueogenética es una nueva expresión de un viejo problema, que ha ocurrido con los antiguos trabajos de antropólogos físicos o biológicos en distintos momentos. Concretamente, la falta de integración del estudio de los restos humanos en el marco de la información arqueológica. Muchas veces se los integraba ubicándolos dentro de algunos de los esquemas clasificatorios vigentes, fueran "industrias", estadios u otras unidades semejantes. Esto era poco productivo, pues se trataba de esquemas esencialistas, incapaces de ser coordinados con datos derivados del pensamiento poblacional vigente entre antropólogos físicos y biológicos desde fines del siglo XX (Guichón, 1995; Mayr, 1988).

Espero que, reconocidos estos problemas y con una respuesta a las muchas preguntas que ha realizado Dillehay, pueda lograrse que toda la sofisticación tecnológica alcanzada

en los estudios genéticos se pueda integrar efectivamente con el resto de la arqueología.

Referencias citadas:

- Boyd, R. (2018). *A Different Kind of Animal. How Culture Transformed Our Species*. Princeton and Oxford, UK: Princeton University Press.
- de la Fuente, C., Ávila-Arcos, M. C., Galimany, J., Carpenter, M. L., Homburger, J. R., Blanco, A.,... Moraga, M. (2018). Genomic insights into the origin and diversification of late maritime hunter-gatherers from the Chilean Patagonia. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 115(17), E4006-E4012. doi: 10.1073/pnas.1715688115.
- Fehren-Schmitz, L., Llamas, B., Tomatso, E. & Haak, W. (2011). EIADN antiguo y la historia del poblamiento temprano de la parte Oeste de Sudamérica: lo que hemos aprendido y hacia dónde vamos. *Boletín de Arqueología PUCP*, 15, 17-41.
- Guichón, R. A. (1995). Vías de análisis, problemas y discusiones en Antropología Biológica de Tierra del Fuego. *Relaciones de la Sociedad Argentina de Antropología*, XX, 239-256.
- Llamas, B., Fehren-Schmitz, L., Valverde, G., Soubrier, J., Mallick, S., Rohland, N.,... Haak, W. (2016). Ancient mitochondrial DNA provides high-resolution time scale of the peopling of the Americas. *Science Advances* 2016, 2(4), e1501385. doi: 10.1126/sciadv.1501385.
- Mayr, E. (1988). *Toward a New Philosophy of Biology*. Cambridge, UK: Harvard University Press.
- Mulligan, C. J. & Kitchen, A. (2013). Three-Stage Colonization Model for the Peopling of the Americas. En K. Graf, C. V. Ketron y M. R. Waters (Eds.), *Paleoamerican Odyssey* (pp. 171-181). Texas, USA: Texas A&M University Press, College Station.
- Perreault, C. (2012). The Pace of Cultural Evolution. *PLoS ONE*, 7(9), e45150. doi: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0045150>.
- Reich, D. (2019). *Who We Are and How We Got Here: Ancient DNA and the New Science of the Human Past*. New York, USA: Vintage Books.

RÉPLICA

Respuesta a Rothhammer y Borrero, y Comentario Final

Deseo expresar mis agradecimientos a Francisco Rothhammer y Luis Borrero por sus comentarios. Estoy de acuerdo con todo lo que plantean. Con relación a Rothhammer, aprecio la perspectiva histórica que él ha presentado, especialmente con respecto a señalar la juventud de los estudios genéticos y los diferentes enfoques interdisciplinarios que tienen la arqueología y la genética hacia el estudio de la migración humana temprana. También concuerdo con los comentarios de Borrero acerca de los pros y las contras de los estudios genéticos, la necesidad de que los genetistas consulten más con los arqueólogos, y con el hecho de que Reich está equivocado al creer que la genética está reemplazando a la arqueología en el estudio de la migración temprana. Las dos disciplinas, y otras más (lingüística histórica, al menos en América, biogeografía, bioantropología esquelética), deben trabajar en conjunto como equipos interdisciplinarios.

Para concluir, tengo un comentario final que se relaciona con el tópico del ensayo y no con los comentarios. Un problema bastante común con los estudios genéticos (y arqueológicos) de los Primeros Americanos es la “selección al antojo”¹ de datos para apoyar una interpretación en particular y desechar nuevos descubrimientos e ideas haciendo acusaciones y afirmaciones sin el fundamento de las evidencias empíricas. La “selección al antojo” es

supresión de pruebas, falacia de evidencia incompleta, un argumento por observación selectiva...que intenta persuadir a la audiencia para que acepte una cierta posición...La designación en inglés de esta falacia hace alusión al acto de elegir cerezas de un árbol, en donde sólo se eligen los frutos buenos y se dejan los indeseables allí (Urban Dictionary).

Las afirmaciones no fundamentadas carecen de evidencia específica e involucran falacias y autocomplacencia, lo que puede inducir a otros a falsas conclusiones...sosteniendo una afirmación como si fuera verdad pero sin pruebas empíricas (Urban Dictionary).

En un artículo reciente, la prestigiosa revista *Nature* no permitió que este problema pasara desapercibido. En particular referencia a los defensores de Clovis, que usualmente realizan selecciones antojadizas y afirmaciones no fundamentadas para desestimar a sitios pre-Clovis, los Editores de *Nature* declararon que este tipo de prácticas son “malas para la ciencia” (“Editorial”, 2012): a pesar de que las duras críticas por parte de los defensores

¹ N.del T. La expresión en el original es *cherry-picking* y hace relación a una selección “a la medida”. Se lo conoce más específicamente como “Falacia de Evidencia Incompleta”.

de Clovis-Primero pueden ser constructivas y fomentar un enfoque científico más riguroso, muchos de los argumentos y oposiciones hacia los sitios pre-Clovis están usualmente basados en sentimientos temperamentales, relatos anecdóticos, poca o nula evidencia empírica, y selecciones antojadizas que buscan favorecer el modelo Clovis-Primero (ver Dillehay, 2013). No son las críticas sino la falta de apoyo empírico a éstas lo que *Nature* ve como malo para la ciencia, en gran parte debido a que esta es una mala manera de hacer ciencia y deja un efecto prolongado en la disciplina.

Los genetistas usualmente seleccionan datos arqueológicos a su antojo para apoyar sus argumentos, particularmente las cronologías tomadas de ciertos sitios datados con radiocarbono para calcular el “reloj genético” de la entrada humana y su dispersión a través de América. Dentro de este proceso selectivo, por ejemplo, me desconcierta por qué algunos sitios, especialmente Monte Verde, casi siempre son elegidos por los genetistas como las principales localidades y fechas para modelar una rápida migración humana hacia Sudamérica, cuando hay otros lugares y fechados que encajan bastante bien con sus modelos temporales y de dispersión (por ejemplo Monte Alegre en Brasil, Santa Julia y Cueva Fell en Chile, o Quebrada Jacahuay y Quebrada Tacahuay en Perú). Dada la situación actual de los estudios moleculares y sus problemas con el cálculo de las tasas de mutación y los relojes migratorios es entendible, aunque bastante confuso, el por qué las fechas genéticamente estimadas de entrada y dispersión varían tan ampliamente y por qué ciertos sitios arqueológicos son deliberadamente seleccionados para apoyarlas. Por otra parte, es difícil acusar a los genetistas del rechazo no fundamentado de nuevos hallazgos genéticos dado que, como hemos señalado en el ensayo, ellos generalmente no reconcilian sus modelos con los anteriores, minimizando así la crítica y el rechazo.

Los arqueólogos pueden ser igualmente culpables, sino más, de realizar selecciones antojadizas y desestimaciones no fundamentadas. Por ejemplo, en un artículo escrito por Waters y Stafford (2007) donde redefinían la antigüedad de sitios Clovis y no-Clovis en el hemisferio occidental, ellos seleccionaron ciertos sitios arqueológicos para sustentar sus argumentos en relación a la dispersión de la cultura Clovis y su superposición con sitios no-Clovis también seleccionados en Sudamérica, específicamente en la Patagonia sur y en Tierra del Fuego. Su postura podría haber sido reforzada (o incluso cuestionada) de manera más significativa si no hubieran ignorado otros sitios Clovis y no-Clovis importantes (por ejemplo Gault, Meadowcroft y Page-Ladsen en Norteamérica, y varios sitios con evidencias de Cola de Pescado en Uruguay y el norte de Perú). Hay otras instancias similares de selección antojadiza para apoyar modelos específicos (por ejemplo, Braje, Dillehay, Erlandson, Klein & Rick, 2018; Moreno-Mayer et al., 2018; Potter et al., 2018), especialmente en relación a los modelos poblaciones simulados por computadora (por ejemplo, Steele, Adams & Sluckin, 1998; Surovell, 2003).

Para ofrecer otro ejemplo, en un estudio reciente, Politis y Prates (2018) no sólo hacen una selección deliberada de datos para cuestionar, sino completamente desechar, varios sitios tempranos en el Cono Sur, sino que también fallan en presentar pruebas empíricas que confirmen sus afirmaciones. En lugar de presentar datos duros que apoyen sus acusaciones, ellos se basaron en opiniones (lo cual es aceptable siempre y cuando sean constructivas), relatos anecdóticos (por ejemplo, esqueletos animales articulados quemados y hallados en incendios forestales modernos), y problemas imaginarios con los contextos crono-estratigráficos. Algunos sitios y datos específicos discutidos por Politis y Prates justificadamente ameritan cuestionamientos más serios, tal como el caso de los niveles más profundos en Monte Verde I (MV-I), Chinchihuapi I-II (CH I-II), Arroyo del Vizcaíno, y varios sitios muy tempranos en el oriente de Brasil. Este no es el lugar para cuestionar algunas de sus afirmaciones, lo cual haremos en otra oportunidad (Dillehay, Pino, Ocampo & Collins, s.f.). Pero, debido a que conozco en profundidad el complejo de Monte Verde, aquí lo discutiré brevemente como un ejemplo para revelar algunas de las inconsistencias de Politis y Prates, sumadas a selecciones antojadizas y falta de datos duros para apoyar su posición.

En los casos de MV-I y CH I-II, ellos refutan todos los nuevos hallazgos arqueológicos (Dillehay et al., 2015) sobre las bases de varias opiniones no fundamentadas. Por ejemplo, al hacer referencia a líticos y rasgos quemados dispersos y efímeros inferidos como lugares de actividades limitadas, ellos sostienen:

Una limitación de la evidencia presentada es la escasez de materiales arqueológicos hallados en los sitios. Esta restricción cuantitativa se ve magnificada por la gran extensión de superficie excavada y el amplio rango temporal en que fueron datados los materiales (Politis y Prates, 2018, p. 88).

Parece que Politis y Prates esperan que todos los sitios tempranos estén compuestos por depósitos culturales lateralmente extensos y estratigráficamente continuos, lo que tiene poco o ningún sentido a nivel arqueológico y antropológico. Esta es una posición particularmente curiosa por parte de Politis, quien estudió a los recolectores Nukak en Colombia y donde seguramente observó sitios de actividades específicas pequeños y efímeros, dispersos en el paisaje y usualmente repetidos sobre las mismas áreas. Por otra parte, los pequeños sitios de actividades son parte de lo que Lewis Binford (y otros: por ejemplo, Borrero, Anderson, Bettinger) ha incluido dentro de los patrones de asentamiento residenciales y logísticos de recolectores nómades tanto en el pasado como en el presente, incluyendo las pequeñas y aisladas áreas de actividades de fogón registradas por Binford entre los Nunamiut del Ártico. ¿Realmente piensan Politis y Prates que estos sitios efímeros y pequeños no existieron en el pasado profundo? Si fuera así, ¿cómo explicamos la

presencia de pequeños rasgos y dispersiones artefactuales en el registro arqueológico, que ciertamente son difíciles de hallar y explicar, pero cuando están presentes constituyen una parte viable del pasado humano?

Politis y Prates también critican los datos de otros sitios, tales como MV-II. Por ejemplo, ellos desestiman todas las fechas radiocarbónicas sobre carbones in situ, sobre maderas de artefactos, y sobre fogones del sitio sin ningún sustento empírico. Los análisis sobre madera fueron hechos sobre artefactos de madera y carbones intactos de los fogones provenientes de especies de árboles de vida corta a moderada (~60-300 años), las cuales fueron identificadas por científicos forestales (por ejemplo, Eduardo Díaz Vaz). Incluso si algunas dataciones sobre maderas pueden tener un error de varias décadas, este es relativamente insignificante para un sitio con dataciones de más de ~14000 cal AP. (Este tampoco es un caso donde se aprecie un efecto “*Old Wood*”; las maderas viejas en los humedales, como Monte Verde, se pudren rápidamente y quedan inutilizables. ¿Y por qué usar materiales viejos, cuando la madera fresca es abundante?). La discusión de estos problemas ya fue publicada (cf., Dillehay, 1997; Dillehay et al., 2015), pero ha sido ignorada por Politis y Prates. Al rechazar los fechados realizados en madera/carbones, estos autores sólo aceptan ciertas dataciones sobre huesos, material que generalmente provee fechas más nuevas que otros restos orgánicos –un problema ignorado por estos autores. También aceptan los fechados sobre algas marinas en MV-II, de ~14200 cal AP. Al desechar la mayoría de los resultados obtenidos en el sitio y escogiendo otros a su medida, Politis y Prates datan en ~14200 cal AP al sitio de MV-II. A su vez, curiosamente, estos autores emplean prácticamente todos los fechados de MV-II (incluyendo las dataciones previamente desestimadas sobre madera/carbón) para sostener que el sitio fue ocupado muchas veces durante un periodo de 500 años (~14500-14000 cal AP?) debido a la dispersión cronológica de los fechados sobre diferentes materiales por parte de distintos laboratorios de radiocarbono. Esto es incorrecto. Las áreas de actividad y rasgos presentes en MV-II no se superponen y tampoco hay múltiples lentes habitacionales que sugieran múltiples ocupaciones. De hecho, existe una única y delgada superficie de uso (~1-3 cm), claramente definida en estratigrafía e indicativa de un único episodio habitacional, pero nuevamente Politis y Prates ignoran estos datos de manera conveniente. Politis y Prates critican y rechazan otros sitios tempranos en el Cono Sur, pero uno de los sitios que no está sujeto a las mismas críticas es Arroyo Seco 2, el cual también presenta una amplia gama de fechados radiocarbónicos obtenidos sobre diferentes materiales, realizados en distintos laboratorios, y que presenta problemas contextuales y estratigráficos no mencionados por los autores (Dillehay et al., s.f.). Finalmente, en otro ejemplo de sesgo, estos autores rechazan la presencia de cantos rodados marinos planos y en forma de hoja correspondientes a una materia prima exótica en MV-I y CH-I, pero

aceptan sin ninguna crítica la presencia de guijarros de la costa marina en el sitio de Arroyo Seco II, que se encuentra bastante tierra adentro.

Como señalé anteriormente, es beneficioso para la disciplina el señalar inconsistencias y generar críticas constructivas sobre los nuevos descubrimientos, pero esto debe realizarse de manera juiciosa, balanceada y empíricamente justificable. En oposición, como insinúan los Editores de *Nature*, las afirmaciones no fundamentadas y las elecciones antojadizas son malas para la ciencia y debilitan la confianza en las posiciones presentadas por los críticos. En mi opinión, los ejemplos genéticos y arqueológicos mencionados con anterioridad (así como otros), proveen críticas y cuestionamientos legítimos a varios de los sitios más tempranos, pero no lo han hecho de forma cautelosa y constructiva (es decir, empíricamente). (Yo también he criticado a varios sitios tempranos, pero he intentado visitarlos personalmente y/o revisar los conjuntos artefactuales excavados antes de realizar acusaciones; ver Meltzer, Adovasio & Dillehay, 1994). Es obvio que no todas las publicaciones pueden presentar la totalidad de datos y argumentos para criticar los nuevos descubrimientos e ideas. Sería injusto esperar que todos los datos provenientes de un sitio cuestionado sean revisados con alto grado de detalle antes de generar una crítica. Sin embargo, como dice el refrán, las afirmaciones extraordinarias deben presentar datos de respaldo extraordinarios, sean estas afirmaciones nuevos descubrimientos o duras críticas a éstos. Demasiado a menudo, las afirmaciones extraordinarias en relación a los sitios tempranos se hacen, desafortunadamente, sobre las bases de pocos o nulos datos convincentes y, por otra parte, las duras críticas y desestimaciones dependen muy habitualmente de selecciones antojadizas y afirmaciones no fundamentadas que le dan a los lectores la impresión de que son representativas de la verdad, cuando a menudo pueden no serlo.

VERSIÓN ORIGINAL EN INGLÉS

Response to Rothhammer and Borrero and Final Comment

I wish to thank both Francisco Rothhammer and Luis Borrero for their comments. I agree with everything both say. In regard to Rothhammer, I appreciate the historical perspective he has provided, especially with respect to noting the youth of genetic studies and the different interdisciplinary *foci* archaeology and genetics have toward the study of early human migration. I also concur with Borrero's comments about the pros and cons of genetic studies, the need for geneticists to consult more with archeologists, and that Reich is misleading in believing that genetics is replacing archaeology if the study of early migration. The two disciplines and others (historical linguistics, at least in the Americas, biogeography, skeletal bioanthropology) must work together as interdisciplinary teams.

To conclude, I have a final comment that relates to the essay topic and not to the commentaries. A common problem with genetic (and archaeology) studies on the First Americans is "cherry-picking" data to advocate a particular interpretation and dismissing new discoveries and new ideas by making unsubstantiated claims and accusations without supporting empirical evidence. "Cherry-picking" is:

suppressed evidence, fallacy of incomplete evidence, argument by selective observation...in order to persuade the audience to accept a certain position...The name of this fallacy is an allusion to the act of picking cherries off a tree, in which you only take the good fruits while leaving the undesirable ones behind (Urban Dictionary).

Unsubstantiated claims lack specific evidence and involve fallacies and self-righteousness, which can mislead others into false conclusions...asserting a claim as if true but without empirical proof (Urban Dictionary).

In a recent article, the prestigious journal *Nature* did not allow this problem to go unnoticed. In particular reference to Clovis proponents who often engage in cheery-picking and unsubstantiated claims to dismiss pre-Clovis sites, the Editors of *Nature* stated that this kind of scholarship was "bad for science" ("Editorial", 2012): although harsh criticisms by Clovis-First proponents can be constructive and encourage a more rigorous scientific approach, many arguments and oppositions against pre-Clovis sites are often based on temperamental feelings, anecdotal tales, little to no empirical evidence, and cherry-picking in order to favor the Clovis-First model (see Dillehay, 2013). It is not the criticism but the lack of empirical support for the criticism that *Nature* sees as bad for science, in large part because this is bad science and it leaves a long-term lingering effect in the discipline.

Geneticists often cherry-pick archaeological data to support their arguments, particularly chronologies drawn from certain radiocarbon dated sites to calculate the "genetic clock"

of human entry into and dispersion across the Americas. Within this selective process, for example, it puzzles me why some sites, especially Monte Verde, almost always are chosen by geneticists as the primary target localities and dates to model rapid human migration to South America, when there are other places and dates that nicely fit within their dispersal and timing models (e.g., Monte Alegre in Brazil, Santa Julia and Fell's Cave in Chile, Quebrada Jacahuay and Quabrada Tacahuay in Peru). Given the current status of ancient molecular studies and their problems with calculating mutation rates and migration clocks, it is understandable yet often confusing why genetically estimated ages of entry and dispersion vary so widely and why certain archaeological sites are cherry-picked to support them. On the other hand, it is difficult to accuse geneticists of unsubstantiated dismissal of new genetic findings, because, as noted in the essay, they generally do not reconcile their models with prior ones, thus minimizing criticism and dismissal.

Archaeologists can be equally, if not more, guilty of cherry-picking and unsubstantiated dismissals. For instance, in an article by Waters and Stafford (2007) redefining the age of Clovis and non-Clovis sites in the western hemisphere, they selected certain archaeological sites to support their argument for the spread of Clovis age culture and its overlap with selected non-Clovis sites in South America, specifically in southern Patagonia and Tierra del Fuego. Their position could have been enhanced more significantly (and perhaps challenged) had they not ignored other important Clovis and non-Clovis sites (e.g., Gault, Meadowcroft, Page-Ladsen in North America and various Fishtail sites in Uruguay and northern Peru). There are similar instances of cherry-picking to support specific models (e.g., Braje, Dillehay, Erlandson, Klein & Rick, 2018; Moreno-Mayer et al., 2018; Potter et al., 2018), especially in regard to computer-stimulated peopling models (e.g., Steele, Adams & Sluckin, 1998; Surovell, 2003).

To provide another example, in a recent study, Politis and Prates (2018) not only cherry-picked data to question, if not completely dismiss, several early sites in the southern cone, but often failed to provide empirical proof to substantiate their claims. Rather than present hard data to support their accusations, they relied on opinions (which is acceptable if constructive), anecdotal tales (e.g., burned articulated animal skeletons in modern-day forest fires) and imaginary problems with chrono-stratigraphic contexts. Some sites and specific site data discussed by Politis and Prates justifiably warrant serious questioning, such as the deepest levels at Monte Verde I (MV-I), Chinchihuapi I-II, (CH I-II), Arroyo del Vizcaíno, and several early sites in eastern Brazil. This is not the place to question some of their claims, which will be done elsewhere (Dillehay, Pino, Ocampo & Collins, n.d.). Yet, because I best know the Monte Verde site complex, I briefly discuss it here as an example to reveal some of Politis and Prates' inconsistencies, cherry-picking, and lack of hard data to support their position.

At MV-I and CH-I-II, they refute all new archaeological findings (Dillehay et al., 2015) on the bases of several unsubstantiated opinions. For instance, in referring to small, scattered, ephemeral lithic and burned features inferred as limited task sites, they state:

One limitation of the presented evidence is the scarcity of archaeological materials found in the sites. This quantitative constraint is magnified by the large extent of the excavated surface and the wide temporal range in which the materials were dated (Politis and Prates, 2018, p. 88).

It seems that Politis and Prates expect all early sites to be comprised of laterally extensive and stratigraphically continuous cultural deposits, which makes little to no archaeological and anthropological sense. This is a particularly curious position by Politis who studied Nukak foragers in Colombia where he surely observed small, ephemeral, specific task sites scattered across the landscape and often repeated in the same area. Moreover, small tasks sites are what the late Lewis Binford (and others: e.g., Borrero, Anderson, Bettinger) have included as part of the residential and logistical settlement patterns of past and present mobile foragers, including Binford's small, isolated hearth-activity areas of the Nunamiut people in the Arctic. Do Politis and Prates really believe that such small, ephemeral sites do not exist in the deep past? If so, how do we explain the presence of small features and artifact scatters in the archaeological record, which admittedly are difficult to find and explain, but when present still constitute a viable part of the human past?

Politis and Prates also criticize data from other sites, such as MV-II. For instance, they dismiss all radiocarbon dates on in situ charcoal and wood from artifacts and hearths at the site without empirical substantiation. The assays on wood were taken from wood artifacts and intact hearth charcoal on short- to moderate-lived tree species (~60-300 years), which were identified by forestry scientists (e.g., Eduardo Diaz Vaz). Even if some wood dates are biased by several decades, this is fairly insignificant for a site dating older than ~14000 cal BP. (Nor is this a case of using "old wood"; old wood in wetlands like Monte Verde rots quickly and is useless. And why use old material, when fresh wood is abundant). Discussion of these issues are published (c.f., Dillehay, 1997; Dillehay et al., 2015) but ignored by Politis and Prates. In rejecting wood/charcoal dates, these authors accept only certain bone dates, which generally date younger than other organic remains –an issue ignored by these authors. They also accept the dates on seaweed from MV-II at ~14200 cal BP. By dismissing most assays from the site and cherry-picking others, Politis and Prates thus date MV-II at ~14200 cal BP. Curiously, in turn, these authors employ almost all dates from MV-II (including the previously dismissed wood/charcoal dates) to claim that the site was occupied several times over a period of 500 years (~14500-14000 or 13800 cal BP?) due to the chronological spread of dates on different materials by different radiocarbon laboratories. This is wrong. The activity areas and features at MV-II do not overlap nor are

there multiple habitation lenses suggestive of multiple occupations. In fact, there is one thin, single use surface (~1-3 cm) clearly defined stratigraphically and indicative of a single habitation episode, but Politis and Prates again conveniently ignore these data. Politis and Prates criticize and reject other early sites in the southern cone, but one site not subjected to equal criticism is Arroyo Seco 2, which also has a wide range of radiocarbon dates on different materials from different laboratories and has contextual and stratigraphic problems unmentioned by the authors (Dillehay et al., n.d.). Lastly, as another example of bias, these authors reject the presence of imported flat, abraded sea pebbles of exotic raw material at MV-I and CH-I, but uncritically accept the presence of ocean beach cobbles at the far inland site of Arroyo Seco II.

As noted earlier, it is healthy for the discipline to point out inconsistencies and to constructively criticize new discoveries, but it must be done in a judicious, balanced and an empirically justifiable manner. If not, then, as the Editors of Nature imply, unsubstantiated claims and cherry-picking are bad for science and erode confidence in the positions presented by critics. In my opinion, the genetic and archaeological examples mentioned above (and others) provide some legitimate criticism and questioning of several early sites, but this has not been done cautiously and constructively (meaning empirically). (I also have criticized some early sites, but have attempted either to personally visit the sites and/or review the excavated artifact assemblages before making accusations; see Meltzer, Adovasio & Dillehay, 1994). It is obvious that not all publications can present all data and all arguments to critique new discoveries and new ideas. It would be unfair to expect all data from a questioned site to be reviewed in great detail to support a criticism. However, as the saying goes, extraordinary claims must present extraordinary supporting data, whether those claims are new discoveries or harsh criticisms of them. Far too often, extraordinary claims of early sites unfortunately are made on the basis of little to no convincing data, and, on the other hand, harsh criticisms and dismissals too often depend upon cherry-picking and unsubstantiated claims to give readers the impression that they are representative of the truth, when often they may not be.

Referencias citadas

- Braje, T. J., Dillehay T. D., Erlandson, J. M., Klein, R. G. & Rick, T. C. (2017). Finding the First Americans. *Science*, 358, 592-594.
- Dillehay, T. D. (Ed.). (1997). *Monte Verde: A Late Pleistocene Site in Chile. The Archaeological Context*, Volume II. Washington, D.C.: Smithsonian Press.
- Dillehay, T. D. (2013). Entangled Knowledge: Old Trends and New Thoughts in First South American Studies. En K. Graf, C. Ketron and M. Waters (Eds.), *Paleoamerican Odyssey* (pp. 377-396). Texas, USA: Texas A and M University Press, College Station.

- Dillehay, T. D., Pino, M., Ocampo, C. & Collins, M. (s. f.). *Cherry-picking and Unsubstantiated Claims in First American Studies*. Manuscrito inédito.
- Dillehay, T. D., Ocampo, C., Saavedra, J., Oliveira Sawakuchi, A., Vega, R. M., Pino, M., ...Dix, G. (2015). New Archaeological Evidence for an Early Human Presence at Monte Verde, Chile. *PLOS ONE*, 10(12): e0145471. doi:10.1371/journal.pone.0141923.
- Editorial: Young Americans [Editorial]. (2012). *Nature*, 485(6). doi:10.1038/485006b.
- Meltzer, D., Adovasio, J. & Dillehay, T. D. (1994). On a Pleistocene Occupation at Pedra Furada, Brazil. *Antiquity*, 68, 695714.
- Moreno-Mayar, J., Potter, B. A., Vinner, L., Steinrücken, M., Rasmussen, S., Terhorst, J., ...Willerslev, E. (2018). Terminal Pleistocene Alaskan genome reveals first founding population of Native Americans. *Nature*, 553(7687), 203-207, doi: 10.1038/nature25173.
- Politis, G. & Prates, L. (2018). Clocking the arrival of Homo sapiens in the Southern Cone of South America. En K. Harvati, G. Jäger y H. Reyes-Centeno (Eds.), *New Perspectives on the Peopling of the Americas*. Tübingen, Alemania: Kerns Verlag.
- Potter, B. A., Baichtal, J. F., Beaudoin, A. B., Fehren-Schmitz, L., Vance Haynes, C. Holliday, V. T. (2018). Current Evidence Allows Multiple Models for the Peopling of the Americas. *Science Advances*, 4(8), eaat5473. doi: 10.1126/sciadv.aat5473
- Steele, J. T., Adams, J., Sluckin, T. (1998). Modelling paleoindian dispersals. *World Archaeology*, 30(2), 286-305. doi: 10.1080/00438243.1998.9980411
- Surovell, T. (2003). Simulating coastal migration in New World colonization. *Current Anthropology*, 44(4), 580-591.
- Urban Dictionary. (2019). Recuperado de www.ubandictionary.com
- Waters, M. R. & Stafford Jr., T. W. (2007). Redefining the Age of Clovis: Implications for the Peopling of the Americas. *Science*, 315, 1122-1126.

