

EL ORIGEN DE LOS AMERINDIOS: DEBATES ACTUALES

POR

HERBERT S. KLEIN

Columbia University

DANIEL C. SCHIFFNER

University of California, San Francisco

Las contribuciones producidas por la arqueología, la antropología física, la lingüística y la genética, en los últimos veinte años, han revolucionado el estudio de los orígenes de los habitantes de América. A partir de restos de piezas dentarias, los antropólogos físicos han podido obtener, por ejemplo, especímenes resistentes a alteraciones post-mortem que guardan una relación directa con los cambios evolutivos específicos de las poblaciones. Al mismo tiempo, el estudio de las frecuencias genéticas y las distribuciones cambiantes de las marcas genéticas en poblaciones originarias del territorio americano ha producido información nueva sobre los patrones de asentamiento y migración, poniendo en entredicho la evidencia arqueológica sobre las primeras migraciones humanas. el objetivo de este artículo es ofrecer al lector un panorama de esta literatura y de los nuevos interrogantes.

PALABRAS CLAVES: *Amerindios, origen, últimas investigaciones, debates.*

En los últimos años, contribuciones producidas por la arqueología, la antropología física, la lingüística y la genética han revolucionado el estudio de los orígenes de los habitantes de América. Esta revolución descansa sobre contribuciones de diferentes disciplinas, descarta creencias tradicionales y aporta materiales sofisticados relativos a cuestiones básicas de la presencia del ser humano en territorio americano. A partir de restos de piezas dentarias, los antropólogos físicos han podido obtener, por ejemplo, especímenes resistentes a alteraciones post-mortem que guardan una relación directa con los cambios evolutivos específicos de las poblaciones. Al mismo tiempo, el estudio de las frecuencias genéticas y las distribuciones cambiantes de las marcas genéticas en poblaciones originarias del territorio americano ha producido información nueva sobre los patrones de asentamiento y migración, poniendo en entredicho la evidencia arqueológica sobre las primeras migraciones humanas. Estas investigaciones, muchas de las cuales da-

tan tan sólo de los últimos veinte años, han abierto nuevos debates y generado nuevas preguntas. El objetivo de este artículo es ofrecer al lector un panorama de esta literatura y de los nuevos interrogantes.

La idea de que el hemisferio occidental fue originalmente habitado por población asiática que migró hacia el Nuevo Mundo a través de un puente de tierra establecido en el estrecho de Bering fue propuesta ya en el siglo XVI por el cronista jesuita Padre José de Acosta. Sin embargo, ella no se convirtió en la hipótesis dominante hasta principios del siglo XX¹. Bien entrado el siglo XIX se seguía especulando sobre migraciones de poblaciones del Viejo Mundo constructoras de los templos y túmulos funerarios existentes en todo el territorio americano. En las primeras décadas del siglo XX, arqueólogos estadounidenses empezaron finalmente a adoptar el modelo decimonónico de superposición estatigráfica, o sea el método de datación basado en la localización de los especímenes en los diferentes estratos geológicos. Ese fue el primer método coherente de datación disponible y Manuel Gamio fue de los primeros en usarlo en sus investigaciones del Valle de México realizadas en 1911. Hacia los años treinta del siglo XX, los análisis estatigráficos y seriales (basados en los estilos de cerámica específicos de una época o cultura) era ya la norma en todo el continente y arrojaron pronto resultados que mostraban la evolución coherente de todas las sociedades del territorio americano². Los análisis sobre la base del carbono 14 se sumaron a partir de 1949 para datar artefactos provenientes de exploraciones sistemáticas en sitios comprendidos desde Alaska hasta la Patagonia.

Aunque algunos descubrimientos realizados en el siglo XIX habían sugerido la presencia de «hombres de Neanderthal» en el hemisferio occidental, el supuesto fue descartado en la primera década del siglo XX y se aceptó que sólo habían emigrado al Nuevo Mundo *Homo sapiens sapiens* completamente desarrollados (es decir, seres humanos modernos desde el punto de vista anatómico)³. Hacia los años veinte, el descubrimiento de singulares proyectiles de piedra «Clovis point» en Clovis, Nuevo México, así como la aparición de esos mismos artefactos junto con proyectiles Folsom cerca de grandes huesos de mamíferos en sitios de caza ubicados desde el norte de Alaska hasta Guatemala, sugirió la existencia de una original cultura de caza mayor propia de los primeros seres humanos que poblaron el territorio americano. La cultura Clovis fue datada entre 12.000 y 10.000 años atrás. Por los años treinta, un consenso que duró hasta los ochenta, sostuvo que los migrantes asiáticos habían venido básicamente como pequeñas bandas de

¹ Stuart J. FIEDEL, *Prehistory of the Americas*, Cambridge, Cambridge University Press, 1992, (segunda edición), p. 2.

² *Ibidem*, pp. 7-9

³ William N. IRVING, «Context and Chronology of Early Man in the Americas», *American Review of Anthropology*, vol. 14, 1985, p. 530. Los trabajos de W.H. HOLMES en 1897 y el de A. HRDLICKA en 1907 rechazaron efectivamente todos los supuestos hallazgos de Neanderthal para el Nuevo Mundo y esta posición no volvió a plantearse nuevamente.

cazadores y recolectores que perseguían grandes presas. Se llegó incluso a proponer que esos humanos habían hecho desaparecer a los grandes mamíferos del territorio americano, aunque la extinción simultánea de animales que los humanos no utilizaban como alimento sugiere causas más complejas para que desaparecieran los animales del pleistoceno tardío⁴.

La evidencia geológica y el descubrimiento de restos humanos hicieron que muchos investigadores supusieran que el *Homo sapiens sapiens* había llegado al territorio americano desde Asia hacia alrededor de 12.000 años, cuando una de las fases climatológicas secas abrió el puente de tierra de Bering. Esta asunción se fundaba en la idea de que, hasta el fin de la última era glacial, los glaciares cerraron la ruta terrestre de esos cazadores primitivos hacia el sur de Alaska. Retirados los glaciares, esos migrantes fundadores habrían poblado el resto del territorio americano en pocos cientos de años, alcanzando la Patagonia hace unos 11.000 años⁵.

Tal suposición empezó sin embargo a ser discutida a mediados de los ochenta por arqueólogos especializados en el estudio de instrumentos líticos. En América del Sur aparecieron proyectiles de piedra diferentes a los «Clovis point», al tiempo que se exploraban sitios que no guardaban relación alguna con los grandes mamíferos. Las dataciones de carbono 14 realizadas en algunos sitios empezaron a mostrar que los orígenes del asentamiento humano en el continente se habían producido hace más de 12.000 años. En las bien estudiadas excavaciones de Taima Taima en Venezuela y de Monte Verde en Chile, por ejemplo, se realizaron dataciones de 13.000 años⁶. Finalmente, la mayoría de los arqueólogos concluyó que la fecha de llegada debió ser anterior a la pensada, aunque no se hubieran hallado restos humanos de esa edad. En resumen, Irving señaló que «la gran diversidad de técnicas de fabricación de puntas de proyectiles presentes hace 10.000-12.000 años descarta cualquier posibilidad de que una primer migración desde Asia» haya llegado posteriormente a por lo menos 2 o 3 milenios antes de esa fecha. Más aún, «...la variedad de adaptaciones ecológicas ya evidentes 12.000 años atrás, desde regiones subárticas interiores hasta áreas costeras tropicales...» apunta hacia la misma conclusión⁷.

⁴ Thomas D. DILLEHAY, *The Settlement of the Americas: A New Prehistory*, New York, Basic Books, 2000, cap. 2; Thomas D. DILLEHAY, *Monte Verde, a late Pleistocene settlement in Chile*, 2 vols., Washington, D.C., Smithsonian Institution, 1989-1997; Claudio OCHSENIUS y Ruth GRUHN, editores, *Taima-Taima: A late Pleistocene Paleo-Indian Kill-site in Northernmost South America*, Baden-Württemberg, Carl-Christian OCHSENIUS-STIFTUNG, 1999 (primera edición de 1977).

⁵ Un buen resumen de este punto de vista tradicional se encuentra en IRVING, [3], pp. 530-534.

⁶ DILLEHAY, [4], cap. 5. Por la más reciente defensa de las fechas de radio carbono de al menos 12.500 años atrás ver R.E. TAYLOR *et al.*, «Radiocarbon Analyses of Modern Organics at Monte Verde, Chile, «No Evidence for a Local Reservoir Effect», *American Antiquity*, 64, núm.3, 1999, pp. 455-460.

⁷ IRVING, [3], p. 537. «The great diversity of projectile point manufacturing techniques present 10.000-12.000 years ago precluded any possibility of a first migration from Asia...» coming

Intentando explicar las dataciones cada vez más antiguas realizadas en las nuevas excavaciones sudamericanas, los defensores del modelo Clovis propusieron que las bandas de cazadores y recolectores habían avanzado con una rapidez extraordinaria por el territorio americano, a la vez que dudaban de la validez de los nuevos descubrimientos⁸. Mientras se confirmaban las nuevas dataciones, en especial las realizadas en Monte Verde, arqueólogos que usaban métodos tradicionales empezaron también a cuestionar las dataciones según el modelo Clovis. Stuart Fiedel criticó el uso de dataciones de carbono 14 para ese período al sugerir que las fechas del pleistoceno tardío de esos sitios se hallaban adelantadas, por razones climáticas, en unos 2.000 años. Mediante fechas provenientes de anillos de árboles, del análisis de núcleo de los sedimentos de masas de agua y de las capas de hielo de Groenlandia, Fiedel sugirió que «las comparaciones entre [esas] fechas de núcleos de hielo, fechas de radiocarbono y fechas de uranio-torio indican que hubo varios períodos en el pleistoceno tardío y el holoceno temprano en que proporciones anormalmente altas de [carbono 14] contrabalancearon efectivamente la tasa de descomposición radioactiva, de tal manera que las edades del radiocarbono parecen constantes a través de los siglos...»⁹. Se impone, por lo tanto, recurrir a otros esquemas de datación para evitar lo que este autor denomina «efecto plateau» en las dataciones de carbono 14. Esta rectificación retrotrae «las fechas iniciales de ocupación Clovis del suroeste hasta los años 13.350-13.500...»¹⁰. De esta manera, lenta pero imparable, las fechas de las migraciones iniciales resultaron ser anteriores a las previstas en el modelo Clovis.

A pesar de estos argumentos, el modelo de la cultura Clovis siguió siendo importante y fue prontamente asociado a tres hipótesis de migración propuestas por un lingüista histórico y dos antropólogos físicos. En un artículo central de 1986, Joseph Greenberg, Chrystie Turner y Stephen Zegura argumentaron que tres migraciones iniciales habían poblado el territorio americano y que cada una de ellas había dado origen a una de las actuales tres supuestas familias lingüísti-

anywhere less than 2 or 3 millennia before. Moreover, «...the variety of ecological adaptations already evident by 12.000 B.P., ranging from interior subarctic to coast-tropical...A also suggests the same conclusion.

⁸ Ver por ejemplo David G. ANDERSON y J. Christopher GILLAM, «Paleoindian Colonization of the Americas: Implications from an Examination of the Physiography, Demography and Artifact Distribution», *American Antiquity*, 65, núm.1, 2000, pp. 43-66; y Todd A. SUROVELL, «Early Paleoindian Women, Children, Mobility, Fertility», *American Antiquity*, 65, núm. 3, 2000, pp. 493-508.

⁹ Stuart J. FIEDEL, «Older Than We Thought: Implications of Corrected Dates for Paleoindians», *American Antiquity*, 64, núm.1, 1999, p. 99. «comparisons of [these] ice core dates, radiocarbon dates, and uranium-thorium dates indicate that there were several periods in the late Pleistocene and early Holocene when abnormally large ratios of [carbon-14] effectively counterbalanced the radioactive decay rate, such that radiocarbon ages appear to remain constant over centuries...»

¹⁰ *Ibidem*, p. 102: «may push initial Clovis occupation of the Southwest back to about 13.350-13.500 BP...»

cas de la población aborigen del Nuevo Mundo¹¹. Sobre la base de sus propias publicaciones, Greenberg sostuvo que las lenguas americanas podían agruparse en tres familias: Na-Dene (Athapaska, Tlingit y Haida, en la costa noroeste); Aleut-Esquimal; y una familia general llamada «Amerindia» que comprendería todo el resto de los lenguajes¹². Este modelo de tres familias podía, según Turner, fundamentarse también con evidencia dentaria de restos humanos prehistóricos que sugería tres migraciones separadas. Esta evidencia dentaria unía a los amerindios en una historia común y asociada a la de los grupos del noreste asiático, por completo distinta a la de las poblaciones del Viejo Mundo. Zegura, finalmente, sugirió en forma tentativa que la información genética también corroboraba este hipotético modelo de tres migraciones.

En las últimas dos décadas, genetistas y antropólogos físicos han retomado el debate sobre el poblamiento del continente americano y puesto en duda el modelo de las tres migraciones con la ayuda de material genético humano extraído por los arqueólogos o de los pobladores actuales del territorio americano. La mayoría de los estudios realizados hasta la fecha ha usado ADN mitocondrial (mtADN), una fuente abundante de material genético cuyo estudio está evolucionando rápidamente. Comparaciones de mtADN de diferentes poblaciones pueden revelar su grado de relación molecular y el tiempo aproximado transcurrido desde la divergencia molecular. Estos tiempos pueden, en teoría, estar correlacionados con las historias y las características de esas poblaciones. Los estudios en base a mtADN sólo pueden aplicarse a migraciones femeninas y su evolución, dado que la información se hereda por vía materna. En el territorio americano existen tanto sociedades patrilocales como matrilocales y, por lo tanto, los géneros han tenido varios grados de movilidad según la costumbre propia de cada tribu o sociedad. Estas diferencias de movilidad podrían haber tenido efectos significativos en el flujo genético dentro y entre las poblaciones. Por esta razón, estudios recientes han tratado de utilizar tanto el cromosoma Y que se hereda por vía paterna, como los marcadores genéticos autosómicos que se heredan por ambas vías, con el objetivo de estudiar los grados de relación y las historias de las diferentes poblaciones¹³.

Los análisis en base a mtADN han revelado que casi todos los nativos del continente americano pertenecen a cuatro linajes principales, identificados con

¹¹ Joseph H. GREENBERG, Christy G. TURNER II y Stephen L. ZEGURA, «The Settlement of the Americas: A Comparison of the Linguistic, Dental and Genetic Evidence», *Current Anthropology*, 27, núm.5, diciembre 1986, p. 477.

¹² *Ibidem*, p. 478.

¹³ Natalia R. MESA *et al*, «Autosomal, DNA, and Y-Chromosome Diversity in Amerinds: Pre- and Post-Columbian Patterns of Gene Flow in South America», *American Journal of Human Genetics*, 67, 2000, pp. 1277-1286; y L. B. JORDE *et al*, «The Distribution of Human Genetic Diversity: A Comparison of Mitochondrial, Autosomal, and Y-Chromosome Data», *American Journal of Human Genetics*, 66, 2000, pp. 979-988.

las letras A, B, C y D¹⁴. Estos linajes, o haplotipos (o haplogrupos), se definen por polimorfismos en longitud de los fragmentos de restricción y supresiones en la delección de pares de bases. Los cuatro haplotipos de los nativos del territorio americano muestran una estrecha similitud con el mtADN asiático¹⁵ y pueden rastrearse hasta un modelo de haplotipo ahora extinto y común a asiáticos y americanos¹⁶. Esta limitada diversidad genética se ha interpretado generalmente como el resultado de un efecto de cuello de botella por el cual los grupos asiáticos que cruzaron por Bering vieron limitada su propia diversidad genética.

Sobre la base de estudios del mtADN de las poblaciones nativas del continente americano, los científicos han llegado a conclusiones diferentes y a menudo contradictorias sobre la cantidad y la cronología de las migraciones desde Asia a América. Estudios realizados a mediados de los noventa por genetistas de primera línea, tales como L. L. Cavalli-Sforza y sus coautores de *The History and Geography of Human Genes*, así como el relevante resumen de investigaciones sobre mtADN por D.C. Walker, dieron fundamento al modelo de las tres migraciones de Greenberg¹⁷. Otros estudios, entre los que se cuentan los trabajos de Ward, Torroni y sus colegas, sugirieron que el continente americano fue poblado por dos migraciones amerindias separadas, seguidas por una migración Na-Dene¹⁸. Postulan una primera migración desde Asia central a través de Siberia y

¹⁴ T. G. SCHURR *et al.*, «Amerindian Mitochondrial DNA have Rare Asian Mutations», 613-622; S. HORAI *et al.*, «Peopling of the Americas Founder by Four Major Lineages of Mitochondrial DNA», *Molecular Biology and Evolution*, 10, 1993, pp. 23-47; Antonio TORRONI y D.C. WALLACE «DNA Haplogroups in Native Americans», *American Journal of Human Genetics*, 56, 1995, pp. 1234-1236.

¹⁵ G BAILLIET *et al.*, «Founder Mitochondrial Haplotypes in Amerindian Populations», *American Journal of Human Genetics*, 55, 1994, 27-33; y M. D. BROWN *et al.*, «DNA Haplogroup X: An Ancient Link Between Europe/Western Asia and North America?», *American Journal of Human Genetics*, 63, 1998, pp. 1852-1861.

¹⁶ A. TORRONI *et al.*, «Asian Affinities and Continental Radiation of the Four Founding Native American DNA», *American Journal of Human Genetics*, 53, 1993, pp. 563-590.

¹⁷ L.Luca CAVALLI-SFORZA, Paolo MENOZZI y Alberto PIAZZA, *The History and Geography of Human Genes*, Princeton, Princeton University Press, 1994, capítulo 6; y D.C. WALLACE «Mitochondrial DNA Variation in Human Evolution, Degenerative Disease, and Aging», *American Journal of Human Genetics*, 57, 1995, pp. 201-223.

¹⁸ Ver R. H. WARD *et al.*, «Genetic and Linguistic Differentiation in the Americas», *Proceedings of the National Academy of Science USA*, 90, 1993, pp. 10663-10667; A. TORRONI *et al.*, «Asian Affinities and Continental Radiation of the Four Founding Native American DNA», *American Journal of Human Genetics*, 53, 1993, pp. 563-590; y A. TORRONI *et al.*, «Native American Mitochondrial DNA Analysis Indicates that the Amerindian and the Nadene Populations were Founded by two Independent Migrations», *Genetics*, 130, 1992, pp. 153-162. Usando estudios de NDA, Shields y sus colegas agregaron un concepto nuevo a este modelo. Este equipo de investigadores agrupó los linajes de ADN de los Na-Dene, los Esquimales-Aleuts y los Chukchi de Siberia como «gente del círculo ártico» y concluyó que Na-Denes y Esquimales-Aleuts cruzaron juntos el puente terrestre de Bering durante una rápida radiación de esta «gente del círculo ártico» que ocurrió miles de años antes de la migración amerindia. G.F. SHIELDS *et al.*, «DNA Sequences Suggest a Recent Evolutionary Divergence for Beringian and Northern North American Popula-

el puente de tierra de Bering ocurrida entre 26.000 y 34.000 años atrás, integrada sólo por individuos de los haplotipos A, C y D. La segunda migración se originó en Asia y rodeó Siberia antes de cruzar Beringia (como se llama al puente de tierra entre Asia y Alaska en la literatura sobre el tema). Este grupo pertenecía solamente al haplotipo B y llegó al territorio americano entre 12.000 y 15.000 años atrás. Dentro del marco de este modelo, Torroni propuso en sus primeros artículos que la migración Na-Dene llegó de una sola vez entre 7.200 y 9.000 años atrás. Aunque el modelo de las tres migraciones fue posteriormente cuestionado por nuevos hallazgos, estos relevantes primeros estudios argumentaron junto con las nuevas escuelas de arqueología que las fechas de migración debían ser muy anteriores a lo que había sugerido previamente el paradigma Clovis. De acuerdo con estos descubrimientos genéticos, los grupos nativos del continente americano se separaron de sus ancestros del noreste asiático hace 25.000 o 35.000 años y emigraron hacia los 15.000 y 35.000 años¹⁹.

A pesar de haber suscrito inicialmente el modelo de las tres migraciones, la nueva información genética produjo teorías persuasivas sobre la llegada del ser humano al continente americano que terminaron por suplantarlos. Horai y sus colaboradores propusieron en 1993 que cada uno de los cuatro haplotipos principales habría cruzado Beringia e ingresado al territorio americano a través de una ola migratoria separada. Sin embargo, debido a la extensa distribución de los cuatro linajes por todo el continente, esta teoría de las cuatro migraciones ha sido ampliamente descartada en estudios más recientes²⁰. De la misma manera, la hipótesis de las tres migraciones de Greenberg fue rechazada hacia mediados de los noventa²¹, a medida que estudios posteriores basados en diferentes marcadores de mtADN y pruebas moleculares más avanzadas desmentían las fechas y las conclusiones de las tres migraciones.

Recientemente, muchos investigadores han concluido que los resultados de las secuencias de mtADN y la información de diversidad genética indican que el

tions», *American Journal of Human Genetics*, 53 (1993), pp. 549-562. Ver T. G. SCHURR *et al*, «Amerindian Mitochondrial DNA Have Rare Asian Mutations at High Frequencies, Suggesting they Derived from Four Primary Maternal Lineages», *American Journal of Human Genetics*, 46, 1990, pp. 613-622; y A. TORRONI *et al*, «Asian Affinities and Continental Radiation», A. TORRONI *et al*, «Native American Mitochondrial DNA Analysis» y A. TORRONI *et al*, «Mitochondrial DNA 'Clock' for the Amerinds [Chibcha] and its Implications for Timing their Entry into North America», *Proceedings of the National Academy of Science*, 91, 1994, pp. 1158-1162; R. H. WARD *et al*, «Extensive Mitochondrial Diversity within a Single Amerindian Tribe», *Proceedings of the National Academy of Science USA*, 88, 1991, pp. 8720-8724.

¹⁹ CAVALLI-SFORZA [17], p. 307.

²⁰ Anne C. STONE y Mark STONEKING, «DNA Analysis of a Prehistoric Oneota Population: Implications for the Peopling of the New World», *American Journal of Human Genetics*, 62, 1998, pp. 1153-1170.

²¹ David J. MELTZER, «Clocking the First Americans», *Annual Review of Anthropology*, 24, 1995, pp. 21-45.

Nuevo Mundo fue inicialmente poblado por un episodio migratorio único con radiaciones subsecuentes por todo el continente²². Mediante el cálculo de los tiempos de expansión del haplotipo A dentro de los grupos Na-Dene y Amerindio, los equipos de investigación de Bonatto-Salzano y Stone-Stoneking argumentan que los ancestros de estos dos grupos llegaron al Nuevo Mundo en la misma migración²³. Basándose en sus análisis del haplotipo A, estos investigadores estimaron la fecha de esta única migración entre 22.000 y 55.000 años atrás y entre 23.000 y 37.000 años atrás, respectivamente. Además, Silva y sus colegas concuerdan en que una única ola migratoria produjo el poblamiento del continente. Estos datos fundamentan una llegada más tardía, entre 18.600 y 23.000 años atrás²⁴. De acuerdo a estos modelos de migración única, es probable que durante esos lapsos un flujo constante de pequeños grupos haya cruzado Beringia y poblado el territorio americano en busca de comida y otros recursos. De la misma forma, los diferentes grupos culturales y lingüísticos habrían surgido a partir de la expansión y radiación de la población fundadora por América del Norte, América del Sur y Central²⁵.

Los científicos han empezado a estudiar también los patrones genéticos en la región que no se recombina del cromosoma Y heredado por vía paterna como una fuente adicional para complementar los descubrimientos relacionados con el mtADN heredado por vía materna. En las poblaciones nativas del territorio americano se han encontrado tres haplotipos relevantes del cromosoma Y: los haplotipos M3²⁶, RPS4Y-T²⁷ y DYS199-T²⁸. Diferentes puntos de vista relativos al origen, datación y cantidad de migraciones al Nuevo Mundo han aparecido ya en este área de investigación de rápido desarrollo. Las conclusiones a que han arribado varios equipos de investigadores indican que una única migración desde

²² D. A. MERRIWETHER *et al*, «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, 1995, pp. 411-430; P. FORSTER *et al*, «Origin and Evolution of Native American DNA Variation: A Reappraisal», *American Journal of Human Genetics*, 59, 1996, pp. 935-945; y Sandro L. BONATTO y Francisco M. SALZANO, «A Single and Early Migration for the Peopling of the Americas Supported by Mitochondrial DNA Sequence Data», *Proceedings of the National Academy of Science USA*, 94, 1997, pp. 1866-1871.

²³ BONATTO and SALZANO [22]; y STONE y STONEKING [20].

²⁴ Wilson A. SILVA *et al*, «Mitochondrial Genome Diversity of Native Americans Supports A Single Early Entry of Founder Populations into America», *American Journal of Human Genetics*, 71, 2002, pp. 187-192.

²⁵ STONE y STONEKING, [20].

²⁶ P.A. UNDERHILL, *et al*, «A pre-Columbian Y Chromosome-Specific Transition and its Implications for Human Evolutionary History», *Proceedings of the National Academy of Science USA*, 93, 1996, pp. 196-200.

²⁷ W. BERGEN *et al*, «An Asian-Native American Paternal Lineage Identified by RPS4Y Resequencing and Microsatellite HA plotting», *Annual Review of Human Genetics*, 63, 1999, pp. 63-80.

²⁸ A RUIZ-LINARES *et al*, «Microsatellites Provide Evidence for Y Chromosome Diversity Among the Founders of the New World», *Proceedings of the National Academy of Science USA*, 96, 1999, pp. 6312-6317.

Asia fue responsable por el poblamiento del continente americano y que las divisiones culturales y lingüísticas se produjeron después de esta primera colonización²⁹. Lell y sus coautores refutan esta conclusión y afirman que los humanos llegaron al territorio americano en dos migraciones provenientes de diferentes regiones de Siberia. De acuerdo a este argumento, la primer ola migratoria estaba integrada por inmigrantes de la región Chukotka en la parte sur de la Siberia media, quienes cruzaron el puente terrestre de Bering hace unos 20.000 ó 30.000 años. Estos precursores pertenecían a los linajes M3 y M45a del cromosoma Y y poblaron América del Norte, del Sur y Central. La segunda migración se produjo entre 7.000 y 9.500 años atrás y estaba integrada por inmigrantes de Kamchatka y de la cuenca del bajo río Amur en Siberia oriental. Este grupo de inmigrantes pertenecía a los linajes RPS4Y-T y M45b del cromosoma Y y se expandió por América del Norte y Central, conformando los grupos Na-Dene y amerindios del norte³⁰. Este modelo ya ha despertado polémicas en relación a la interpretación de la información del cromosoma Y para explicar las primeras migraciones al continente americano³¹. Estos asuntos podrán ser clarificados mediante estudios que analicen más loci autosómico y loci del cromosoma Y, incluyan un mayor número de muestras de las poblaciones Na-Dene y Esquimales-Aleut y comparen sus resultados con los descubrimientos ya existentes sobre el mtADN. A su vez,

²⁹ Sergio D.J. PENA, *et al*, «Identification of A Major Founder Y-Chromosome HA plotype in Amerindians», *Nature Genetics*, 11, 1995, pp. 15-16; Fabricio SANTOS, N.O. BINCHI y S. D. J. PENA, «Worldwide Distribution of Human Y-Chromosome Haplotypes», *Genome Research*, 6, 1996, pp. 601-611; Denise R. CARVALHO-SILVA *et al*, «The Phylogeography of Brazilian Y-Chromosome Lineages», *American Journal of Human Genetics*, 68, 2002, pp. 281-286; UNDERHILL *et al*, [26], y RUIZ-LINARES *et al*, [28].

³⁰ J. T. LELL *et al*, «The Dual Origin and Siberian Affinities of Native American Y Chromosomes», *American Journal of Human Genetics*, 70, 2000, pp. 192-206; y T. M. KARAFET *et al*, «Ancestral Asian Source(s) of New World Y-Chromosome Founder HA haplotypes», *American Journal of Human Genetics*, 64, 1999, pp. 817-831.

³¹ El debate ha estado liderado por dos académicos brasileños, Sandro L. BONATTO y Francisco M. SALZANO, [22], pp. 1866-1871; ver Wilson A. SILVA Jr. *et al*, «Mitochondrial Genome Diversity of Native Americans Supports A Single Entry of Founder Populations into America», *American Journal of Human Genetics*, 71, 2002, pp. 187-192; y Anne C. STONE y Mark STONEKING, [20]. Mediante evidencia de la distribución de los cromosomas Y, J.T. LELL y sus asociados han argumentado a favor de dos migraciones importantes de seres humanos primitivos. Ver J.T. LELL *et al*, «The Dual Origin and Siberian affinities of Native American Y Chromosomes», *American Journal of Human Genetics*, 70, 2002, pp. 192-206. Esta posición fue atacada por Eduardo TARAZONA-SANTOS y Fabricio R. SANTOS, «The Peopling of the Americas: Second Major Migration», *American Journal of Human Genetics*, 70, 2002, pp. 1377-1380; y defendida por LYLLE en el mismo volumen («A Reply to Tarazona-Santos and Santos», pp. 1380-1381). Finalmente, MAHLI y sus asociados han cuestionado recientemente la propa idea de definir el número de grupos fundadores, especialmente con el argumento de que unas pocas poblaciones nativas de América del Norte han sido completamente estudiadas en sus marcadores de DNA. Ripan S. MAHLI *et al*, «The Structure of Diversity within New World Mitochondrial DNA H» plogroups: Implications for the Prehistory of North America», *American Journal of Human Genetics*, 70, 2002, p. 906.

investigaciones recientes de genetistas estadounidenses dirigidas a dilucidar los orígenes de varios pueblos nativos del territorio norteamericano pueden también contribuir a resolver estas cuestiones³².

En los debates aún en curso se ha alcanzado paulatinamente un consenso en torno a un punto central. Cualquiera sean las variaciones internas, casi todos los estudios genéticos ubican el punto de separación entre las poblaciones asiáticas y los pueblos indígenas del continente americano hacia unos 25.000 años atrás, con un margen de error de unos pocos miles de años. Este consenso entre los genetistas ha desafiado a los arqueólogos, determinando el abandono de la fecha inicial de unos 12.000 años atrás. Más aún, ha requerido repensar el patrón de asentamientos en el continente, especialmente en la medida en que los sitios de temprano asentamiento en América del Sur han demostrado ser contemporáneos o más antiguos que los sitios Clovis de América del Norte.

Inicialmente, la mayoría de los investigadores asumió que los seres humanos se habían trasladado hacia el sur alrededor de 12.000 años atrás, cuando se abrieron las barreras continentales de hielo. De acuerdo a esta perspectiva, el rápido poblamiento de todo el continente sólo podría haberse logrado mediante un tipo de expansión «blitzkrieg» (de ataque fulminante) que ocurre con tasas anuales de crecimiento demográfico natural por encima del 3,5%. Estas tasas son extraordina-

³² Aparte de los trabajos citados anteriormente, ver Sandro L. BONATTO y Francisco M. SALZANO, «Diversity and age of the Four Major DNA H, plogroups, and their Implications for the Peopling of the New World», *American Journal of Human Genetics*, 61, 1997, pp. 1413-1423; A.S. GOICOECHEA *et al.*, «Genetic Relationship Between Amerindian Populations of Argentina», *American Journal of Physical Anthropology*, 115, 2001, pp. 1333-1343; Juliana ALVES-SILVA *et al.*, «The Ancestry of Brazilian DNA lineages», *American Journal of Human Genetics*, 67, 2000, pp. 444-461; Angélica GONZÁLEZ-OLIVIER *et al.*, «Founding Amerindian Mitochondrial DNA Lineages in Ancient Maya from Xcaret, Quintana Roo», *American Journal of Physical Anthropology*, 116, 2001, pp. 230-235; Federika A. KAESTLE y David GLENN-SMITH, «Ancient Mitochondrial DNA Evidence for Prehistoric Population Movement: The Numic [Western Nevada] Expansion», *American Journal of Physical Anthropology*, 115, 2001, pp. 1-12; C.J. KOLMAN y E. BERMINGHAM, «Mitochondrial and Nuclear DNA Diversity in the Chaco and Chibcha Amerinds of Panama», *Genetics*, 147, 1997, pp. 1289-1302; Natalia R. MESA *et al.*, «Autosomal, NDA, and Y-Chromosome Diversity in Amerinds: Pre and Post-Columbian Patterns of Gene Flow in South America», *American Journal of Human Genetics*, 67, 2000, pp. 1277-1286; Mauricio L. MORAGA, «Mitochondrial DNA Polymorphisms in Chilean Aboriginal Populations: Implications for Peopling of the Southern Cone of the Continent», *American Journal of Physical Anthropology*, 113, 2000, pp. 19-29; Pedro MORAL *et al.*, «Genetic Variability in the Guahibo Population from Venezuela», *American Journal of Human Biology*, 14, 2002, pp. 21-28; y C.J. KOLMAN, N. SAMBUUGHIN y E. BERMINGHAM, «Mitochondrial DNA Analysis of Mongolian Population and Implication for the Origin of New World Founders», *Genetics*, 142, 1996, pp. 1321-1334; y Hiroki OOTA *et al.*, «Extreme DNA Homogeneity in Continental Asian Population», *American Journal of Physical Anthropology*, 118, 2002, pp. 146-153. El cromosoma Y ha sido estudiado por Fabricio R. SANTOS *et al.*, «The Central Siberian Origin for Native American Y Chromosomes», *American Journal of Human Genetics*, 64, 1999, pp. 619-628; Eduardo TARAZONA-SANTOS *et al.*, «Genetic Differentiation in South Amerindians is Related to Environmental and Cultural Diversity: Evidence from the Y Chromosome», *American Journal of Human Genetics*, 68, 2001, pp. 1485-1496.

rias incluso de acuerdo a los estándares actuales. Tal modelo dependía en gran medida del viejo paradigma Clovis y de anticuadas estimaciones temporales. Modelos de simulación recientes han sugerido que el desplazamiento de seres humanos hacia el sur ocurrió seguramente con anterioridad a 12.000 años atrás bajo la forma de una migración costera «a saltos de rana», usando botes que permitieron evitar las barreras glaciales. Hay evidencia convincente en el sentido de que los humanos ya usaban embarcaciones hace unos 40.000 años, como se comprobó en el proceso de colonización de Australia. La migración costera en el territorio americano habría estado basada en la explotación de un rico entorno alimenticio proporcionado por los mamíferos marinos, la pesca y la recolección de mariscos. Además, el nivel de crecimiento demográfico anual de estos migrantes podría haber estado por debajo de 0,01%, cifra que habría permitido a estos pequeños racimos humanos mantener su diversidad genética en el nivel que se ha encontrado entre las poblaciones amerindias contemporáneas y del pasado³³.

De esta forma, el paradigma Clovis-Blitzkrieg no parece sostenerse ya en pie, así como tampoco se acepta ya el modelo de tres migraciones y tres familias de lenguajes de Greenberg. Aunque todavía no se ha llegado a un acuerdo acerca de la cantidad de olas migratorias, la datación exacta de estas migraciones fundadoras, ni el grado de coherencia y combinación de los grupos nativos del territorio americano, se ha logrado un cierto consenso que permite afirmar sin prevenciones el origen asiático de los primeros americanos y ubicar la migración inicial hacia territorio americano alrededor de unos 20.000 ó 30.000 años atrás. Sumándose a las críticas realizadas a los modelos originales lanzados por los genetistas y antropólogos físicos, los lingüistas también han rechazado ampliamente las tres familias de lenguajes postuladas por Greenberg. Estos investigadores han atacado especialmente la idea de una familia lingüística «amerindia» de alcance global como conceptualmente errada y carente de pruebas. Han argumentado también que, dado el estado actual del conocimiento, la reconstrucción lingüística no puede usarse para establecer la fechas o la cantidad de las migraciones hacia territorio americano³⁴.

Se ha demostrado igualmente que mucha de la evidencia física de huesos y dientes humanos resulta mucho menos clara de lo que se había creído originalmente³⁵, aunque una nueva escuela de antropólogos físicos ha empezado a su vez a cuestionar las conclusiones de los genetistas y arqueólogos a ese respecto. Algunos argumentan ahora que los restos craneanos y dentarios de antiguos seres humanos en territorio americano, especialmente los encontrados recientemente

³³ Alan G. FIX, «Colonization Models and Initial Genetic Diversity in the Americas», *Human Biology*, 74,1, Febrero 2002, pp. 1-10.

³⁴ Lyle CAMPBELL, *American Indian Languages: The Historical Linguistics of Native America*, New York, Oxford University Press, 1997, capítulo 3.

³⁵ Joseph F. POWELL y Walter A. NEVES, «Craniofacial Morphology of the First Americans: Pattern and Process in the Peopling of the New World», *Yearbook of Physical Anthropology*, 42, 1999, pp. 153-188.

en América del Sur, sugieren la posibilidad de una migración no siberiana.³⁶ Han encontrado que algunos de los huesos de los primeros colonizadores del continente eran morfológicamente distintos de las poblaciones del noreste asiático y de los recientes indígenas americanos. A pesar de las conclusiones de esta nueva escuela de antropología física, el consenso actual se mantiene entre la mayor parte de los equipos académicos en relación a que los humanos llegaron desde Asia a través de Beringia como *Homo sapiens sapiens* y que esto ocurrió al menos 15.000 años antes de lo que se pensaba anteriormente. Más aún, estos primeros migrantes incorporaron una gama mucho más amplia de estilos de recolección de comida de lo que tradicionalmente sugería el modelo Clovis. Finalmente, los enclaves costeros son vistos en la actualidad como la mayor fuente de recursos para las poblaciones que avanzaron «a saltos de rana» a través de las barreras glaciares en el poblamiento del continente americano. En base a la diversidad y abundancia de los argumentos presentados anteriormente, el debate en torno a la llegada del ser humano al territorio americano se abre como un campo claramente polémico y de rápida evolución que merece la atención de las comunidades de historiadores, antropólogos, arqueólogos y demás científicos.

Traducido al español por Vania Markarian

In the last twenty years, contributions furnished by Archeology, Physical Anthropology, Linguistics, and Genetics have dramatically subverted the study of the origins of man in America. For example, through dental pieces Physical Anthropologists have obtained specimens resistant to post-mortem alterations directly related to evolutionary changes in the populations. At the same time, the study of genetic frequencies and changing distributions of genetic markers in American indigenous populations have yielded new information on settlement patterns and migration, raising doubts about the archeological evidence of the earliest human migrations. The aim of this article is to offer an overview of this literature and the new questions aroused by it.

KEY WORDS: *Amerindians, origin, latest research, debates.*

³⁶ Ver Joseph F. POWELL y Walter A. NEVES, «Dental diversity of Early New World Populations: Taking A Bite out of the Tripartite Model», *American Journal of Physical Anthropology*, 105, 26, 1998, pp. 179-180; así como la vasta visión de conjunto en POWELL y NEVES, [35].