

LA APLICACION DE DISTANCIAS BIOLOGICAS PARA EL ESTUDIO DE POBLACIONES PREHISTORICAS *

J.A. Cocilovo **, Francisco Rothhammer *
y S. Quevedo ******

INTRODUCCION

El estudio de la interacción biosocial entre grupos prehistóricos puede ser aproximado mediante la aplicación de técnicas de análisis estadístico multivariado. Esto involucra la solución de un conjunto de problemas teóricos y prácticos vinculados con la variación humana espacial y temporal, las semejanzas y las diferencias entre los grupos, su origen y desarrollo, sus relaciones de parentesco, su adaptación biocultural, la propia variación intrapoblacional y el aislamiento de los principales factores microevolutivos que operaron en el pasado.

Los trabajos realizados en poblaciones vivientes, en los cuales se demuestra la asociación entre modelos de variación genética, antropométrica, filiación lingüística y migración (Friedlaender 1975; Soto y Rothhammer 1975; Rothhammer 1975, etc.), fundamentan el empleo de datos craneométricos como marcadores en la estimación de relaciones biológicas cuando se carece de información genética, histórica y lingüística entre los grupos (Droessler 1981). Pero los estudios de poblaciones actuales, si bien pueden hacer predicciones sobre los factores evolutivos que ex-

* Trabajo realizado en parte con fondos SUBCYT programación 1984. Fue presentado en el VIII Congreso Nacional de Arqueología Argentina, Concordia, 1985.

** Departamento de Ciencias Naturales, Fac. Cs. Exactas, Físico-Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Río Cuarto, 5800 RIO CUARTO, Argentina.

*** Departamento de Biología Celular y Genética, Facultad de Medicina, Universidad de Chile. Casilla 70061, SANTIAGO, Chile.

**** Laboratorio de Antropología Física, Museo Nacional de Historia Natural, Casilla 787, SANTIAGO, Chile.

plican la diferenciación, carecen de la profundidad temporal necesaria para poner a prueba dichas explicaciones, problema que puede ser resuelto solamente con la información obtenida en series esqueléticas bien datadas desde el punto de vista cronológico y cultural.

En el presente trabajo se realiza la revisión de un conjunto de experiencias desarrolladas desde 1973. En tales experiencias, mediante el empleo de una serie de variables métricas craneofaciales se estimaron distancias entre poblaciones basadas en la conocida estadística D^2 de Mahalanobis, y las relaciones biológicas fueron interpretadas apelando a varias técnicas de análisis de conglomerados (**cluster analysis**). En el curso de este informe se discuten los resultados obtenidos en los campos de la variación geográfica y cronológica, en la postulación de relaciones de parentesco y de corrientes migratorias que explican el poblamiento del territorio argentino.

VARIACION GEOGRAFICA Y CRONOLOGICA

La observación de cambios morfológicos entre las poblaciones locales de una misma especie y la explicación de sus causas constituye uno de los capítulos más rico y fructífero, aunque no menos polémico, de la biología contemporánea. Siguiendo a Mayr (1968) podemos hablar de **variación geográfica** y de **variación cronológica** cuando se comprueban diferencias desde el punto de vista espacial y temporal. Tanto una como otra incluyen componentes genéticos y ambientales, y su discriminación constituye un objetivo importante para los estudios de evolución. Verificada la base genética de tales variaciones, y en consecuencia su valor adaptativo, la explicación más probable se consigue apelando al concepto de selección como factor evolutivo principal. Tal explicación desde Darwin en 1878 y Wallace en 1889 nos conduce a la afirmación de que "cada población local está sometida a una presión de selección continua para la máxima adaptación a la zona particular en que se encuentra" (Mayr 1968: 311-325). En 1880, se originó una célebre disputa, que duraría treinta años, en torno al significado adaptativo de la variación geográfica, basada en la falta de comprensión de conceptos claves como efecto del medio, selección, carácter y fenotipo, y valor adapta-

tivo. Hasta 1936 se afirmaba que las diferencias observadas por debajo del nivel genérico no eran adaptativas. En esta época el progreso de la genética sólo autorizaba la consideración con significado evolutivo de los grandes cambios debidos a mutaciones bruscas. Esta concepción, liderada principalmente por De Vries, se oponía a los partidarios de la selección (Mayr 1968:311-347). Es muy posible que los principales esquemas clasificatorios raciales elaborados para el hombre hayan estado inspirados en los conceptos evolutivos de los mutacionistas de principio de siglo. Así se explicaría su integración original con entidades biológicas compactas (razas) e irreductibles, resultantes de la convergencia ideal de caracteres morfológicos en tipos específicos, que no dejaban espacio para considerar la variación geográfica y cronológica entre las poblaciones locales, tal vez atribuidas a un efecto ambiental irrelevante. Creemos que el ejemplo más conspicuo, en el caso americano, está representado por la Tabla Clasificatoria de Imbelloni publicada en 1938, que inspiró varias generaciones de científicos hasta nuestros días (Cañals Frau 1953; Constanzo 1942; Paulotti y M. de Paulotti 1950-51; Dillenius 1913; etc.).

La historia de las ciencias biológicas se desarrolla febrilmente entre 1930 y 1950. Se demuestra claramente la base genética, en muchos casos, de la variación geográfica comprobada. La incorporación del concepto de pequeñas mutaciones y el reconocimiento del valor selectivo del ambiente producen una reconciliación entre mutacionistas y seleccionistas. La variación gradual y continua de las características morfológicas y fisiológicas recuperan, por así decirlo, su status científico y se reconoce repetidas veces su valor adaptativo. A partir de esta época se acepta que las poblaciones de una especie difieren entre sí y que si esta diferencia posee bases genéticas, es producida por selección y trae como consecuencia su adaptación a diferentes condiciones ambientales. Pero no todas las manifestaciones fenotípicas de esta adaptación son necesariamente adaptativas (Mayr 1968: 347). Estos hechos y comprobaciones parecen haber pasado desapercibidos por nuestra escuela de antropología que persiste en su explicación tipológica de la variación humana y admitiendo el mestizaje como el único factor evolutivo que explicaría los cambios en los márgenes de distribución de los tipos racia-

les. Véase por ejemplo, la postulación del tipo "huárpido" por Canals Frau y la propia actualización de Imbelloni de su Tabla Clasificatoria (Canals Frau 1953; Imbelloni 1950 y 1958), con la creación de varias entidades intermedias, conforme se fue incrementando desde 1938 la información antropológica disponible. Más allá de la imprecisión en las definiciones y de los problemas que trajeron para las generaciones futuras, estos esquemas constituyen una primera explicación de la variación geográfica y cronológica, y debe ser reconocido su valor histórico, aunque lamentablemente se desarrollaran casi al margen de la historia de las ciencias biológicas.

El progreso de la genética de poblaciones brinda hoy una serie de modelos explicativos mucho más realistas para comprender la variación geográfica y cronológica que presentan las poblaciones de una especie. En general, se acepta la influencia de fuerzas selectivas o de la deriva genética para explicar dicha variación. Por ejemplo véase en Cavalli-Sforza y Bodmer (1981) la consecuencia de la disminución del grado medio de heterocigosis durante el proceso de deriva y el aumento de la heterogeneidad entre las poblaciones, la relación entre los coeficientes de consanguinidad y de parentesco con la varianza genética, el modelo de aislamiento de Wright, el de Malecot explicando la extinción exponencial del parentesco con la distancia o el modelo de deriva selectiva de Kimura propuesto en 1954 (Cavalli-Sforza y Bodmer 1981:394-408).

Actualmente la información más objetiva de que disponemos sobre la variación geográfica y cronológica de las poblaciones que componen nuestra especie fue obtenida por la observación de la variación genética y morfológica de los grupos, expresada en términos de distancias biológicas. Dichas distancias pueden ser calculadas de distintas formas y permiten resumir en un solo valor las diferencias halladas en las frecuencias génicas o en los valores medios de variables morfológicas para un conjunto de características consideradas simultáneamente. Valgan como ejemplo los trabajos de Sanghvi (1953), Spielman (1978), Friedlaender (1975), Hiernaux (1956 y 1964), Howells (1966 y 1973a y b), Rightmire (1970), Chacraborty y col. (1976), Soto y col. (1975), Neel y col. (1974), Droessler (1981), Buikstra (1976), etc. Un listado de las principales formas

de cálculo para distancias biológicas se ofrece en el cuadro 1.

El empleo de una u otra distancia depende de los objetivos de la investigación y de la naturaleza de las variables. Entre todas las presentadas, cuando se trabaja con características morfológicas, es preferible utilizar la llamada D^2 propuesta por Mahalanobis en la década del 30 (Mahalanobis 1930 y 1936) por ser la única estadística (T^2 de Hottelling) que toma en cuenta la variación y covariación de las variables que intervienen en el cálculo, proporcionando por ello una estimación más objetiva de las diferencias entre las poblaciones. En Rao (1952:246-247) se proporciona el procedimiento de cálculo y la explicación más accesible. Este valor tiene la ventaja de permitir la dócima de hipótesis referida a la igualdad entre los vectores medios de los grupos considerados, bajo el supuesto de distribución normal multivariada y homogeneidad de las matrices de dispersión. El antiguo coeficiente de semejanza racial (CRL) de Pearson en su formulación original depende mucho de los tamaños de los grupos, supone la varianza constante y la independencia de los caracteres (véase en Rao 1952:352-357, una adecuada crítica sobre este valor frente a la bondad de la D^2). Su empleo actual para la investigación de los componentes de tamaño y forma puede ser perfectamente suplido por la D^2 a partir del desarrollo de Spielman (1972). Las restantes medidas de distancias morfológicas adolecen más o menos de los mismos problemas.

Si bien el trabajo con distancias biológicas o cualquier otra técnica de análisis estadístico multivariado nos permite aproximarnos al estudio de la interacción bio-social entre grupos prehistóricos, debemos reconocer que previamente deben ser resueltos una serie de problemas teóricos y prácticos y vinculados con la variación humana. La eficiencia de la D^2 empleada como estimadora de la verdadera distancia biológica poblacional, depende de la integración de las muestras, del conocimiento de la variación intrapoblacional (sexo, edad, deformación artificial, nutrición, patologías, etc.) y de la proporción de información genética transmitida por las características métricas empleadas. Con una adecuada elección de las variables puede pensarse en una aproximación cercana o mayor al 60% de

la variación genética, basándonos en la heredabilidad de los caracteres y siguiendo las comprobaciones de Clark (1956), Harris (1975) y Hunter (1965).

Por otra parte gracias a los trabajos de Morton y Green (1972), Morton y cols. (1971) y Relethford (1980), la asociación entre el valor D^2 con datos antropométricos y el coeficiente de parentesco del modelo de Malecot parece haber sido probado suficientemente, brindando con ello, una herramienta explicativa importante para el aislamiento de los factores evolutivos. A partir de estos trabajos, nuestra disciplina habría entrado en una nueva fase de desarrollo con un énfasis marcado en la etapa experimental y explicativa de la labor de investigación.

LAS INVESTIGACIONES EN NUESTRO MEDIO

Si pensamos en el campo estricto de la antropología biológica, el cuerpo principal de experiencias vinculadas con el cálculo de distancias biológicas comienza en nuestro país en 1973. En esta oportunidad fueron confrontados grupos de Perú, Bolivia, Noroeste argentino y Patagonia, calculándose una matriz de valores D^2 . La conclusión principal estuvo referida a la comprobación de la variación intermuestral y sentó las primeras sospechas sobre la tradicional homogeneidad de las poblaciones del área andina (Figura 1). En efecto, sus vectores medios construidos con cinco variables craneométricas aparecían estadísticamente diferentes. Además se proporcionó un modelo aproximado de las relaciones entre los grupos en el espacio multidimensional (Cocilovo y Marcellino 1973).

Entre 1972 y 1976, se desarrollaron muchas experiencias hasta hoy inéditas, excepto la principal de ellas publicada en 1981. Aquí se relatan una serie de ensayos destinados a poner a prueba la variación interpoblacional, analizar las relaciones de parentesco entre los grupos y avanzar una explicación vinculada con su variación geográfica. Se estudiaron doce grupos: Paucarcancha, Tiahuanaco, San Pedro de Atacama, Santa Rosa de Tastil, La Isla, El Pucará de Tilcara, Valles Calchaquíes, Delta del Paraná, Patagones de Chubut, Patagones de Río Negro, Ona, Yámana y Alaculuf. Fue comprobada la diferenciación y la integración por

el análisis de conglomerados en entidades biológicas mayores. La influencia del espaciamento geográfico fue establecida por la alta correlación entre variación morfológica y geográfica. Se dieron los datos fehacientes de las principales relaciones de parentesco entre los grupos (Figura 2) y se avanzaron algunas explicaciones sobre el origen de los mismos, y la participación de poblaciones de regiones vecinas en el poblamiento del noroeste argentino (Cocilovo 1981).

Hasta ese momento, las experiencias con distancias biológicas habían alcanzado un mayor desarrollo en Chile. Podemos citar los trabajos de Chackraborty y cols. (1976), Soto y cols. (1975) y Soto y Rothhammer (1975). En 1976, aparece el trabajo de Dricot, comparando 10 grupos prehistóricos de Perú por medio del CRL de Pearson, a partir de su actualización por Penrose (1954), y su configuración en componentes de tamaño y forma (Dricot 1976).

A partir de 1980, se pone en marcha el programa de Microevolución en Poblaciones Prehistóricas del Area Andina. Para su realización se proyectó el relevamiento de cuatro complejos de rasgos: variables métricas, no métricas, grupos sanguíneos y proteínas plasmáticas. Con ello se intentaba la preparación de sendos modelos de parentesco y el estudio de su correlación espacial y temporal.

Una de las primeras experiencias estuvo relacionada con la reconstrucción de la historia biológica de las poblaciones prehistóricas del Valle de Azapa del Norte de Chile (Rothhammer y col. 1981 y 1982). Disponiendo de la información métrica proporcionada por nueve variables del cráneo se calculó una matriz de distancia D^2 entre un conjunto de grupos que cubrían un intervalo temporal de 6.500 años aproximadamente. Los principales resultados obtenidos indican una alta correlación entre la diferenciación morfológica y las distancias cronológicas entre los grupos. Aplicando el modelo de Malecot y el desarrollo de Relethford, se estudió la estructura de la población y la extinción del parentesco en función del tiempo. De esta forma se comprobó la disminución del parentesco a una tasa relativamente constante de 8,6 por 10^{-5} por año, y se aproximó la hipótesis de migraciones de amplio rango sobre el área considerada como el factor determinante de este resultado.

En 1982, como subproducto del mencionado programa se analizaron las relaciones biológicas de la población prehistórica de San Pedro de Atacama (Cocilovo, Quevedo y Rothhammer 1984). Una tarea similar fue desarrollada para el grupo de Camarones 14 y Morro de Arica, dos poblaciones del llamado Complejo Chinchorro del Norte de Chile (Cocilovo y Rothhammer 1984). Simultáneamente fueron estudiados varios modelos de relaciones de parentesco para las poblaciones del Norte Semiárido de Chile (Quevedo, Cocilovo y Rothhammer ep). Este trabajo incluye varios diseños experimentales ensayados por la naturaleza de la información disponible, basados en la estimación directa de distancias fenéticas a partir de las diferencias entre los vectores medios y el valor D^2 con sendos arreglos por técnicas de análisis de conglomerados.

La realización del Simposio sobre Poblamiento Temprano y Rutas Migracionales en Sudamérica, celebrado en Punta de Tralca (Chile) en 1983, aportó el trabajo de Rothhammer (1983) el cual, reuniendo la información genética y morfológica disponible, propone rutas de penetración y desplazamiento a través de Sudamérica, y realiza el estudio de las relaciones de parentesco entre las poblaciones chilenas prehistóricas. Otro trabajo presentado en la misma reunión se relacionó con el estudio de poblaciones argentinas (Cocilovo y Di Rienzo 1985), intentando aportar mayor información sobre la correlación fenético-espacial de los grupos prehistóricos. Se actualizó la matriz de valores D^2 disponible por experiencias anteriores, al incorporarse datos de Salta, Jujuy, Catamarca, San Juan, Mendoza, Santiago del Estero, Córdoba, Entre Ríos, Buenos Aires, Río Negro, Trelew y Tierra del Fuego. Se correlacionaron las matrices de distancias fenéticas y geográficas, y sus elementos fueron relacionados empleando varias técnicas numéricas de análisis de conglomerados. La influencia del espaciamiento geográfico sobre la diferenciación morfológica quedó demostrada una vez más, y el esquema de distancias mínimas permitió postular dos corrientes migratorias: una de tradición andina y otra litoral. Se propusieron entidades biológicas afincadas en áreas geográficas definidas y se avanzó en la explicación del origen de los distintos grupos (Figuras 3 y 4). El interés por explicar la formación de las poblaciones prehistóricas de Arica condujo a la realización de un estudio analizando en forma par-

ricular sus relaciones con grupos costeros, peruanos y altiplánicos. El análisis de los valores D^2 indicó que el origen más probable de las poblaciones ariqueñas debía buscarse en la región próxima al lago Titicaca (Rothhammer y cols. 1983).

Estos resultados fueron reanalizados en el Simposio de Arica en 1984, y discutidos a la luz de la información arqueológica disponible. Las poblaciones del área Andina Meridional fueron estudiadas proporcionándose el primer esquema de desarrollo evolutivo (Figuras 7 y 8), basado en el análisis de sus relaciones de parentesco más probables (Cocilovo y cols m.s.) Se incorporó una importante información sobre grupos brasileños actuales y extinguidos (Salzano com. per., y Neves com. per.). Al ampliarse de esta forma el marco de referencia histórico y geográfico, se potencializó la etapa explicativa vinculada con el conocimiento de la interacción entre áreas geográficas distantes y sus influencias recíprocas en el poblamiento. Como resultado del trabajo de Rivera y Rothhammer (ep) se obtiene la postulación de vías de intercambio entre la región andina y la amazónica. La integración biológica de poblaciones brasileñas con patagónicas presentada por Neves (com. per.), abre buenas perspectivas para explicar el origen de los grupos argentinos del litoral fluvial y marino de nuestro territorio.

En la actualidad, los trabajos antes mencionados se desarrollan en Argentina, en un nuevo programa propuesto en la reunión de Arica "Genética y Microevolución de Poblaciones Aborígenes Sudamericanas". En él se han asignado tareas concretas vinculadas con el estudio de la historia biológica del hombre en áreas geográficas definidas: región andina (Chile y Argentina) y tierras bajas (Brasil y Argentina).

Cabe por último citar una experiencia realizada con las poblaciones del Valle de Azapa empleando 14 variables no métricas (rasgos discontinuos). Se calcularon tres tipos de distancias entre las muestras que cubren un intervalo de tiempo de 6.500 años. Se comprobó que un 70% de la variación craneal podía ser explicada por la variación cronológica. Un hecho consistente con resultados anteriores para variables métricas (Rothhammer y cols. 1982). Las

tres medidas de distancias empleadas, dos de ellas específicas para proporciones y otra no específica como la D^2 , demostraron una alta autocorrelación entre sus valores. Los resultados más importantes se refieren a la posibilidad de establecer una verdadera periodificación biológica para el Valle de Azapa, suponiendo una variación espacial despreciable. Un último análisis sobre el poblamiento temprano de Sudamérica es realizado por Rothhammer y cols. en 1984, siguiendo la evidencia arqueológica disponible, con la información fenética proporcionada por la comparación de 29 grupos prehistóricos desde Venezuela hasta Tierra del Fuego, y con el conocimiento de las distancias genéticas entre poblaciones aborígenes actuales (Figuras 5 y 6). En este trabajo se proponen dos modelos de poblamiento: uno asociado con movimientos entre el 8.000 y 6.000 aC y el otro vinculado con desplazamientos entre el 6.000 y el 4.000 aC (Rothhammer y col. 1984).

AGRADECIMIENTOS

Deseamos expresar nuestro sincero agradecimiento a la Prof. Silvia Graciela Valdano del Departamento de Ciencias Naturales (UNRC) por su asistencia técnica y al Señor Carlos Horacio Huergo del Departamento de Audiovisuales (UNRC) por la reinterpretación del esquema de relaciones presentado en la figura 1.

BIBLIOGRAFIA

- Buikstra, J.E. 1976. Hopewell in the lower Illinois Valley: a regional study of human biological variability and prehistoric mortuary behavior, Northwestern Univ. Archaeol. Program, Sci. Pap.
- Canals Frau, S. 1953. **Poblaciones indígenas de la Argentina**, Sudamericana, Buenos Aires.
- Cavalli-Sforza, L.L. y W.F. Bodmer, 1981. **Genética de las Poblaciones Humanas**, Ed. Omega, S.A., Barcelona.
- Clark, P.J. 1956. The heritability of certain anthropometric characters as ascertained from measurements of twins, **American Journal Human Genetics** 8:49-54.
- Cocilovo, J.A. 1981. Estudio sobre discriminación y clasificación de poblaciones prehispánicas del N.O. argentino, Publ. Ocas. 36, Mus. Nac. Hist. Nat., Santiago, Chile.
- Cocilovo, J.A. y J. Di Rienzo 1985. Un Modelo Biológico para el estudio del poblamiento prehispánico del territorio argentino. Correlación fenética-espacial, **Relaciones Sociedad Argentina Antropológica** 16 (ep), Buenos Aires.
- Cocilovo, J.A. y A.J. Marcellino. 1973. Hacia una moderna taxonomía aborígen: El análisis estadístico en un espacio multidimensional, **Notas de Antropología Biológica**, S.C., 10:1-5, Córdoba.
- Cocilovo, J.A., S. Quevedo y F. Rothhammer (ep), Relaciones y Afinidades Biológicas de la Población Prehistórica de San Pedro de Atacama (Chile), **Actas Simposio de Arqueología Atacameña**, Universidad del Norte, Antofagasta, Chile.
- Cocilovo, J.A. y F. Rothhammer. 1984. Relaciones y Afinidades Biológicas del grupo humano de Camarones 14, en **Descripción y Análisis Interpretativo de un Sitio Arcaico Temprano en la Quebrada de Camarones**, por V. Schiappacasse y H. Niemeyer, Publ. Ocas. 41:152-162,

Mus. Nac. Hist. Nat., Santiago, Chile.

Cocilovo, J.A.; F. Rothhammer y S. Quevedo (m.s). **The chronologic variation of prehistoric populations of South Andean Area.**

Constanzó, M.M. 1982. Antropología Calchaquí, **Rev. Inst. Antrop.**, 2 (9): 213-308, San Miguel de Tucumán.

Chacraborty, R., R. Blanco, F. Rothhammer y E. Llop. 1976. Genetic variability in Chilean Indian populations and its association with geography language and culture, **Social. Biol.**, 23:73.

Dillenius, J.A. 1913. Craneometría comparativa de los habitantes de la Isla y del Pucará de Tilcara (Provincia de Jujuy), **Publ. Sec. Antrop.**, Facultad de Filosofía y Letras, 12, Buenos Aires.

Dricot, J. 1976. Cálculo de distancias en poblaciones prehispánicas del Perú, **Mus. Nac. Antrop. Arq.**, Serie Antropología, 1: 1-16, Lima.

Drossler, J. 1981. **Craniometry and Biological Distance**, Center for American Archeology, Research Series 1. Northwestern University, Evanston, Illinois.

Friedlaender, J.S. 1975. **Patterns of human variation. The demographic genetics of Bouganville islanders**, Harvard University Press, Cambridge.

Harris, J.E. 1975. Genetic Factor in the Growth of the Head, **Dental Clinics of North America**, 19 (1):151-160.

Hiernaux, J. 1956. Analyse de la variation des caractères physiques humaines en una region de L'Afrique Central: Ruanda-Urundi et Kivu, **Anal. Mus. Roy. Congo Belge, Sci. Hom., Anthrop.**, 3:1-131, Tervuren.

Hiernaux, J. 1963. Heredity and environment: their influence on human morphology. A comparison of two independent lines of study, **Am. J. Phys. Anthrop.**, 21:575-589.

Hiernaux, J. 1964. La Mesure de la Diference Morphologique entre Populations pour un ensemble de variables, **L'Anthropologie**, 68 (5-6):559-568, París.

- Howells, W.W. 1966. Craniometry and multivariate analysis. The Jomon population of Japan. A study by discriminant analysis of Japanese and Ainu Crania, Paper Peabody Mus. Am. Archaeol. Ethnol., 57:1-43.
- Howells, W.W. 1973. **Cranial variation in man: a study by multivariate analysis of patterns of differences among recent human populations**, Pap. Peabody Mus. Am. Archaeol. Ethnol., 67.
- Howells, W.W. 1973. **Measures of population distances en Methods and theories of anthropological genetics**, H.H. Crawford and P. L. Workman (eds), University of New México Press:159-176.
- Hunter, W.S. 1965. A Study of the inheritance of craniofacial characteristics as seen in lateral cephalograms of 72 like-sexed twins, European Orthodontic. Soc. Trans.,:59-70.
- Imbelloni, J. 1938. Tabla clasificatoria de los indios. Regiones Biológicas y grupos raciales humanos de América, **PHYSIS**, 12:229-149, Buenos Aires.
- Imbelloni, J. 1950. La Tabla clasificatoria de los indios a trece años de su publicacion, **RUNA**, 3:200-210, Buenos Aires.
- Imbelloni, J. 1958. Nouveaux Apports á la clasificacion de l'Homme Americain, Miscellanea Paul Rivet Octogenario Dicata, 31 Cong. Int. Amer., Universidad Autónoma de México, 1:107-136, México.
- Mahalanobis, P. 1930. On test and measures of group divergences, **Journ. Asiat. Soc. Bengal**, 26:541-588, Calcuta, India.
- Mahalanobis, P. 1936. On the genralized distance in statistics, Proc. Nat. Inst. Sci. India, 2 (1):49-55, Calcuta, India.
- Mayr, E. 1968. **Especies animales y evolución**, 808 pp., Ed. Univ. Chile-Ariel, Barcelona.

- Morton, M.E. 1973. Population structure of micronesia, en Methods and Theorie of Anthropological Genetics, M.H. Crawford and P.L. Workman (eds.), University of New México Press, Albuquerque, New Mexico:333-366.
- Morton, N.E. y D.L. Green. 1972. Pingelap and Mokil Atolls: Anthropometrics, **Am. J. Hum. Genet.**, 24(3):299-303, Chicago, USA.
- Morton, N.E., S. Yee, D.E. Harris y R. Lew. 1971. Bioassay of kinship, Theoretical Population Biology, 2(4):507-524, Bélgica.
- Neel, J.V. 1964. Studies on the Xavante Indians of the Brazilian Mato Grosso, **Am. J. Hum. Genet.**, 16:52-140.
- Neel, J.V., F. Rothhammer y J.C. Lingoés. 1974. The genetics structure of a tribal population, the Yanomama Indians. X Agreement between representation of villages distances based on different sets of characteristics, **Am. J. Hum. Genet.**, 26:201-303.
- Neel, J.V. y F.M. Salzano. 1966. A prospectus for genetic studies on the American indians, en The Biology of Human Adaptability, eds. por P.T. Baker y J.S. Weiner: 245-274, Oxford Clarendon Press.
- Paulotti, O.L. y T.M. de Paulotti. 1950-51. Tipos Craneanos del Noroeste Argentino. **Rev. Inst. Antrop.**, 5-6: 45-76, San Miguel de Tucumán.
- Penrose, L.S. 1954. Distance, Size and Shape. **Annals of Eugenics**, 18:337-343.
- Quevedo, S., J.A. Cocilovo y F. Rothhammer(ep.) Relaciones y Afinidades Biológicas entre las Poblaciones del Norte Semiárido (Chile), **Actas IX Cong. Arq. Chil.**, La Serena, Chile.
- Rao, C.R. 1952. **Advanced statistical methods in biometrics research**, 390 pp., J. Wiley, New York. USA.
- Relethford, J.H. 1980. Biossay of kinship from continous traits, **Human Biology**, 52(4):689-700, Wayne, USA.

- Rightmire, G.P. 1970. Bushman Hottentot and South African Negro Crania Studied by Distances and Discrimination, **Am. J. Phys. Anthrop.**, 33:169-195.
- Rightmire, G.P. 1972. Cranial measurements and discrete traits compared in distance studies of African Negro Skulls, **Human Biology**, 44: 263-276.
- Rivera, M.A. y F. Rothhammer (ep.). Evaluación Biológica y Cultural de Poblaciones Chinchorro: Nuevos Elementos Para la Hipótesis de Contactos Transaltiplánicos Cuenca Amazonas. Costa Pacífico, Chungará, Instituto de Antropología, Universidad de Tarapacá, Arica, Chile.
- Rothhammer, F. 1976. Comparación de patrones de diversificación morfológica y genética en dos poblaciones aborígenes latinoamericanas, **Actas XLI Congreso Internacional de Americanistas**, México.
- Rothhammer, F. 1983. Una hipótesis sobre el poblamiento de Chile continental, **Archivos de Biol. Med. Exp.**, 16 (2):122, Santiago.
- Rothhammer, F., J.A. Cocilovo y S. Quevedo. 1984. El Poblamiento Temprano de Sudamérica, Chungará, 13:99-108, Univ. Tarapacá, Arica, Chile.
- Rothhammer, F., S. Quevedo, J.A. Cocilovo y E. Llop. 1982. Microevolution in Prehistoric Andean Population. IV Chronologic Craniometric Variations, **Am. J. Phys. Anthrop.** 58(4):391-396, Philadelphia.
- Rothhammer, F., S. Quevedo, J.A. Cocilovo y E. Llop. 1983. Afinidad Biológica de las poblaciones prehistóricas del litoral ariqueño con grupos poblacionales costeros peruanos y altiplánicos, **Chungará** 11:161-165. Dto. Antrop. Univ. Tarapacá, Arica, Chile.
- Rothhammer, F., S. Quevedo, J.A. Cocilovo y E. Llop. 1984. Microevolution in Prehistoric Andean Population. IV Chronologic Craniometric non-metrical Variation, **Am. J. Phys. Anthrop.**, 65(2):157-162, Philadelphia.

- Rothhammer, F., S. Quevedo, J.A. Cocilovo, E. Llop y G. Focacci. 1981. Moco-evolución en Poblaciones del Area Andina, 2 Variación Craneométrica Cronológica en los Valles de Arica, **Cungará** 8:275-289, Dep. Antrop. Univ. Tarapacá, Arica, Chile.
- Snaghi, L.D. 1953. Comparison of genetical and morphological methods for a study of biological differences, **Am. J. Phys. Anthrop.** 11:385-404. Philadelphia.
- Sneath, P.H.A. y R.R. Sokal. 1973. Numerical Taxonomy, W. H. Freeman and Comp., San Francisco.
- Soto P. y F. Rothhammer. 1975. Comparaciones de Patrones de diversificación genética y cultural entre poblaciones selváticas y altiplánicas del Perú. **Chungará** 5:81-85.
- Soto P., F. Rothhammer, C. Valenzuela, E. Llop y Z. Harb. 1975. Aplicación de un método de distancia genética en la comparación de poblaciones prehispánicas de América, **Chungará** 5:73-85, Univ. Norte, Dto. Antrop., Arica.
- Spielman, R.S. 1972. Anthropometric and Genetic Differences Among Yanomama Villages. Ph. D. thesis, University of Michigan.
- Spielman, R.S. 1973. Differences among Yanomama Indian Villages: do the pattern of allele frequency, anthropometrics and map locations correspond?, **Am. J. Phys. Anthrop.** 39:461-480.
- Spielman, R.S., F.J. Da Rocha, L.R. Weitkamp, R.H. Ward, J.V. Neel y N.A. Chagnon. 1972. The Genetic structure of a tribal population, the Yanomama Indians. VII Anthropometric differences among Yanomama Villages, **Am. J. Phys. Anthrop.** 37:345-356. Philadelphia.

Cuadro 1

DISTANCIAS BIOLÓGICAS

1921 - Coeficiente de Semejanza Racial (Pearson)

$$\frac{\bar{n}_1 + \bar{n}_2}{\bar{n}_1 \bar{n}_2} \frac{1}{p} \left\{ \sum_{i=1}^p \frac{n_{1i} n_{i2}}{n_{1i} + n_{2i}} \left(\frac{m_{i1} - m_{i2}}{s_i} \right)^2 - 1 \right\}$$

donde $\bar{n}_1 = \frac{\sum n_{1i}}{p}$ y $\bar{n}_2 = \frac{\sum n_{2i}}{p}$

1932 - MCD, Diferencia Media de Caracteres, Czekanowski

$$\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n |x_{ij} - x_{ik}|$$

1936 - D^2 de Mahalanobis (Dos Grupos)

$$D_p^2 = \sum_1^p \sum_1^p w^{ij} (\bar{x}_{i1} - \bar{x}_{i2}) (\bar{x}_{j1} - \bar{x}_{j2})$$

w^{ij} = inversa $(N_1 + N_2 - 2) w_{ij}$ (matriz de varianzas y covarianzas)

$$\frac{N_1 N_2 (N_1 + N_2 - p - 1)}{p(N_1 + N_2) (N_1 + N_2 - 2)} D^2 \sim F$$

1961 - Distancia Simple (Sokal)

$$\Delta_{jk} = \left[\sum_{i=1}^n (x_{ij} - x_{ik})^2 \right]^{1/2}$$

$$\Delta_{jk}^2 = \sum_{i=1}^n (x_{ij} - x_{ik})^2$$

$$d_{jk}^2 = \Delta_{jk}^2 / n = \bar{\delta}_{jk}^2$$

1981 - Distancias Genéticas (Cavalli-Sforza y Bodmer)

$$d_{ij} = \sqrt{\Delta_{ij}^2}; \cos \theta = \sum_i \sqrt{p_{iA} p_{iB}}$$

$$d \sim \sqrt{1 - \cos \theta} \quad \text{o} \quad d^2 = 1 - \cos \theta$$

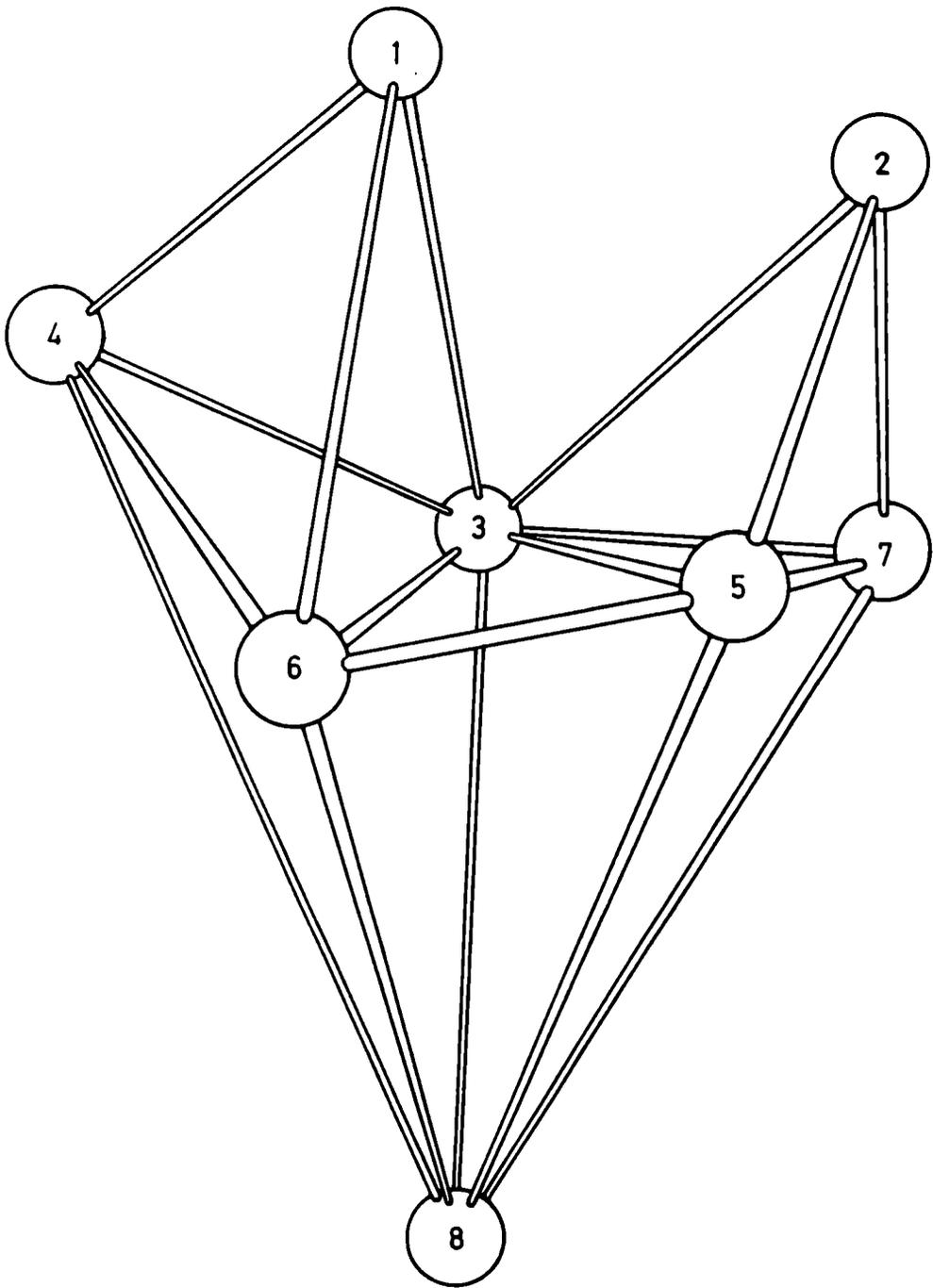


Figura 1

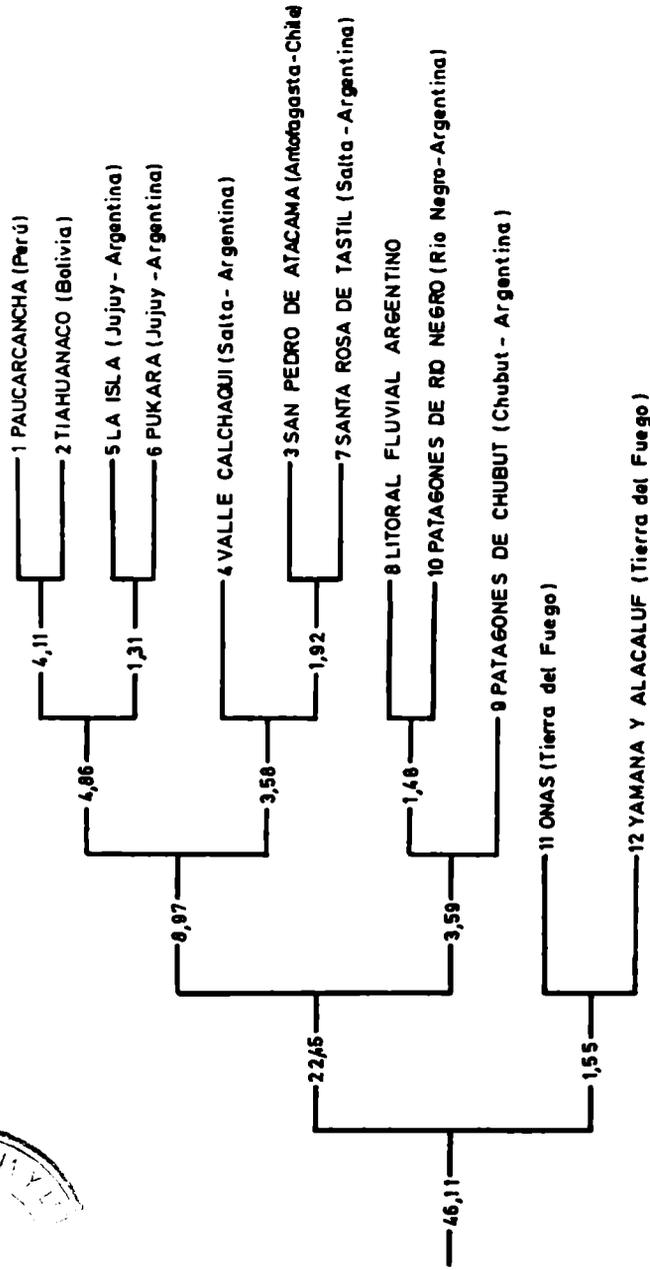


Figura 2

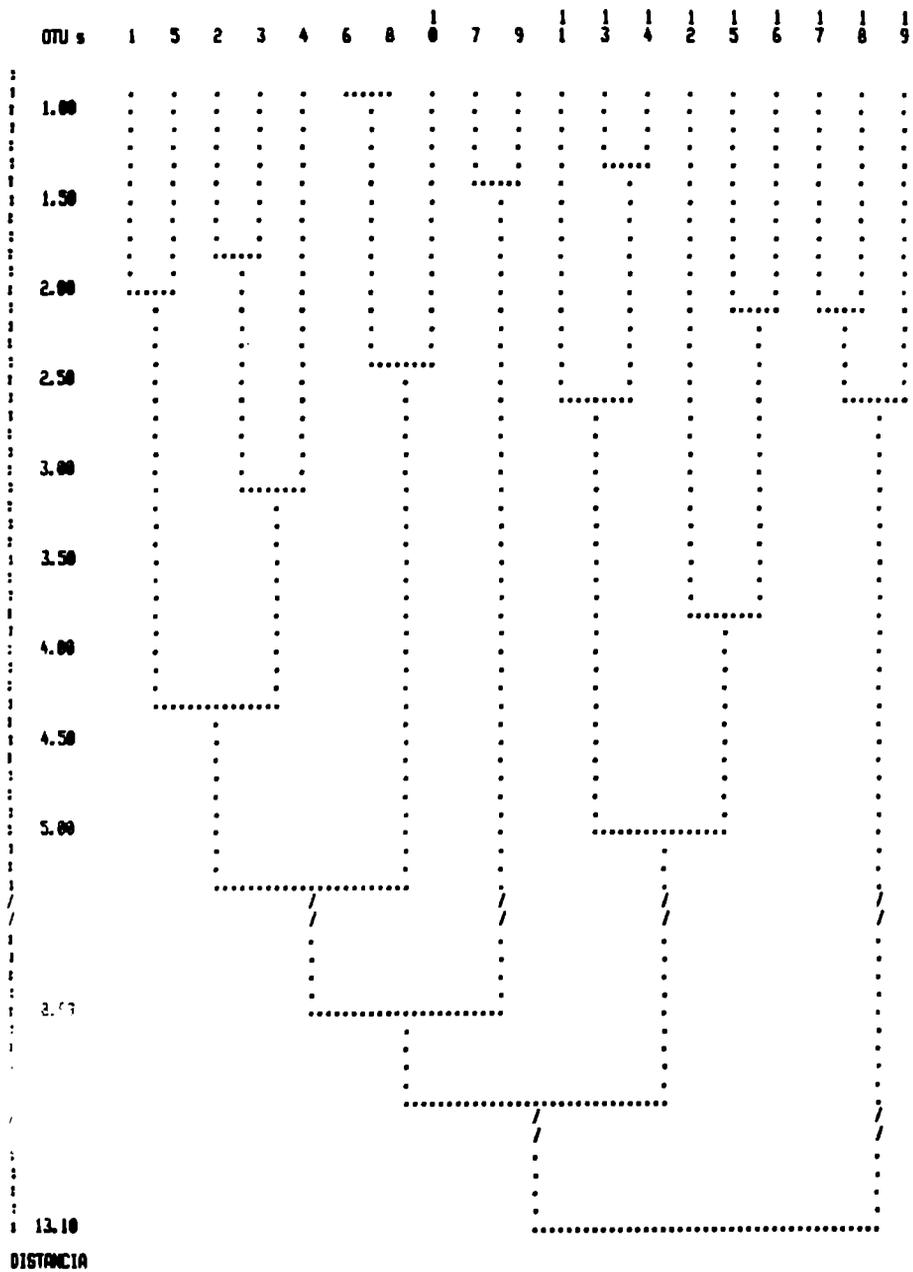


Figura 3

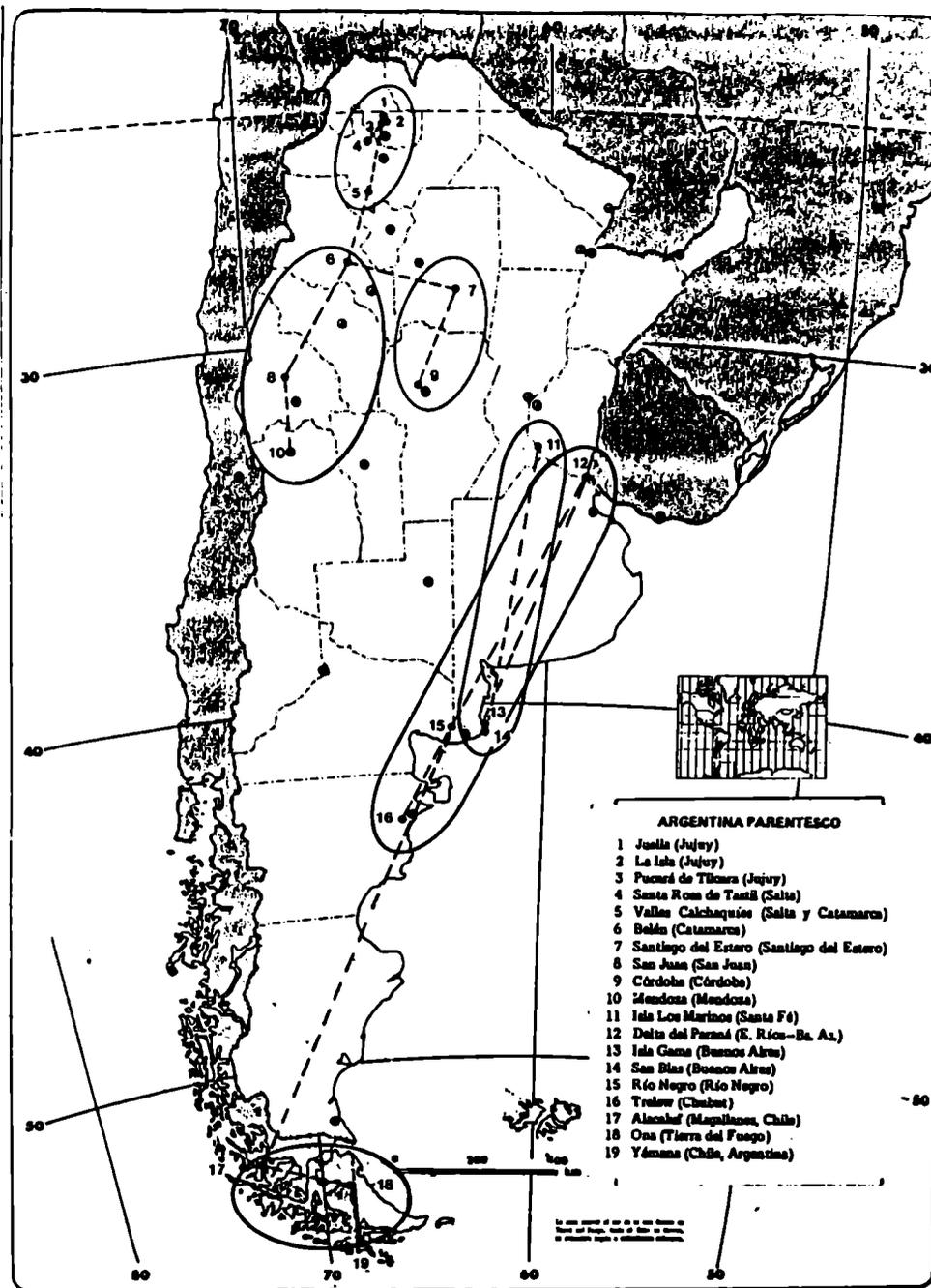


Figura 4

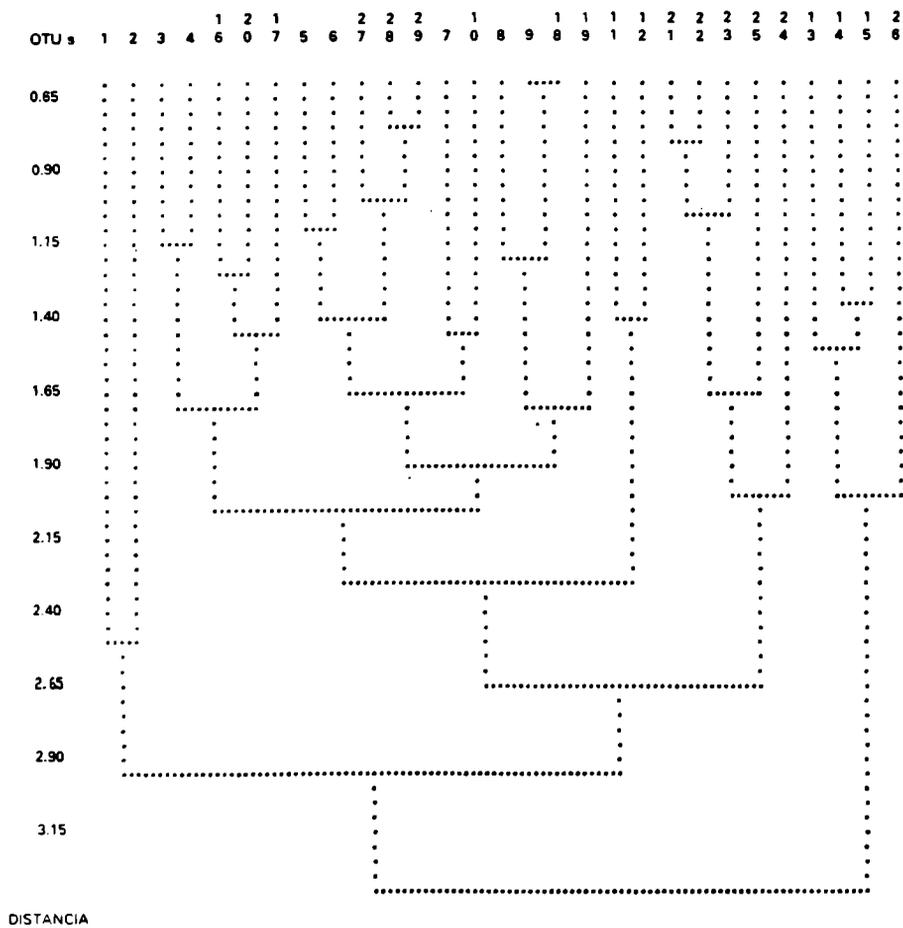


Figura 5

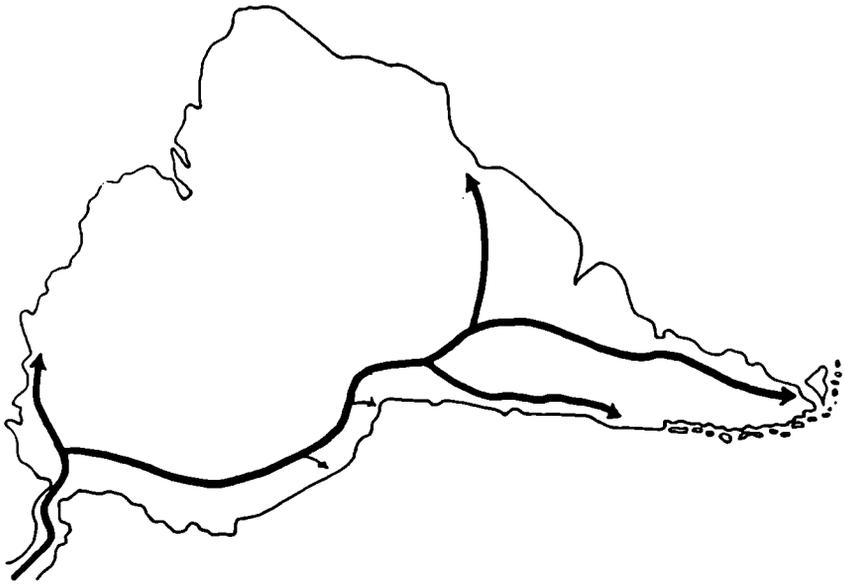
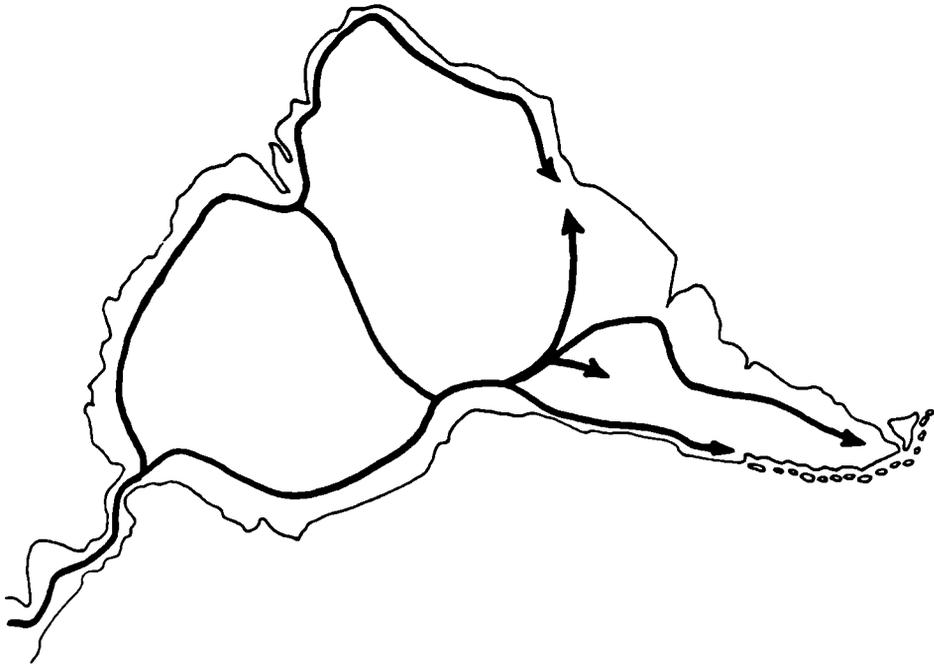


Figura 6

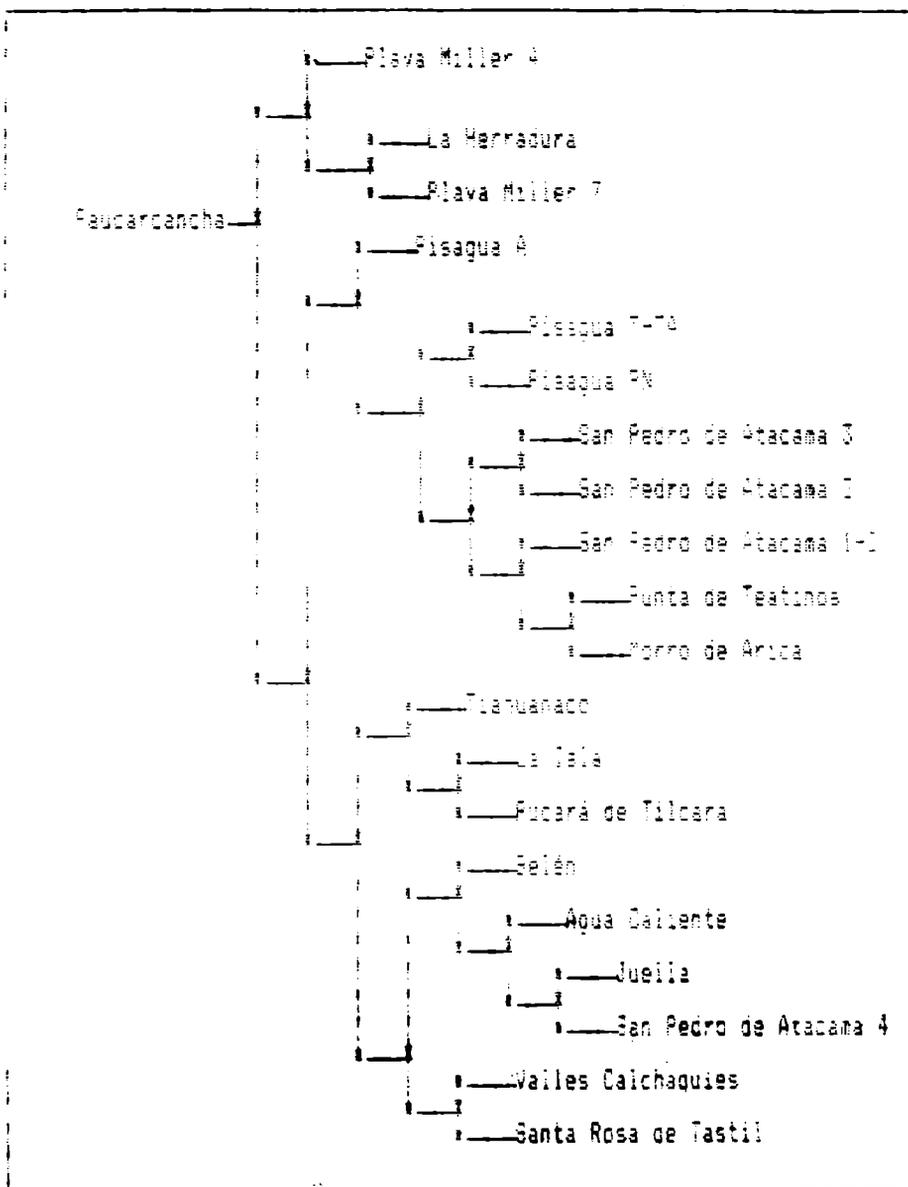


Figura 7

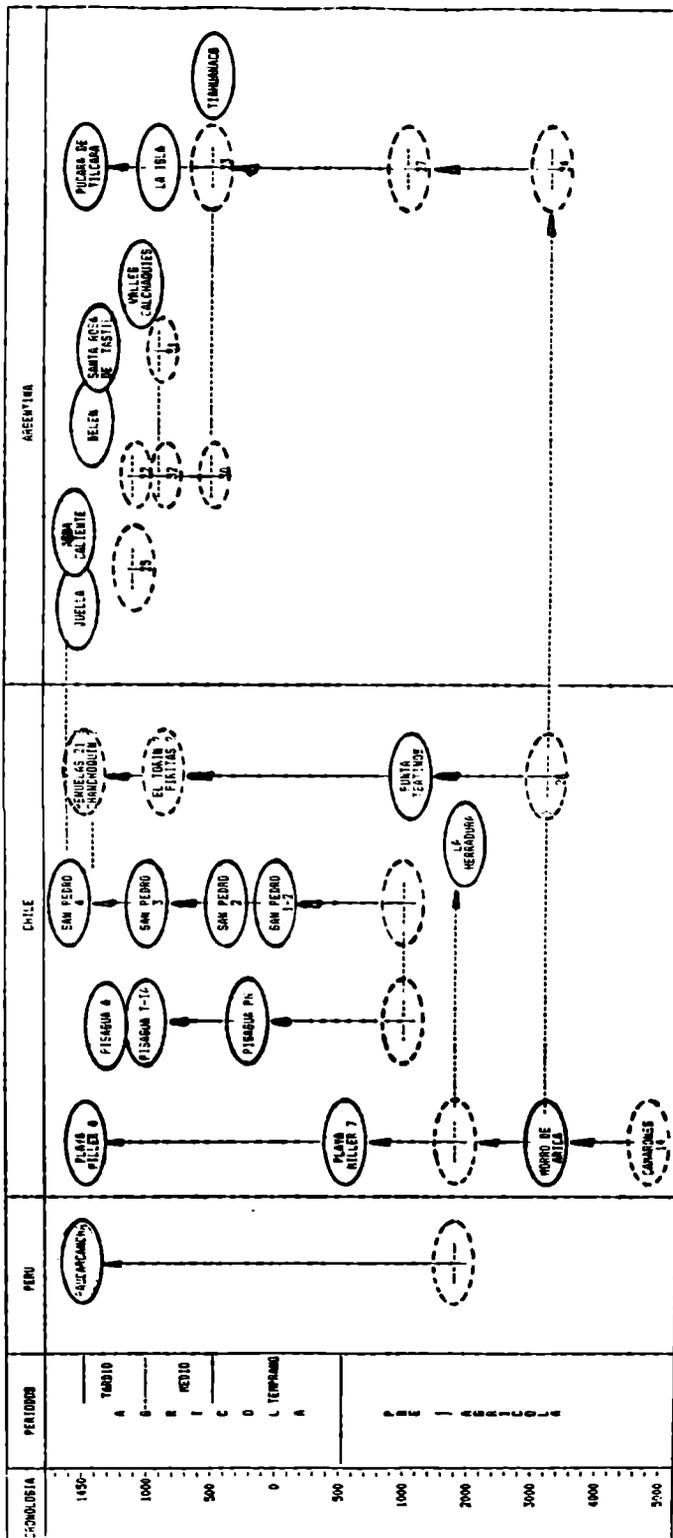


Figura 8

LEYENDAS PARA LAS FIGURAS

Cuadro 1. Expresiones para el cálculo de las principales clases de distancias biológicas

Figura 1. Distribución de ocho grupos prehistóricos sobre la base de las distancias D^2 . Este primer diagrama elaborado en 1973 y reinterpretado en 1985, intenta representar las relaciones en un espacio multidimensional. 1=Paucarcancha (Peru), 2=Tiahuanaco (Bolivia), 3=San Pedro de Atacama (Chile), 4=La Isla (Jujuy), 5=El Pucará (Jujuy), 6=Santa Rosa de Tastil (Salta), 7=Valles Calchaquíes (Salta y Catamarca) y 8=Patagones de Chubut.

Figura 2. Representación de doce grupos prehistóricos por medio de un dendrograma derivado del análisis de conglomerados (cluster analysis), aplicado a una matriz de distancias D^2 . Este diagrama elaborado en 1976, posee antes de cada subdivisión las distancias entre los grupos expresadas como porcentajes de la variación total (=206,999).

Figura 3. Dendrograma representando la distribución y las asociaciones más probables entre 19 grupos prehistóricos de la República Argentina. Fue preparado en 1983. Los números indican las mismas muestras de la figura 4.

Figura 4. Entidades biológicas y rutas de poblamiento probables postulados por los resultados del análisis de conglomerados (cluster analysis).

Figura 5. Fenograma representando las relaciones entre 29 grupos prehistóricos sudamericanos. Esta experiencia fue desarrollada en 1984. 1=Tiwanacu, 2=Arica, 3= Pisagua, 4=San Pedro de Atacama, 5=La Isla, 6=Pucará de Tilcara, 7=Santa Rosa de Tastil, 8=Valles Calchaquíes, 9=Belén, 10=Isla Los Marinos, 11=Patagones de Chubut, 12=Patagones de Rio Negro, 13=Yámana, 14=Alacaluf, 15=Ona, 16=Punta de Teatinos, 17=Península de Arauco, 18=San Juan, 19=Mendoza, 20=Uspallata, 21=Cucurital, 22=Ibi-Iboto, 23=Cerro de Luna, 24=Valle de Caracas, 25=Sambaquíes, 26=Botocudos, 27=Pa-

tallacta, 28=Torontoy y 29=Paucarcancha.

Figura 6. Propuesta de dos modelos y rutas de poblamiento basados en la información arqueológica, craneométrica y genética disponible.

Figura 7. Dendrograma que postula las relaciones ancestrales entre 21 grupos prehistóricos del Area Andina Meridional. Se observan tres líneas de descendencia: una que vincula los grupos de Playa Miller (Arica) con la Herradura (Norte Semiárido), otra que incluye exclusivamente muestras chilenas, integrando en una historia común grupos costeros y del oásis de San Pedro de Atacama, y una tercera con poblaciones argentinas, entre las cuales se destaca la presencia de Tiahuanaco y San Pedro de Atacama 4 (tardío). Este ensayo fue preparado en 1984.

Figura 8. Modelo de distribución cronológica y espacial entre 21 muestras del Area Andina Meridional. Fue realizado en 1984 reuniendo todos los resultados disponibles de varios análisis de conglomerados, incluyendo en el de la figura 7, aplicados siempre sobre una matriz de valores D^2 . Los diseños ovales segmentados indican la propuesta de grupos hipotéticos para explicar las relaciones de parentesco y el origen más probable de los distintos grupos.