

*Revista de Bioarqueología "ARCHAEOBIOS" N° 12, Vol. 1
Año 2018, ISSN - 1996-5214*

ARCHAEOBIOS



www.arqueobios.org

REVISTA DE BIOARQUEOLOGÍA “ARCHAEOBIOS”

Nº 12 Vol. 1, Año 2018

DIRECTOR:

Víctor F. Vásquez Sánchez (ARQUEOBIOS, Trujillo-Perú)

COMITÉ EDITORIAL:

Teresa E. Rosales Tham (ARQUEOBIOS, Trujillo-Perú)
Gabriel Dorado Pérez (Universidad de Córdoba, España)
Eduardo Corona Martínez (INAH, Cuernavaca, Morelos-México)
Isabel Rey Fraile (Museo Nacional de Ciencias Naturales, Madrid, España)

DISEÑO Y DIAGRAMACIÓN:

Víctor F. Vásquez Sánchez (ARQUEOBIOS)

CARATULA:

Idea original: Víctor F. Vásquez Sánchez

Diseño electrónico: Mercy Castro Haro

INFORMACIÓN ADICIONAL:

Revista de Ciencias Aplicadas, Publicación Anual

Los artículos publicados en **ARCHAEOBIOS** son indizados o resumidos por:

- LATINDEX (Sistema Regional de Información en línea para Revistas Científicas de América Latina, el Caribe, España y Portugal)
- Google Scholar
- DIALNET (Universidad de Rioja, España)
- EBSCO Publishing (USA)
- CITEFACTOR (Directory of International Research Journals)
- CINECA (Comunidad científica italiana de supercomputación y herramientas de visualización científica)
- PROQUEST (Databases, EBooks and Technology for Research)

Derechos de Autor: los artículos firmados son de responsabilidad exclusiva de sus autores y no comprometen necesariamente el punto de vista de la revista. Reservados todos los derechos. Ni la totalidad, ni parte de esta revista puede reproducirse o transmitirse por ningún procedimiento electrónico o mecánico, incluyendo fotocopia, grabación y sistema de recuperación, sin permiso escrito del editor.

Patrocinadores: La publicación de la revista **ARCHAEOBIOS** es financiada por el Centro de Investigaciones Arqueobiológicas y Paleoecológicas Andinas.

Hecho el Depósito Legal en la Biblioteca Nacional del Perú Nº 2007-07279

Centro de Investigaciones Arqueobiológicas y Paleoecológicas Andinas
“ARQUEOBIOS”

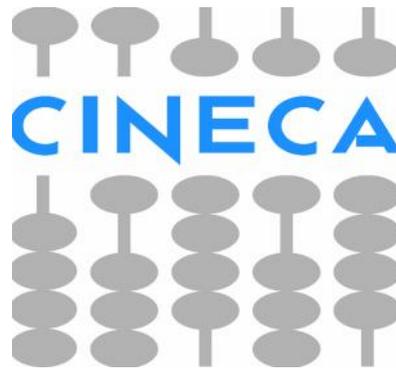
Apartado Postal 595, Trujillo, Perú

Teléfono: +51-44-949838067

URL: <http://www.arqueobios.org>

CARÁTULA: Tinajas de la época Chimú conteniendo *chicha* y acompañados con mazorcas de *Zea mays* “maíz” de proto-razas costeras, parecidas a Proto-Alazán.

LA REVISTA "ARCHAEOBIOS ESTA INDEXADA EN:



CiteFactor
Academic Scientific Journals



Dialnet



CONTENIDO

	<u>Páginas</u>
• INTRODUCCIÓN	1
• ARTÍCULOS DE INVESTIGACIÓN	
Prueba isotópicas, microscópicas y de artefactos de preparación y almacenamiento de chicha en Manchán, Casma	4
<i>Víctor F. Vásquez, Luis Valle Álvarez, Teresa E. Rosales, Isabel Rey Fraile y Gabriel Dorado</i>	
La utilización de recursos malacológicos en el período Arcaico: una perspectiva del sitio arqueológico Cruz Verde, Valle Chicama	18
<i>Kazuho Shoji</i>	
Explotación de camélidos durante las fases Mochica III y Mochica IV en el conjunto arquitectónico 35 del complejo arqueológico Huacas del Sol y de La Luna. Una aproximación osteométrica	38
<i>Phool Rojas Cusi</i>	
• ARTÍCULOS DE REVISIÓN	
Evolution from first hominids to modern humans: philosophy, bioarchaeology and biology – Review	69
<i>Gabriel Dorado, Fernando Luque, Plácido Pascual, Inmaculada Jiménez, Francisco Javier S. Sánchez-Cañete, Patricia Raya, Jesús Sáiz, Adela Sánchez, Teresa E. Rosales, Víctor F. Vásquez, Pilar Hernández</i>	
Evolución desde los primeros homínidos a los humanos modernos: filosofía, bioarqueología y biología – Revisión	83
<i>Gabriel Dorado, Fernando Luque, Plácido Pascual, Inmaculada Jiménez, Francisco Javier S. Sánchez-Cañete, Patricia Raya, Jesús Sáiz, Adela Sánchez, Teresa E. Rosales, Víctor F. Vásquez, Pilar Hernández</i>	
• FOTOGALERÍA DE BIOARQUEOLOGÍA	
Anatomía vascular de la madera de <i>Ochroma lagopus</i> Sw. “palo de balsa” utilizada por los pescadores Chimú de la costa norte del Perú	98
<i>Víctor F. Vásquez y Teresa E. Rosales</i>	
• LIBROS PUBLICADOS Y POLÍTICA EDITORIAL	100

Introducción

En el año 2007 tuvimos la idea de publicar un boletín electrónico referido a noticias relacionadas con bioarqueología, especialmente arqueozoología y arqueobotánica. Sin embargo fuimos más ambiciosos y decidimos hacer una revista que albergara artículos de investigación, con el apoyo de varios especialistas, entre ellos de México, España y Estados Unidos. Así comenzaría en diciembre de ese año la publicación ininterrumpida de nuestra revista durante 12 años. Cada año hemos publicado aportes importantes para el conocimiento de la bioarqueología, zooarqueología y arqueobotánica. Hemos justificado nuestras actividades con los diversos análisis que realizamos con colecciones de restos vegetales y fauna, con publicaciones de nuevos conocimientos y hemos recibido artículos de toda América Latina y otros países como Japón, Estados Unidos, Alemania, España y Canadá.

Cada año desde 2007, las investigaciones en bioarqueología, arqueozoología y arqueobotánica, han ido evolucionando a nivel mundial, con la aplicación de diversas técnicas de índole físico-químico (isótopos estables, cromatografía de gases, microscopía electrónica de barrido, fluorescencia de rayos X, entre las más utilizadas), análisis de ADN antiguo, utilizando las plataformas de última generación en secuenciación de los ácidos nucleicos antiguos, colecciones de colágeno de fragmentos de huesos no identificados a nivel arqueozoológico, con la finalidad de obtener su identidad con los perfiles de aminoácidos del colágeno, análisis microscópico de restos de almidones, fitolitos, diatomeas, tejidos de maderas, carbones etc. Este avance nos hace responsables de evolucionar en el contenido de nuestra revista y presentar en lo posible artículos donde se utilizan estas técnicas.

En este contexto, el contenido de este número, tiene como protagonista principal del uso de estas técnicas, el artículo sobre el análisis de sedimentos de tinajas de la época Chimú del sitio Manchán. La aplicación combinada de tres técnicas (microscopía de luz óptica, microscopía electrónica de barrido y análisis de isótopos estables) a los sedimentos de las tinajas y los artefactos asociados a ellas (como unas paletas de madera), nos permiten precisar científicamente, que en estas tinajas se preparó y almacenó por lo menos dos tipos de *chicha*, la bebida fermentada de origen prehispánico, que básicamente se preparaba con “maíz”, pero también con frutos de “molle” o vainas de “algarrobo”. El objetivo del artículo es demostrar que para indicar que las vasijas de un determinado contexto contienen *chicha*, hay que realizar estos análisis, y no indicarlo de manera empírica, como sucede con muchos arqueólogos en sus publicaciones llenas de supuestos, que al final no tienen valor científico y pasan a información empírica, típica de las ciencias sociales.

El siguiente artículo es de un joven candidato a doctorado de la Universidad Nacional de Postgrado para Estudios Avanzados de Osaka, Japón, quién viene realizando investigaciones desde el año 2016 en un sitio precerámico en el valle de Chicama, llamado Cruz Verde. Mediante una metodología combinada utilizando indicadores de abundancia taxonómica (NISP, NMI y Peso), biometría e índices de diversidad y equitabilidad, presenta los resultados de un análisis de una muestra de restos malacológicos. La

abundancia taxonómica y los índices de diversidad y equitabilidad, que son utilizados en investigaciones ecológicas, le ha permitido reconstruir las estrategias y presión de marisqueo que sucedió en el sitio en sus tres fases que están fechadas con C14. Los índices de diversidad y equitatividad, combinados con la biometría de tres especies, le proporcionan al artículo una visión nueva de cómo afrontar este tipo de análisis, para poder obtener información adecuada para la investigación interdisciplinaria de un sitio arqueológico.

Los restos de camélidos de sitios costeros prehispánicos, en este caso de la época moche, han sido afrontados en el pasado de manera general, e incluso se indicaba que estos restos eran producto de animales que eran traídos de la sierra, y no se aceptaba que hubiera crianza de estos herbívoros en ecosistemas costero, menos en tiempos prehispánicos. Un estudiante de postgrado de la maestría Latinoamericana que dictaron conjuntamente la Universidad de Rennes y la Universidad Nacional de Trujillo, presenta en su artículo sobre el estudio de restos de camélidos que proceden del emblemático sitio Huaca de la Luna, el uso de técnicas osteométricas, combinadas con estadística de multivariadas, que los restos no solamente eran de camélidos, como se afirmaba en el pasado con estos restos, sino que el análisis discriminante permitió identificar entre los restos, que habían existido en la época moche de Huaca de la Luna, las dos especies domésticas de camélidos, es decir la “llama” y la “alpaca”, indicando además las desventajas del método osteométrico obtenido con animales modernos y su aplicación a muestras arqueológicas extintas.

En la sección de artículos de revisión, tenemos la contribución recurrente del equipo del Dr. Dorado (Universidad de Córdoba, España), con un tema evolutivo del género humano, desde su aparición hasta la actualidad. El artículo transcurre desde el momento en que los primeros homínidos utilizan herramientas y el conocimiento que se ha obtenido sobre nuestra raza humana, con los avances de la tecnología, especialmente de la biología molecular, la cual ha permitido conocer que los cambios biológicos se debieron a la duplicación, reparación y conversión de genes homólogos, especialmente NOTCH2, el cual causó un efecto en el córtex cerebral y la consecuencia posterior de hacernos humanos. El artículo está en dos versiones, la primera está en inglés y la segunda en español, lo cual hace más plural la lectura de esta contribución.

Nuevamente presentamos nuestra sección de fotogalería en bioarqueología, en esta oportunidad dos imágenes obtenidas con microscopía electrónica de barrido de una madera que fue utilizada por los pobladores Chimú de la costa norte. Se trata del “palo de balsa” *Ochroma lagopus* Sw. que en repetidas oportunidades, los arqueólogos la mencionaban solamente como “palo de balsa” pero no se demostraba esa identidad. Las dos imágenes de esta sección fueron obtenidas de un flotador recuperados de la excavación en Manchán por Qetzal S.A.C., y comprueban la identidad de esta madera de manera científica, a lo cual deben ceñirse todos los estudios que se hagan en arqueología. Luego tenemos la sección de libros publicados de interés en

bioarqueología y nuestra política editorial como guía para los interesados en publicar en nuestra revista.

Finalmente hay que informar sobre el proyecto de Ley N°3112/2017-CR presentado por el congresista Armando Villanueva en el congreso peruano que pretende declarar de interés nacional la investigación de las momias “alienígenas” de Nazca. En resumen, un ciudadano cuyo nombre es Jaime Maussan y su equipo de “investigadores internacionales”, presentaron los restos de momias, que les denominaron “momias alienígenas”, para lo cual alteraron la morfología de una momia humana, superponiendo un cráneo de “llama” en lo que iba un cráneo humano, y en las manos, eliminaron varios metacarpianos y los reemplazaron con metacarpianos más alargados para así otorgarle el carácter alienígena. El fraude fue descubierto por expertos del Museo de Historia Natural de la UNMSM y de inmediato fue denunciado por una plataforma que defiende la verdadera ciencia en nuestro país (ver: <http://chnng.it/s9w8QtR4qh>).

Este caso es uno de los más impactantes donde los descubrimientos arqueológicos, en este caso fraudes, se combinan con la política. Pero hay más casos que deben ser investigados, donde arqueólogos que buscan la fama rápidamente con videos, publicaciones periodísticas, en varios casos avalados por autoridades universitarias, tienen confundidos al público y a los estudiantes de arqueología de nuestro medio, causando con esto un daño irreparable al conocimiento científico, donde la arqueología se ve afectada, siendo una de las disciplinas que utiliza a muchas ramas de las ciencias exactas. Por tanto NO a la *pseudociencia* que practican estos arqueólogos para su propio beneficio, y SI a la práctica honesta de las investigaciones, que estas si van a contribuir a consolidar buenos profesionales en todas las áreas de la ciencia.

La Dirección





ARTÍCULOS DE INVESTIGACIÓN

Pruebas isotópicas, microscópicas y de artefactos de preparación y almacenamiento de *chicha* en Manchán (Casma, Perú)

Víctor F. Vásquez¹, Luis Valle Álvarez², Teresa E. Rosales³, Isabel Rey Fraile⁴
y Gabriel Dorado⁵

¹Autor para correspondencia, Director del Centro de Investigaciones Arqueobiológicas y Paleoecológicas Andinas-“ARQUEOBIOS”, Apartado Postal 595, eMail: vivasa2401@yahoo.com, Trujillo-Perú; ²Director de QETZAL S.A.C., Jirón Diego de Almagro 545 Of. 224, Trujillo, eMail: lvallec@hotmail.com; ³Co-Director del Centro de Investigaciones Arqueobiológicas y Paleoecológicas Andinas-“ARQUEOBIOS”, Apartado Postal 595, eMail: teresa1905@hotmail.com, Trujillo-Perú, ⁴Laboratorio de Tejidos y ADN, Museo de Ciencias Naturales de Madrid, España, eMail: isabel.rey@csic.es, ⁵ Dep. Bioquímica y Biología Molecular, Campus Rabanales C6-1-E17, Campus de Excelencia Internacional Agroalimentario (ceiA3), Universidad de Córdoba, 14071 Córdoba (Spain), eMail: bb1dopeg@uco.es

Resumen

Se presentan los resultados de los análisis microscópicos e isotópicos de los sedimentos de ocho muestras de tinajas que proceden del sitio chimú, Manchán (900-1470 años d.C.) de Perú, excavado en el año 2016 por la empresa Qetzal S.A.C. Los análisis microscópicos revelaron la presencia de una alta cantidad de granos de almidón maíz (*Zea mays*). Curiosamente algunos mostraron huellas de fermentación alcohólica. Los análisis isotópicos de estos sedimentos, conteniendo almidones de maíz, mostraron en seis muestras valores con señales isotópicas de plantas C4 (como el maíz), este cereal sirvió como materia prima para la preparación de la *-chicha-* en este sitio. Sin embargo, una muestra proporcionó valores con señal isotópica de plantas C3, posiblemente de piru (*Schinus molle*) o algarrobo (*Prosopis pallida*) lo que indicaría que en este sitio se preparaban dos tipos de dicha bebida alcohólica, siendo la basada en maíz la más común.

Palabras clave: chicha, maíz, fermentación, isótopos, Manchán, Perú.

Abstract

Chimú site at Manchán (900-1470 AD) of Perú was excavated in 2016 by Quetzal S.A.C company. Sediments of eight jar samples from it were analyzed. Microscopic inspections revealed a large amount of corn starch-grains from maize (*Zea mays*). Interestingly, some had signs of alcoholic fermentation. On the other hand, isotopic analyses of six samples of sediments containing corn starch showed values corresponding to C4 plants, as maize is. Thus, this cereal was used as raw material for preparation of *chicha* in this site. Yet, one sample showed isotopic results of C3 plants. Probably that corresponds to Peruvian pepper (*Schinus molle*) or algarrobo (*Prosopis pallida*). Therefore, at least two kinds of this alcoholic beverage were prepared in this site, being corn-based one the most common.

Key words: chicha, corn, fermentation, isotopes, Manchán, Perú.

Introducción

La *chicha* es una bebida alcohólica peruana fabricada generalmente a base de semillas germinadas de maíz (*Zea mays*), aunque hay indicios de que también fue elaborada con frutos de piru (*Schinus molle*) (Goldstein y Coleman, 2004). Estos corresponden a pruebas de yacimientos de la costa peruana. Entre ellos se encuentran vasijas, donde supuestamente se elaboraba y almacenaba. Se han encontrado residuos (restos de semillas denominados *afrecho*), corontas y recipientes de mate (*Lagenaria siceraria*) en contextos adecuados que involucran patios y cocinas, como es el caso que reporta Moore (1989) para el sitio Manchán.

En otros yacimientos mochicas y chimú, hay pruebas de artefactos utilizados en su elaboración y almacenamiento. Estos incluyen grandes tinajas con huellas de fuego, batanes, y también residuos arqueobotánicos de la materia prima. Sin embargo, nunca antes se han publicado análisis de su posible uso en fermentación de bebidas alcohólicas. Entre ellos se encuentran estudios microscópicos de los sedimentos de estas vasijas, para comprobar la posible presencia de almidones de maíz con huellas de fermentación. Así lo han demostrado Arriaza et al (2015), para los sedimentos de *queros* de madera del norte de Chile. Asimismo, estudios isotópicos que confirmen la presencia de la firma isotópica del maíz (planta C4) con la que se fabricó la bebida.

Existen publicaciones con afirmaciones al respecto, pero sin base científica. Así no se ha demostrado hasta la fecha que los artefactos recuperados fueran utilizados para la elaboración y preparación de esta bebida alcohólica, por ejemplo, Shimada (2011) y Castillo (2005).

En el año 2016, la empresa Qetzal S.A.C. realizó excavaciones en Manchán (Figura 1), como parte del "Proyecto de rescate arqueológico parcial del sitio Manchán identificado en el evitamiento Casma, distrito y provincia de Casma, departamento de Ancash", realizado a solicitud de la empresa Autopista del Norte S.A.C. Se trataba de un requerimiento legal para cumplir con la ejecución de la Autopista Pativilca-Salaverry (356,21 km) de la Red Vial N° 4.

Como producto de estas excavaciones, se recuperaron numerosas pruebas de restos orgánicos (fauna, vegetales y entierros humanos). Otros artefactos incluyeron 23 tinajas, 12 de ellas con indicios de haber sido utilizadas en la elaboración y almacenamiento de chicha.

Se han usado los sedimentos contenidos en los restos cerámicos, teniendo en cuenta su contexto arqueológico. Los objetivos de esta investigación fueron realizar estudios microscópicos e isotópicos de los mismos. Se trata de aislar e identificar granos de almidón de maíz con huellas de fermentación. Asimismo, realizar estudios isotópicos para comprobar si la materia prima utilizada era una planta C4 (maíz, en este caso) o C3 (piru o algarrobo). De este modo se puede determinar si las tinajas sirvieron para preparar o almacenar esta bebida, considerando además que los artefactos y

contexto pueden ser pruebas indirectas de la preparación y almacenamiento de chicha.

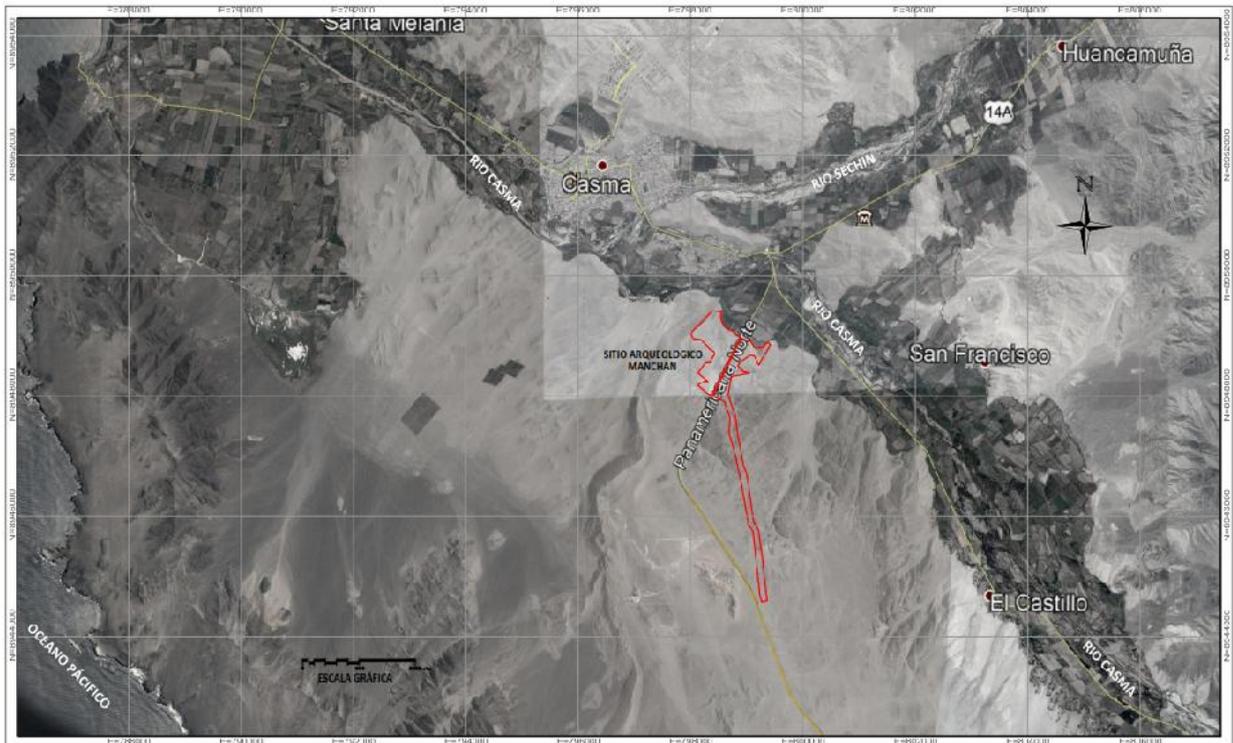


Figura 1. Mapa del sitio arqueológico. Plano de ubicación en Manchán (Fuente: Qetzal S.A.C. 2016)

Ubicación y descripción del área intervenida

Manchán, se sitúa en el distrito y provincia de Casma, departamento de Ancash, a la altura del km 371+200 al km 372+400 de la carretera Panamericana Norte, a 360 km al sur de la ciudad de Lima y a 3 km al norte de la ciudad de Casma. La ejecución del proyecto de rescate arqueológico, se realizó en un área total de 17,462.59 m², la cual se dividió en dos sectores A y B, de 11,002.86 m² y 6,459.73 m², respectivamente, a su vez cada sector se subdividió en 22 unidades, enumeradas de norte a sur con números romanos del I al XXII y éstas a su vez en cuadrículas de 5 m por 5 m.

Manchán está conformado por nueve conjuntos arquitectónicos de adobe. Las construcciones edificadas al este, pertenecen a la sociedad Casma y las construcciones que están hacia el oeste, mayormente al Estado Chimú. Posteriormente Manchán fue conquistado por los Incas, prueba de ello ha quedado su influencia en su arquitectura por todo el valle. Investigaciones intensivas en este sitio arqueológico nos seguirán dando luces sobre la vida de estas importantes sociedades.

Materiales y métodos

Muestras

Se hicieron análisis de los sedimentos de ocho tinajas: microscópicos de ocho e isotópicos de siete tinajas (Tabla 1 y Figura 2).

Tabla 1. Muestras de tinajas de Manchán, Sector B. Se muestra la procedencia de las muestras sometidas a análisis isotópicos y microscópicos.

MUESTRAS DE SEDIMENTOS DE TINAJAS CHIMÚ DE MANCHÁN: SECTOR B			
Nº Laboratorio	Nº Código	Unidad	Tipo de Análisis
2	5891	VIII	Isotópico y Microscópico
5	4923	VIII	Isotópico y Microscópico
7	5008	VIII	Isotópico y Microscópico
8	5604	VI	Isotópico y Microscópico
9	5548	II	Isotópico y Microscópico
10	5901	VIII	Isotópico y Microscópico
13	6286	IX	Isotópico y Microscópico
15	5830	II	Microscópico

Además, se aislaron los sedimentos de la parte activa de dos paletas de madera asociadas a los contextos donde aparecieron las tinajas, para análisis microscópico y comprobar la presencia de almidones. Se trata de los artefactos que se utilizaron posiblemente para la preparación de chicha, a los cuales también se le hizo un estudio histológico para conocer de qué madera se fabricaron dichas paletas.



Figura 2. Tinajas. (Izquierda) Tinaja recién desenterrada en el sector B de Manchán, (Derecha) Interior de otra tinaja mostrando el sedimento blanco que contenía almidones de maíz con huellas de fermentación.

Análisis microscópicos: almidones

Se estudiaron los restos de almidones adheridos a sedimentos de ocho tinajas de cerámica, que procedían de las excavaciones en Manchán. Los

análisis microscópicos y registros microfotográficos se realizaron en el Laboratorio del Centro de Investigaciones Arqueobiológicas y Paleoecológicas Andinas "ARQUEOBIOS". Se utilizó para el análisis comparativo una colección de láminas con montaje de granos de almidón de especies modernas de cultivos de raíces, incluyendo tuberosas, cereales y leguminosas andinas nativas. Así mismo, se usaron claves taxonómicas y trabajos relacionados (Reichert, 1913; Guevara, 1973, Loy, 1990; Piperno, 2006; Torrence y Barton, 2006 y Zarrillo et al, 2008). También se utilizó material comparativo, como son almidones de maíz que previamente fueron sometidos a fermentación. En este caso, se usaron sedimentos de vasijas modernas que contenían chicha. Se emplearon las descripciones que ofrecen Arriaza et al, (2015).

Se esterilizó todo el material de laboratorio implicado en estos análisis, para evitar posibles contaminaciones cruzadas. Estas precauciones se mantuvieron hasta el final del análisis de todas las muestras. Se realizó una observación panorámica bajo un microscopio estereoscópico a una magnificación de 20X. Se visualizaron los sedimentos de las vasijas, que fueron aislados con un bisturí. Los residuos que contenían granos de almidón aparecían generalmente luego de remover la capa negra externa. Esta se formó durante la historia tafonómica por reacciones de oxidación, etc. Generalmente se trata de sedimentos de color marrón amarillento o claro.

Posteriormente se tomó una pequeña muestra del sedimento marrón amarillento de las ocho vasijas. El material se resuspendió en ocho ml de agua destilada en tubos Eppendorf de 10 ml. De cada tubo se tomó una alícuota de 0,5 ml la cual fue colocada en una luna portaobjetos. Se añadió una gota de solución salina fisiológica al 5% y glicerina (v/v) previamente esterilizadas. De este modo se trató de no alterar la morfología de las estructuras microscópicas presentes en la muestra. Posteriormente, se hicieron observaciones a 400X. Así se identificaron las estructuras microscópicas de los granos de almidón. Se registraron datos básicos morfológicos, tales como forma, posición del *hilum*, facetas y patrones de fisuras.

También se empleó microscopía de luz polarizada. Los granos de almidón muestran así una figura de interferencia en forma de "cruz" (cruz de Malta). Ello es el resultado de la doble refracción de la luz a través de las estructuras laminares cilíndricas o esféricas que presentan los granos del almidón. El punto de la intersección de las dos partes de la cruz corresponde generalmente a la posición del *hilum*. Este es una abertura o sección transversal del tubo o pasaje hacia el interior del grano, la materia amilácea, forma la lámina interna que traspasa. Por tanto, este análisis se usa para comprobar la presencia de almidón.

Se tomaron medidas de los granos de almidón identificados y de aquellos sin identificar dañados. Para ello se empleó un dispositivo o retículo de medición calibrado en micras, que fue acoplado al ocular del microscopio. Se registra en las medidas el largo (L) y ancho (A) máximos de cada grano de almidón. Los granos de almidón identificados y caracterizados fueron registrados con una cámara digital Sony Cyber-shot DSC-W200 de 12,1 megapíxeles. Las imágenes fueron otra vez analizadas en una computadora.

Todos los datos obtenidos fueron ingresados en una hoja de cálculo Excel 2019 para su procesamiento. Las muestras que contenían una gran cantidad de granos de almidón de maíz con huellas de fermentación fueron separadas para los análisis isotópicos.

Análisis isotópicos: plantas C3 y C4

Se analizaron muestras con buena cantidad de granos de almidón y con huellas de fermentación. Para ello fueron enviadas al Laboratorio de Isótopos Estables del Servicio Interdepartamental de Investigación (SIdI) de la Universidad Autónoma de Madrid (España). Se cuantificó el de ^{13}C , a fin de conocer el tipo de planta (C3 o C4) de la que procedían. Un total de siete muestras fueron escogidas para análisis isotópicos (Tabla 1). Los sedimentos de estas muestras fueron tamizados para eliminar la tierra. Se añadieron 25 ml de agua destilada en una placa de Petri de vidrio. Posteriormente se secaron a 60 °C hasta que no quedó líquido. Los resultados secos fueron triturados entonces con un mortero y se obtuvo un polvo fino. Una sub-muestra de 2 mg del residuo fue quemada en un analizador elemental (modelo 1108, de Carlo Erba (Milán, Italia), conectado a un espectrómetro de masas de relación de isótopo conectado a un espectrómetro de masas de relación de isótopos (IRMS, del inglés Isotope-Ratio Mass Spectrometer), Delta S de Finnigan MAT (Bremen, Alemania). El dióxido de carbono (CO_2) resultante fue analizado para ^{13}C en el IRMS, a través de flujo entre los instrumentos.

Todas las muestras se analizaron según la estabilidad de la relación de isótopos para la investigación ecológica, de la Universidad de Utah. La relación isotópica (^{13}C) es reportada así:

$$^{13}\text{C} = (R_{\text{muestra}}/R_{\text{standard}} - 1) \times 1000$$

Donde R_{muestra} y R_{standard} son la proporción $^{13}\text{C}/^{12}\text{C}$ de la muestra y el estándar ("Pee Dee Belemnite limestone"), respectivamente. La precisión de las mediciones de isótopos de carbono orgánico fue (del 0,11‰).

Como muestras control se usaron sedimentos deshidratados de chicha de maíz (planta C4) y de quinua (*Chenopodium quinoa*; planta C3) modernas.

Análisis histológico de paletas

Las muestras lo conforman dos *paletas* de madera (Figura 3), éstas se registran para el sector B, unidad II, cuadrícula 13B, capa E, hallazgo 5. La primera, tiene una longitud de 1,25 metros (m), un ancho de 12,80 centímetros (cm) y un peso de 1162 gramos (g). La segunda, tiene una longitud de 97 centímetros (cm), un ancho de 13,70 centímetros (cm) y un peso de 952 gramos (g). La forma de ambos artefactos es alargada, un extremo termina en punta y el otro en forma de paleta, configuración adecuada para mover un líquido (en este caso posiblemente chicha).

Una porción de 2 cm extraída de la parte del mango, fueron tratados de la siguiente manera cuando estuvieron en el laboratorio:

- a.- Cada muestra fue tratada individualmente y limpiada con aire comprimido para eliminar polvo e impurezas, y dejarla limpia para el siguiente paso.
- b.- La muestra limpia, fue observada bajo un microscopio estereoscopio a aumentos de 10X, 30X y 50X, con la finalidad de identificar los planos transversal y longitudinal de la muestra, que nos permita hacer los alisados respectivos con hojas de bisturí y navajas especiales para este tipo de cortes
- c.- Obtenidas todas las características de ambos planos, se cotejó con claves taxonómicas dicotómicas para árboles de la costa norte del Perú en la página web <http://insidewood.lib.ncsu.edu> y la colección comparativa de láminas montadas con tejidos de maderas de los árboles nativos cultivados y silvestres de la costa norte del Perú propiedad del laboratorio del Centro de Investigaciones Arqueobiológicas y Paleoecológicas Andinas-“ARQUEOBIOS”, para lograr la identificación taxonómica de las muestras.
- d.- Las muestras previas a la identificación taxonómica, fueron analizadas mediante microscopía electrónica de barrido (MEB), en los laboratorios del Museo Nacional de Ciencias de Madrid, España. Las capturas de las imágenes fueron analizadas para finalizar la identificación taxonómica de ambas muestras.



Figura 3. Paletas analizadas. Se trata de artefactos arqueológicos que presentaron granos de almidón de maíz en su extremo activo.

Resultados

Análisis microscópicos: granos almidón de maíz

Tabla 2. Análisis de almidón en tinajas. Los granos de almidón de maíz presentaron huellas de fermentación en cinco tinajas recuperadas en Manchán.

GRANOS DE ALMIDÓN EN MATERIAL CERÁMICO			
Procedencia	Taxa identificado	Medidas L x A (µ)	Observaciones
Código 6286	<i>Zea mays</i>	14,3 x 14,3	Esférico con huellas de fermentación
Código 5830	<i>Zea mays</i>	15,6 x 15,6	Esférico con huellas de fermentación
Código 5901	<i>Zea mays</i>	18,2 x 18,2	Esférico con huellas de fermentación
Código 5548	<i>Zea mays</i>	18,2 x 18,2	Esférico con huellas de fermentación
Código 5008	<i>Zea mays</i>	15,6 x 13	Esférico con huellas de fermentación

Las cinco tinajas cuya procedencia está asociada a los códigos respectivos que se aprecian en la tabla 2, presentaron pruebas de almidones de maíz con huellas de fermentación cuyas descripciones coinciden con las de Arriaza et al, (2015) y las muestras de referencia de sedimentos de chicha moderna que fue colectada también para los análisis isotópicos. Una de las características en común que presentaron estos almidones con huellas de fermentación es que todas son de almidones esféricos, lo cual explicaremos más adelante.

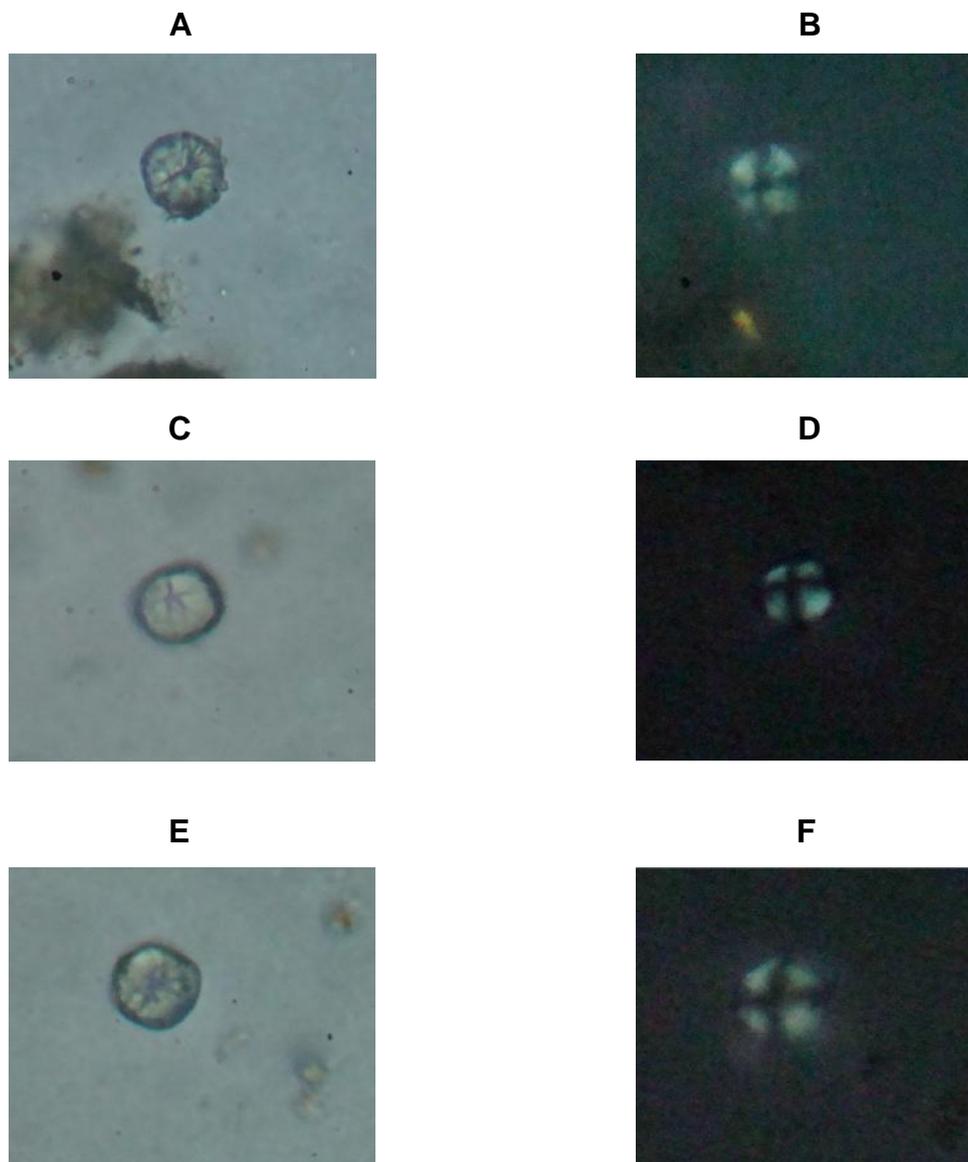


Figura 4. Microscopía óptica de granos de almidón de maíz del Sector B. (A) Fotografía tomada con luz simple a 400X aumentos de grano de almidón, código 6286 de la unidad IX. Mide 14,3 micras de largo por 14,3 micras de ancho, presentando huellas de fermentación en su capa exterior. (B) El mismo grano anterior fotografiado con luz polarizada a 400X aumentos. (C) Igual que A pero código 5830 de la unidad II, mide 15,6 micras de largo por 15,6 micras de ancho, con huellas de fermentación en su capa exterior. (D) El mismo grano anterior como en B. (E) Igual que C, pero Código 5548, de 18,2 micras de largo por 18,2 micras de ancho. (F) El mismo grano anterior como en B.

Análisis Isotópicos: C3 y C4

En la Tabla 3, se muestran los valores isotópicos de tres muestras de sedimentos de chicha moderna. Fueron obtenidas de un muestreo realizado entre agosto y octubre de 2016. Los valores isotópicos corresponden con la firma isotópica de maíz, que es una planta C4. Ello contradice lo indicado por el suministrador de la muestra 1 que indicó que la chicha fue preparada en base a "quinua", ya que se trata de una planta con firma isotópica tipo C3 (-25.6‰).

Tabla 3. Valores isotópicos de chicha moderna. Corresponden a muestras recolectadas en la campaña de Moche (Trujillo-Perú)

MUESTRAS DE SEDIMENTOS DE CHICHA MODERNA			$\delta^{13}\text{C}_{\text{VPDB}}$
Nº Muestra	Tipo de Sedimento	Procedencia	
1	Chicha de quinua	Chichería de Francisco Asmat Campaña de Moche - Trujillo Fecha: 30-08-16	-12.55
2	Chicha de puro maíz	Chichería de Francisco Asmat Campaña de Moche - Trujillo Fecha: Octubre 2016	-13.08
3	Chicha de maíz	Chichería de Huaca Chica Campaña de Moche - Trujillo Fecha: Agosto 2016	-12.15

Seis muestras de sedimentos de las tinajas arqueológicas tuvieron firma isotópica de plantas C4. Ello coincide con la prueba microscópica de granos de almidón de maíz con huellas de fermentación. Pero una muestra (código 5604) mostró firma isotópica de planta C3. Ello implicaría que en esta tinaja se almacenó chicha u otra bebida posiblemente elaborada con algarrobo (*Prosopis pallida*) o piru (*Schinus molle*). Ambas plantas de metabolismo C3, y crecen en la costa peruana, como se discute más adelante.

Tabla 4. Valores isotópicos de sedimentos en tinajas. Se trata de siete muestras con indicios de contenido de chicha de Manchán.

MUESTRAS DE SEDIMENTOS DE VASIJAS CHIMÚ DE MANCHÁN: SECTOR B					
Nº Laboratorio	Código	Unidad	Ref. Muestra	$\delta^{13}\text{C}_{\text{VPDB}}$	Comentario
2	5891	VII	2	-15,32	Planta C4
5	4923	VII	5	-14,76	Planta C4
7	5008	VII	7	-13,80	Planta C4
8	5604	VII	8	-22,23	Planta C3
9	5548	II	9	-13,58	Planta C4
10	5901	VII	10	-14,38	Planta C4
13	6286	IX	13	-14,96	Planta C4

Histología de las paletas

Se realizó análisis de microscopía electrónica de barrido (MEB) de las dos paletas recuperadas de los contextos de Manchán. Sus características anatómico vasculares se observan en la Figura 5. Ello indica que se fabricaron con madera de “algarrobo” (*Prosopis pallida*). Se trata de un árbol muy común que conforma los bosques de algarrobales, muy comunes en los valles de la costa peruana, justo en el ecosistema donde se asienta Manchán. La madera de este árbol es muy utilizada para la fabricación de herramientas, construcción y ornamentos.

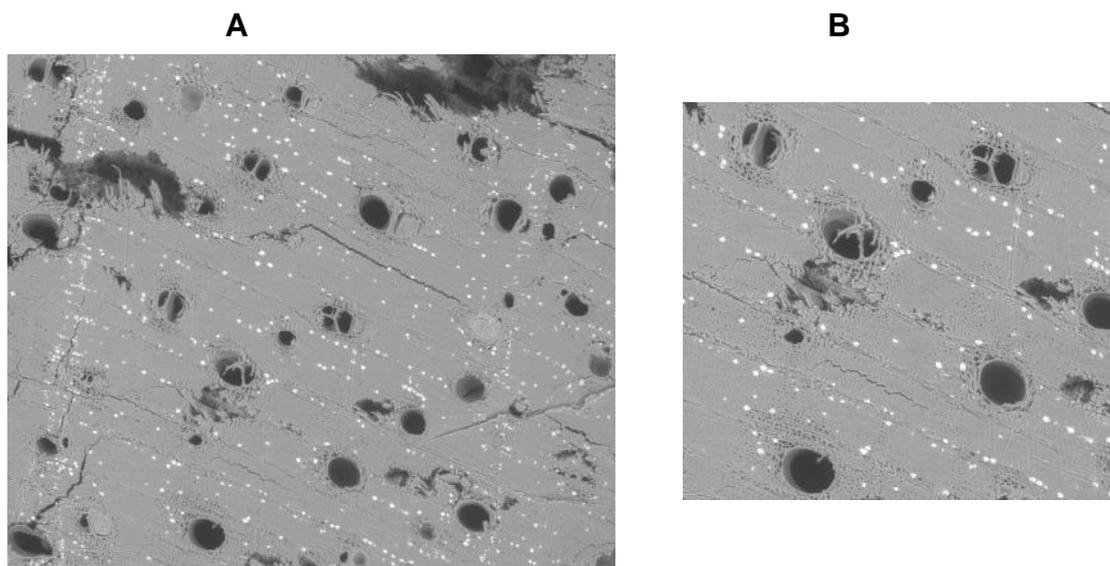


Figura 5. Análisis histológico de la madera de las paletas. (A) sección transversal de la madera de la paleta 2 mostrando el parénquima paratraqueal confluyente grueso, captura con MEB a 100X **(B)** sección transversal aumentada, mostrando parénquima paratraqueal vasicéntrico grueso, poros solitarios y múltiples cortos, vacíos u ocluidos a veces orientados con tendencia oblicua con respecto a los radios, captura con MEB a 150X.

Discusión

Los datos disponibles sobre la chicha arqueológica se basan en múltiples líneas de investigación. Estas incluyen materiales excavados y características de los recipientes para beber o almacenar dicha bebida alcohólica. Sitios de banquetes, o donde se realizaba la libación de esta bebida, iconografía, residuos, programas experimentales y recolección de información etnográfica (Hayashida, 2008).

Sin embargo, no se han realizado previamente estudios específicos relacionados con la aplicación de técnicas microscópicas y químicas, a materiales arqueológicos vasijas, residuos y posibles artefactos relacionados con la preparación y almacenamiento de esta bebida, específicamente para sitios mochicas y chimú. Únicamente se ha mencionado antes que estén relacionados con la chicha. Lo más relevante han sido dónde se reportan estas

evidencias, indicándose únicamente que están relacionados con la *chicha*, lo más resaltante los hallazgos en San José de Moro (Castillo, 2005), donde no se realizó ningún estudio especializado.

Existe un primer reporte sobre pruebas indirectas de preparación y almacenamiento de *chicha* en el sitio Manchán. Este trabajo fue dirigido a considerar los procesos técnicos y el contexto social de la preparación de esta bebida. Se apoyó en datos etnohistóricos y etnográficos, aunque menciona las pruebas arqueobotánicas de su preparación (Moore, 1989).

Se ha realizado un estudio microscópico sobre sedimentos de *queros* de madera que cronológicamente están relacionados con el horizonte inca del norte de Chile. Muestran presencia de almidones de maíz, en 15 *queros*, algunos de los cuales tienen señales de fermentación. Ello está de acuerdo con lo observado en el presente estudio Figuras 4A, 4C y 4E. Los autores hicieron un programa experimental sobre los almidones de maíz modernos. El objetivo fue discriminar las formas de almidones sometidos a tostado, hervido y fermentado (Arriaza et al, 2015).

Además de almidones de maíz, identificaron granos de almidón de frijol (*Phaseolus vulgaris*), pallar (*Phaseolus lunatus*) y yuca (*Manihot esculenta*) en los sedimentos de los *queros*. Ello indica que estos tres vegetales cultivados fueron probablemente procesados e incorporados en la forma de harinas a la *chicha*. En tal caso, existirían variantes regionales en el proceso de elaboración de la *chicha* (Arriaza et al, 2015).

El análisis arqueobotánico realizado sobre las mazorcas de maíz de Manchán estudiadas indica que se trata de razas costeras, con 10 a 12 hileras rectas, endospermo harinoso. Debieron ser las que fueron utilizadas en la preparación de la *chicha* en este sitio (Vásquez y Rosales, 2017).

Los únicos almidones reportados en el presente estudio microscópico, fueron de maíz. Curiosamente, y aunque la mayoría de los granos nativos de almidón tenían forma poliédrica, los que fueron sometidos a fermentación eran de forma esférica. Ello indicaría que las variedades de maíz utilizadas en la época Chimú, serían Alazán y Pagaladroga. Estas presentan endospermo harinoso, con granos de almidón esféricos. Debieron evolucionar a partir de las variedades Proto-Alazán y Proto-Pagaladroga, respectivamente. Estas últimas fueron las razas primigenias que se han encontrado partir del horizonte medio, en la costa norte del Perú (Grobman et al, 1961).

Tampoco existe ninguna publicación previa sobre isótopos estables de *chicha* en sitios mochica y chimú de la costa norte del Perú. Sin embargo hay un estudio químico y microscópico para pruebas de residuos orgánicos en cerámica de Catamarca en Argentina. El análisis microscópico de los sedimentos del interior de dichas vasijas reveló almidón de maíz, frijol y algarrobo. Ello fue interpretado como una mezcla de vegetales ingredientes en la preparación de *chicha* en este sitio. Por otro lado, los estudios isotópicos de este material mostraron la presencia de dos tipos de *chicha*. Uno fue fabricado con maíz y otro con algarrobo (Lantos et al, 2015).

Este trabajo ha mostrado algunos hechos interesantes. Así la muestra 1 de sedimento de chicha moderna fabricada con “quinua”, presentó un valor isotópico de -12.55‰ (Tabla 3). Pero ello correspondería a firma isotópica de planta C4 en vez de la esperada de -25.6‰ , para dicha especie. Curiosamente el color y el sabor de esta muestra era diferente del de las preparadas con maíz. Una posible explicación de este resultado discordante, sería que esta bebida alcohólica fue fabricada con quinua, pero habría sido endulzada con azúcar de caña (*Saccharum officinarum*) que es una planta C4. Lógicamente, ello implicaría una cantidad suficiente de esta última, de modo que su firma isotópica predominará sobre la de la quinua. En cualquier caso este detalle debe alertar para tener cuidado en la interpretación de los valores isotópicos de las muestras arqueológicas. Las muestras 2 y 3, proporcionaron valores isotópicos de -13.08‰ y -12.15‰ respectivamente, es decir de plantas tipo C4. Ello conformó lo expresado por los suministradores de las muestras, en relación a que habían sido preparadas solo con maíz (Tabla 3).

Siete muestras arqueológicas mostraron valores isotópicos que fluctúan entre -13.58‰ y -15.32‰ , correspondientes a firmas isotópicas asociadas a plantas C4. De hecho, también se identificaron numerosos granos de almidón de maíz, en tales muestras. Además algunos de ellos se presentaban con huellas de fermentación. Sin embargo, la muestra con código 5604 mostró un valor isotópico de -22.23‰ , correspondiente a planta C3 (Tabla 4). Estos valores indican que en Manchán se habrían preparado dos tipos de chicha. Una con maíz y otra con una planta de tipo C3, que podría ser algarrobo o piru. Dichas plantas tienen valores isotópicos promedio de -28‰ y -22‰ respectivamente (Szpak et al, 2013). Por tanto esta muestra no proviene de chicha fabricada con maíz. Todo ello avisa de la importancia de tener cautela, revisar y confirmar las pruebas arqueobotánicas. Solo de ese modo se puede evitar hacer suposiciones no basadas en hechos contrastados que lleven a errores y sesgos en las interpretaciones y conclusiones.

Por otro lado, curiosamente, hay pruebas indirectas de preparación de chicha a partir de frutos del piru en Cerro Baúl, donde se han encontrado grandes cantidades de semillas de esta planta en contextos asociados con el horizonte medio. De hecho actualmente existe una larga tradición para la preparación y consumo de chicha de piru en los andes centrales, pero se necesitan más investigaciones, especialmente químicas para determinar con mayor precisión su uso en la antigüedad (Goldstein y Coleman, 2004).

Finalmente, se realizaron estudios microscopía electrónica de barrido sobre muestras de madera de dos paletas. Estas fueron posiblemente usadas en la elaboración de la chicha en Manchán, según sugieren los granos de almidón encontrados en las mismas. Resulta lógico que se usara para tal fin la madera de algarrobo, siendo uno de los árboles que predomina en el paisaje moderno del sitio y además que en las excavaciones del sector B se encontraron numerosos árboles de esta especie, que se hallaban enterrados y con huellas de haber sido quemados, posiblemente como producto de algún incendio o una quema intencionada por los Chimú por alguna plaga que habría afectado a los bosques de algarrobos de la época. En el futuro se deben

realizar otros análisis como los basados en cromatografía de gases. Todo ello permitirá avanzar y poner en valor información etnográfica disponible.

Conclusiones

Se han aplicado técnicas microscópicas y químicas (isotópicas) a ocho muestras de tinajas de sectores domésticos de Manchán. Ello ha permitido conocer la materia prima principal usada en la preparación de chicha en este sitio. Según nuestros conocimientos, se trata del primer estudio que aplica estas técnicas en los sedimentos de las vasijas usadas para fabricar esta bebida alcohólica. La chicha fue y es consumida en las sociedades prehispánicas de la costa peruana, en particular y de los andes, en general.

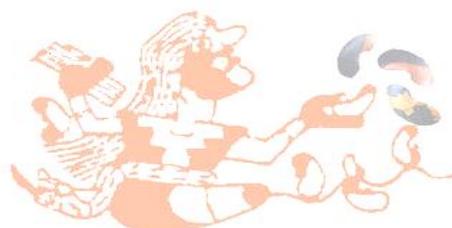
De este modo, se han identificado no solamente las materias primas usadas, sino también otros ingredientes utilizados en su preparación de esta bebida, además de identificar dos tipos de chicha con diferente materia prima.

Agradecimientos: Está investigación se ha realizado gracias al apoyo logístico y económico de la empresa Qetzal S.A.C., en forma especial de su gerente Nover Horna. El Centro de Investigaciones Arqueobiológicas y Paleoecológicas Andinas "ARQUEOBIOS" ha co-financiado parcialmente esta investigación. Nuestro agradecimiento al personal técnico de los laboratorios de microscopía electrónica de barrido del Museo Nacional de Ciencias en Madrid y del Laboratorio de Isótopos Estables de la Universidad Autónoma de Madrid, en forma especial del Dr. Ramón Redondo Ortega.

Referencias Bibliográficas

- Arriaza B, Ogalde JP, Chacama J, Standen V, Huamán I, Villanueva F (2015): Estudio de almidones en *queros* de madera del norte de Chile relacionados con el consumo de chicha durante el Horizonte Inca. *Estudios Atacameños* N° 50: 59-84
- Castillo LJ (2005): Ideología, ritual y poder en la consolidación, colapso y reconstitución del estado Mochica del Jequetepeque, el Proyecto Arqueológico San José de Moro (1991–2004). En: Castillo LJ. (Ed.), Programa Arqueológico San José de Moro, Temporada 2004. Pontificia Universidad Católica del Perú, Lima: 11–81.
- Goldstein DJ, Coleman RC (2004): *Schinus molle* L. (ANACARDIACEAE) Chicha production in the Central Andes. *Economic Botany* 58(4): 523-529.
- Grobman A, Salhuana W, Sevilla R (1961): *Races of Maize in Perú*. Washington, Academia Nacional de Ciencias del Consejo de Investigaciones. 915 pp.
- Guevara H (1973): Morfología de granos de almidón de raíces y tubérculos alimenticios más comunes. *Rebiol* 2(2): 145-153. Universidad Nacional de Trujillo.

- Hayashida FM (2008): Ancient beer and modern brewers: Ethnoarchaeological observations of *chicha* production in two regions of the North Coast of Peru. *Journal of Anthropological Archaeology* 27: 161-174.
- Lantos I, Spangenberg JE, Giovannetti MA, Ratto N, Maier MS (2015): Maize consumption in pre-Hispanic south-central Andes: chemical and microscopic evidence from organic residues in archaeological pottery from western Tinogasta (Catamarca, Argentina). *Journal Archaeological Science* 55:83-99
- Loy TH (1990): Prehistoric organic residues: recent advances in identification, dating, and their antiquity. *Archaeometry '90*, Ed. Ernst Pernicka. Basel, Boston. Springer Verlag. pages 645-656
- Moore JD (1989): Pre-hispanic beer in coastal Peru: technology and social context of prehistoric production. *American Anthropologist* 91, 682–695.
- Piperno D (2006): Identifying manioc (*Manihot esculenta* Crantz) and other crops in pre-columbian tropical America through starch grain analysis: a case study from central Panama. in: Documenting Domestication *New Genetic and Archaeological Paradigms* Edited by Melinda A. Zeder, Daniel G. Bradley, Eve Emshwiller, and Bruce D. Smith. Chapter 5, pp. 46-67
- Reichert ET (1913): The differentiation and specificity of starches in relation to genera, species, etc. Carnegie Institution of Washington. Washington, D.C.
- Shimada I (2001): Late Moche urban craft production: a first approximation. In: Pillsbury J (Ed.), *Moche Art and Archaeology in Ancient Peru*. National Gallery of Art, Washington, DC, pp. 177–205.
- Szpak P, White CD, Longstaffe FJ, Millaire JF, Vásquez V (2013): Carbon and Nitrogen Isotopic Survey of Northern Peruvian Plants: Baselines for Paleodietary and Paleoecological Studies. *PLOS ONE* Vol. 8 (1): 1-28
- Torrence R, Barton H (2006): *Ancient starch research*. Left Coast Press. 256 pp.
- Vásquez V, Rosales T (2017): Análisis Arqueobotánico. *Informe Final, Proyecto de Rescate Arqueológico Manchán*. Presentado a la empresa QUETZAL S.A.C. 59 pp.
- Zarrillo S, Pearsall D, Raymond S, Tisdale M, Quon D (2008): Directly dated starch residues document early formative maize (*Zea mays* L.) in tropical Ecuador. *Proc Natl Acad Sci USA* 105:5006-5011



La utilización de recursos malacológicos en el período Arcaico: una perspectiva del sitio arqueológico Cruz Verde, Valle Chicama

Kazuho Shoji

Candidato a Doctor por la Universidad Nacional de Postgrado para Estudios Avanzados, Osaka-Japón e investigador visitante de la Universidad Nacional de Trujillo, Trujillo (Perú), eMail: lpo.spd1418@gmail.com

Resumen

Las excavaciones en los años 2016 y 2017 en Cruz Verde, situado en la parte litoral de Valle Chicama, revelaron registros estratigráficos de actividad constructiva de montículos precerámicos. Estas actividades se han repetido con abundantes residuos enterrados en los rellenos del montículo, durante el período Arcaico Medio. En este artículo, se presentan los resultados de análisis malacológico para aclarar el cambio cronológico del aprovechamiento de los moluscos en el período Arcaico. Los restos arqueológicos analizados fueron recuperados en el montículo del período Arcaico Medio y en otra ocupación posterior del período Arcaico Tardío, en Cruz Verde. El análisis de abundancia taxonómica, biometría y cálculo del índice de diversidad, nos indican que hubo un cambio ecológico en la fase CV-Ic (4000-3800 cal a. C.), la segunda fase de ocupación Arcaico Medio, y un cambio de estrategia de aprovechamiento en la fase CV-Id (2800 cal a.C.), de la ocupación Arcaico Tardío de Cruz Verde. En conclusión, se indica que desde la perspectiva de la malacología, el presente estudio demuestra que el uso de los recursos marinos y la adaptación humana al ambiente ecológico, han cambiado dinámicamente a través de los períodos Arcaico Medio y Tardío, en contraste con la continuidad de la tradición de actividad constructiva de los montículos, en el valle Chicama.

Palabras clave: análisis malacológico, biometría, cambio ecológico, estrategia de aprovechamiento, período Arcaico.

Abstract

Excavations in 2016 and 2017 at the Cruz Verde site, located in the coastal area of the Chicama Valley, revealed a stratified record of pre-ceramic mound-building practices. These activities, indicated from this archaeological data, repeated around the Middle Archaic period with abundant disposed natural remains in the fill of the mound. In this article, results of malacological analyses of archaeological remains, from this mound and other later occupation in the Late Archaic period of the Cruz Verde, are presented to examine chronological change of mollusc exploitation in the Archaic period. The taxonomical abundance analysis, biometric analysis and calculation of Diversity index of species indicate that a change of ecological environment has occurred in the CV-Ic phase (4000-3800 cal BC), the second phase of the Middle Archaic occupation, and a change of exploitation strategy in the CV-Id phase (2800 cal BC), the Late Archaic occupation of the Cruz Verde. In conclusion, indicated by a perspective from malacology, this study demonstrates that the marine resources use and human adaptation to ecological surroundings dynamically had changed through the Middle and Late Archaic periods in contrast with continuity of the mound-building tradition in the Chicama valley.

Keywords: Malacological analysis, Biometry, Ecological change, Exploitation strategy, the Archaic Period.

Introducción

En la arqueología andina, la mayoría de los investigadores han discutido temas como el proceso de la domesticación de plantas y animales, la sedentarización y el desarrollo socioeconómico en el período Arcaico (eg., MacNeish et al, 1980; Rick, 1988; Lynch, 1980). Comparando los grupos de cazadores y recolectores que se mueven constantemente en el período Lítico, este gran cambio del modo de vida sugiere que la escala y estabilidad de comunidades formadas por diversas actividades serán más notables, y que la relación entre las comunidades será más compleja y múltiple. Actualmente, el proceso de sedentarismo y el cambio de utilización de recursos naturales del período Lítico al Arcaico se ha documentado a través de la investigación en la sierra norte (Dillehay, 2011).

Por otra parte, en la caza, la importancia de los abundantes recursos marinos los que apoyan al sedentarismo marítimo, el crecimiento de población y desarrollo social de período Arcaico tardío, se ha indicado desde 1960s (eg., Moseley, 1975; Lanning, 1967; Fung, 1988; Engel, 1981). Realmente, se han registrado asentamientos sedentarios de comunidad pesquera en el período Arcaico temprano y medio (eg., Quilter, 1989; Engel, 1963, 1981) y el incremento de investigaciones sobre arquitecturas ceremoniales grandes y áreas residenciales cercanas han descubierto una increíble complejidad socioeconómica en el Período Arcaico Tardío de la costa norcentral y central de los Andes (Shady y Leyva, 2003; Haas et al, 2005; Vega-Centeno, 2007; Fuchs et al, 2009). Aunque deberíamos aplicar algunas modificaciones a esta teoría (cf. Beresford-Jones et al, 2018; Prieto, 2015), la importancia de recursos marinos en la dinámica del período Arcaico es bien definido y apreciado por varios investigadores.

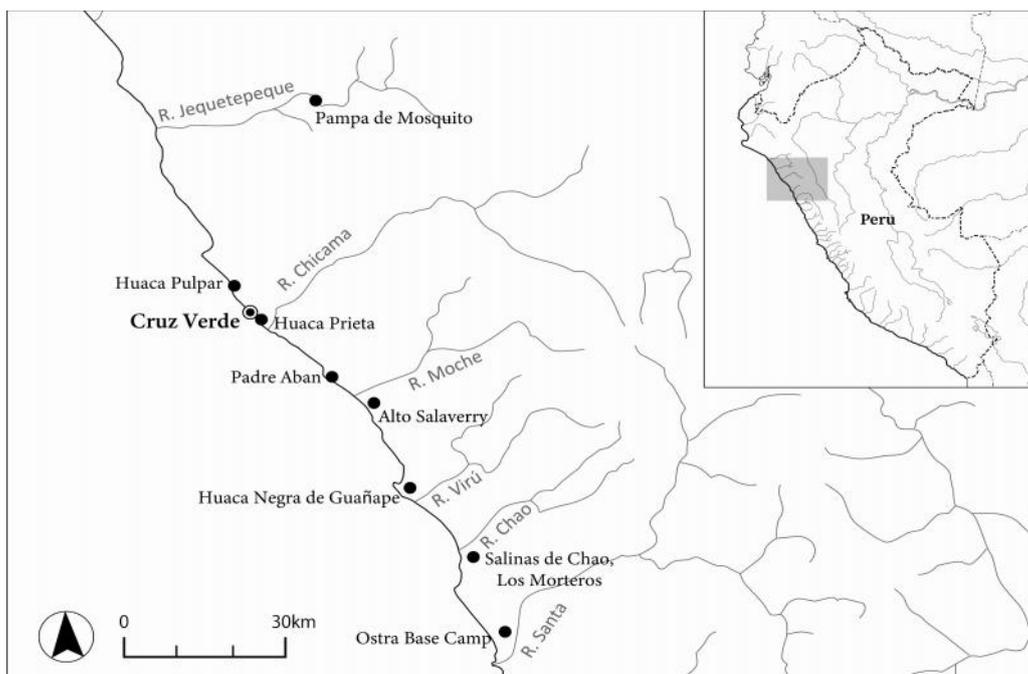


Figura 1. Ubicación geográfica de Cruz Verde y otros sitios arqueológicos del período Arcaico en la costa norte del Perú.

En nuestra área de investigación, que comprende la parte del litoral del valle de Chicama, se encuentra cerca al montículo arqueológico Huaca Prieta donde Junius Bird reportó abundante material arqueológico (Bird et al, 1985). Adicionalmente, recientes re-excavaciones por Tom Dillehay y sus colegas en este sitio revelaron la existencia de una construcción artificial de este montículo (Dillehay, 2017). Ellos determinaron la presencia humana del Pleistoceno tardío, la ocupación a largo plazo y la aparición de actividad constructiva del montículo la que datan de 5500 a.C. aproximadamente (“Fase 2” ~7572-6538 cal. BP; Dillehay et al, 2012).

Las excavaciones en el año 2016 y 2017 en Cruz Verde, situado a 3 km al norte de Huaca Prieta, revelaron registros estratigraficos de actividad constructiva de montículos precerámicos similares (La Rosa y Shoji, 2017, 2018). Esta actividad constructiva del montículo se remonta al 4300-3800 cal a.C., correspondiendo a la Fase 3 (~6538-5308 cal. BP; Dillehay et al, 2012) como la fase de extensión del montículo en Huaca Prieta. Además, nuestra investigación aclaró que este montículo se formó gradualmente por el complejo, debido a las múltiples actividades colectivas como desechar abundante residuos de alimentos, enterrar individuos humanos y amontonar relleno cubriendo pisos arcillosos anteriores. Por lo tanto, estos residuos de diversas actividades colectivas se han formado como un montículo visible de un paisaje modificado y se ha mantenido a largo plazo posiblemente conmemorando ancestros enterrados, experiencias de obtención-consumo de alimentos y actividad constructiva.

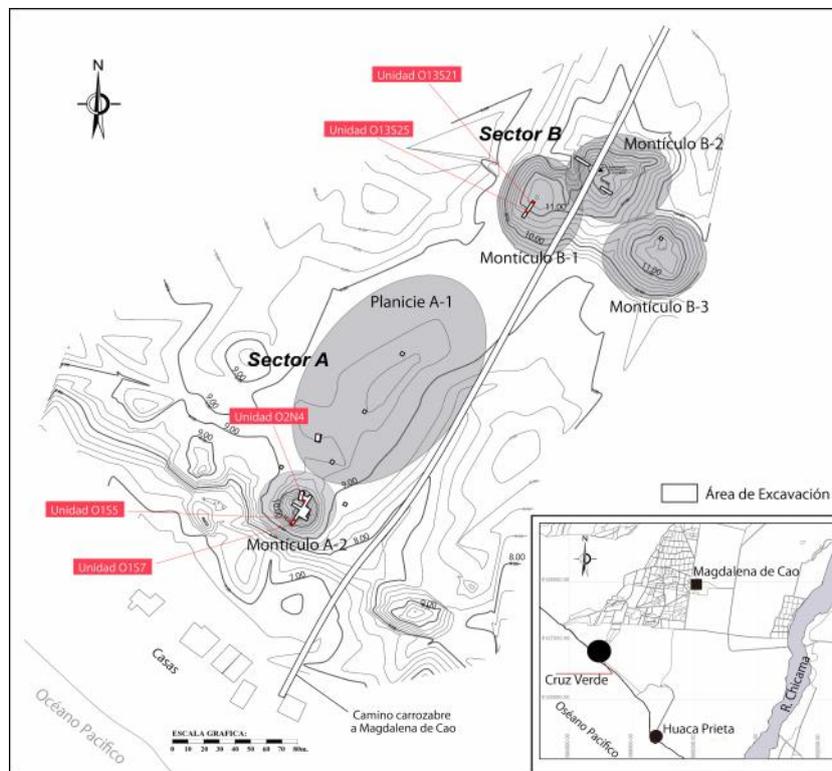


Figura 2. Cruz Verde y su distribución espacial ubicando los sectores, montículos y unidades excavadas de donde se recolectaron los materiales de estudio.

La mayor cantidad de restos son de alimentos enterrados en el montículo que corresponde a recursos marinos como restos malacológicos, mamíferos marinos y peces. Estos datos nos indican que la construcción del montículo y la obtención-consumo de recursos marinos estaban íntimamente relacionados. Varios sitios arqueológicos en la parte litoral del valle Chicama (Huaca Prieta, Paredones y Huaca Pulpar) nos indican que la construcción del montículo comenzó en esta área del período Arcaico cuando se estableció el asentamiento sedentario. El caso de Cruz Verde se considera como una tradición constructiva local de esta área la que causó el cambio socioeconómico en el período Arcaico. Por lo tanto, el análisis de los recursos marinos de estos contextos estratigráficos nos permite entender la comunidad que participó en la construcción del montículo haciendo cambios en la manera de utilizar los recursos marinos. Además, a través de este análisis, se puede reconsiderar la relación entre el cambio socioeconómico y la constante actividad constructiva del montículo que nos permite aclarar la diversidad de la dinámica social de la comunidad pesquera en el período Arcaico.

Con el tema y la visión mencionada, este artículo enfoca el análisis malacológico de varios contextos estratigráficos con el objetivo de observar el cambio del ecosistema alrededor del sitio arqueológico y nos da información de la estrategia del marisqueo en diversos lugares de recolección a través de su característica como animal bentónico. Sintetizar estos datos nos permite obtener una visión básica de la utilización de los recursos marinos. Por lo tanto, los objetivos de este artículo son indicar un panorama general del aprovechamiento de los restos malacológicos por la comunidad pesquera y aclarar el cambio de estos a largo plazo relacionado la continuidad constructiva del montículo.

Filación cultural y procedencia de materiales

El sitio Cruz Verde

Cruz Verde se encuentra en el valle Chicama, en la costa norte del Perú, a una distancia de 150 metros de la orilla de mar, a 6 km al norte del estuario del río Chicama y a 3 km al norte de Huaca Prieta (Figura 1 y 2). El sitio está constituido por varios montículos bajos y una planicie entre estos montículos. Hemos dividido este sitio en dos sectores por la ubicación de los dos grupos de montículos. El área norte ubicada cerca de la costa se denomina Sector A. El montículo más inclinado del Sector A es A-2. La planicie del Sector A es A-1. El área sur se llama Sector B y tiene varios montículos más bajos y extendidos.

Aunque este sitio se reportó por primera vez en 1998 como una ocupación temprana del Período Formativo por un proyecto de investigación anterior (Vásquez, 1998), nuestros trabajos de excavación más intensos demostraron que este sitio estaba formado por ocupaciones de varios períodos, desde el período Arcaico hasta el período Estados Regionales (La Rosa y Shoji, 2017, 2018). La ocupación del período Formativo está limitado en el planicie A-1 como una zona residencial de período Formativo medio. Para

nuestros propios objetivos, este artículo se enfoca principalmente en la ocupación Arcaica la que se han registrado en el montículo A-2, B-1 y 2.

Procedencia de materiales

La muestra analizada para este estudio corresponde a la ocupación del período Arcaico en el montículo A-2 y B-1. La mayor parte de montículo A-2 se formó en el Arcaico Medio por la actividad constructiva de relleno y piso arcilloso con abundantes residuos de recursos marinos y entierros. Esta ocupación está dividida en tres fases por la construcción estratigráfica de los pisos y rellenos. Fase CV-Ia (<4300 años a.C.) la primera ocupación de este montículo con actividad funeraria y la actividad de amontonar basura como un montículo en menor escala. En Fase CV-Ib (4200-4000 años a.C.), el montículo fue extendido hacia el sur con la mayor cantidad de relleno y residuos de recursos marinos. En la tercera fase CV-Ic, la actividad constructiva de montículo se ha mantenido en gran escala y la reconstrucción del piso arcilloso fue más frecuente con procedimiento convencional. Además la cantidad y frecuencia de construir entierros aumentaron en esta fase. Al final de fase CV-Ic, el montículo se abandonó y se reocupó por ocupaciones más tardías del período Estados Regionales. Los materiales malacológicos analizados se han recuperado en dos unidades de la área 1701, unidad O1S5 y O1S7, parte sur de montículo. Todas las unidades están en medidas de 2 m por 2 m. Adicionalmente, los materiales se han registrado en una unidad del área 1705, unidad O2N4, parte norte del montículo también. Cada material corresponde a la Fase CV-Ib o CV-Ic por procedencia estratigráfica.

En el montículo B-1, se ha registrado una fase del período Arcaico tardío se llama CV-Id (2800 años a.C.). Aunque la ocupación fue determinada solamente por ausencia de cerámica, un fechado radiocarbonico desde la parte baja de la ocupación indica que esta ocupación es posterior al abandono del montículo A-2. A diferencia del proceso constructivo del montículo A-2, este montículo B-1 no tiene relleno artificial y las capas apisonadas se acumulan estratigráficamente. La escasa evidencia de artefactos y restos de recursos marinos, nos indica que el montículo B-1 se formó definitivamente por otra actividad del montículo A-2. La presencia de postes formados en forma circular nos sugiere que este montículo se formó por la acumulación de actividad residencial. Los materiales malacológicos recuperados en dos unidades de área 1707, unidad O13S21 y O13S25, fueron analizados en comparación de materiales de montículo A-2.

Todos estos materiales malacológicos se han recuperado en el proceso de excavación y en la separación de tierra excavada con el cernidor de la malla 12mm (1/2 pulgada).

Metodología

Identificación taxonómica

La identificación taxonómica de los restos de moluscos se realizó utilizando colecciones comparativas del Laboratorio de Bioarqueología de

ARQUEOBIOS, consultas con especialistas y trabajos especializados sobre este grupo de invertebrados como: Álamo y Valdivieso (1997), Dall (1909), Keen (1971), Rivadeneira et al, (1989), Zuñiga (2002a), Schwabe (2010) y también el uso de algunas páginas web especializadas en moluscos.

Para los crustáceos cuyos restos son principalmente dactilopoditos, se utilizaron claves taxonómicas y manuales especializados, como: Chirichigno (1970) y Zuñiga (2002b). Cuando habían dudas, se procedió a realizar análisis comparativos con las colecciones modernas del Laboratorio de Bioarqueología de ARQUEOBIOS.

Abundancia taxonómica: NISP, NMI, Peso

Para los moluscos la cuantificación se realizó por Número Mínimo de Individuos (NMI), Número de Especímenes Identificados (NISP) y Peso. Para el caso de los crustáceos la cuantificación se realizó por NISP y Peso.

El NISP registra el número de fragmentos identificados totales y también algunos ejemplares completos recuperados. Para el caso del NMI, su aplicación difiere según las clases de moluscos recuperados. Así tenemos que para los polioplacóforos (moluscos compuestos por 8 placas) el NMI se calcula en función del mayor número de placas cefálicas, anales, tamaño y posición de las otras placas dorsales, con lo cual podemos acercarnos con mayor confianza a calcular el NMI de este grupo.

Para los gasterópodos, un individuo está considerado como un espécimen completo cuando se encuentra la concha completa. Para los bivalvos, el NMI se calcula con el mayor número de valvas derechas ó izquierdas completas. En ambos casos, para bivalvos y gasterópodos, los fragmentos que se toman en cuenta son los que contengan NRE (Elemento No-Repetitivo), como el ápex, el peristoma, umbo y charnela etc., y se calcula con el mayor número de cada elemento, para considerarlo como un individuo, referenciando el estudio de Harris et al, 2015. Por ejemplo, si se encuentran 3 individuos que tienen charnela, 2 individuos que tienen umbo, 2 individuos que tienen umbo y charnela, la cantidad de charnela se suma 5 y de umbo se suma 4. Este caso se calcula 5 NMI por la mayor cantidad de charnela, así el mayor número de izquierdas o derechas de este elemento registrará el NMI.

En el caso de los crustáceos, la cuantificación se realizó por NISP. No se hizo cálculos de NMI porque los materiales de este grupo de invertebrados se encontraron muy fragmentados, lo que hace difícil asociarlos a un individuo. Toda las especies malacológicas cuantificadas por NISP o NMI posteriormente fueron pesadas en una balanza digital de ± 0.01 gramos de precisión.

La cuantificación por NMI y NISP, se realizó reuniendo la cantidad total de especímenes y individuos registrados para todas las especies recuperadas de las capas, niveles y pisos excavados de cada unidad estratigráfica, según su filiación cultural asociada a las fases obtenidas mediante fechados radiocarbónicos. Posteriormente estos datos se agruparon sistemáticamente

según fases y fueron sometidos a cálculos de frecuencias porcentuales por cada fase CV-Ib, CV-Ic y CV-IId.

Adicionalmente se hicieron cálculos de frecuencias porcentuales a los moluscos y crustáceos más importantes en el yacimiento, según los indicadores de abundancia taxonómica (en este caso NMI) para observar las diferencias de cada indicador, según las especies y fases, y poder interpretar su importancia y contribución en las estrategias de aprovechamiento de recursos malacológicos. También se realizaron cuantificaciones según biotopos ecológicos, para conocer que tipos de playas fueron las más explotadas, según fases.

Análisis de biometría y presión de marisqueo

Dos especies de bivalvo, *Choromytilus chorus* y *Protothaca thaca*, y una especie de gasterópodo, *Thais chocolata*, fueron medidas (altura y ancho de concha) para estimar la variación del tamaño de los individuos y conocer lo que la comunidad pesquera capturó. La biometría de éstas tres especies se ha señalado en la Figura 3. En general, cuando recolectan los moluscos en sus propios ecosistemas (biotopo arenoso o biotopo pedregoso-rocoso), deberían encontrar y elegir los individuos más grandes por la parcialidad y facilidad de encontrarse y por su valor alimentario (cf. Mannino y Thomas, 2002: 459-460).

Por lo tanto, se puede suponer que en la variación de tamaño dominarían los individuos grandes, en el caso que los recursos estén sobrando por el aprovechamiento del grupo humano. Al contrario, el dominio de pequeños individuos indicaría que el aprovechamiento es relativamente fue más extenso por la capacidad de biomasa. En suma, la variación de tamaño nos indica la presión de aprovechamiento en su respectiva época. Aunque el estudio de presión de aprovechamiento necesita una consideración sobre la distribución de edad de las especies que utilizaron, el tamaño de los malacológicos está proporcionando la edad, por lo que el análisis biométrico nos permite tener visión fiable. Adicionalmente, nuestro futuro trabajo sobre análisis de las bandas de crecimiento en las valvas complementará este estudio.

Índice de Diversidad y Equitatividad

La diversidad taxonómica de las muestras arqueológicas se confunde con la riqueza de especies como la cantidad de especies registradas. Sin embargo, esta cantidad de especies no incluye los datos de la abundancia de individuos registrados en cada especie ni cuya proporción entre especies. Por ejemplo, si las cantidades de especies son iguales entre dos sitios arqueológicos, el número de individuos de cada especie puede ser el mismo o no. Es decir, el caso de los números de individuos entre especies son equitativos o inequitativos. En este caso, el grupo que tiene números de individuos más equitativos entre especies, tiene más alta diversidad. Por lo tanto, la diversidad de especies está constituida con dos elementos como la riqueza de especies y la equitatividad.

Considerando la riqueza de especies y la equitatividad, la diversidad de especies en un grupo de muestras se puede cuantificar como el índice de diversidad para comparar con varios grupos de las muestras. Uno de los índices, el índice de Shannon-Weaver (1949), está aplicado originalmente en ecología y adicionalmente en arqueozoología. La fórmula de este índice es la siguiente:

$$H' = - \sum_{i=1}^S (P_i)(\log_e P_i)$$

“S” significa la cantidad de especies en el grupo, “Pi” significa la dominancia de los individuos de un especie “ i ” por el número sumado de los individuos de todo especie. La fórmula para el índice de Equitatividad es el siguiente (Sheldon, 1969).

$$V' = H' / \log_e S$$

“S” significa la cantidad de especies en el grupo. Los dos índices de la diversidad (H') y la Equitatividad (V') aumentan cuando la diversidad y equitatividad de especies en el grupo son altas. Originalmente estos índices se han aplicado para evaluar diversidad de biomasa de una ecosistema, por lo que la aplicación de estos índices a la arqueología necesita atención en la interpretación de los datos. Porque las muestras arqueológicas son los restos de organismos los que las gentes antiguas han aprovechado, consumido y dejado en el sitio por varios motivos con propios criterios, los índices y cuya proporción entre los dos son muy distintos que los de bioma natural (cf. Reitz y Wing 1999: 233-235). En este artículo, los dos índices se aplicarán para aclarar una tendencia de estrategia de aprovechamiento de recursos malacológicos comparando entre tres fases de la ocupación.

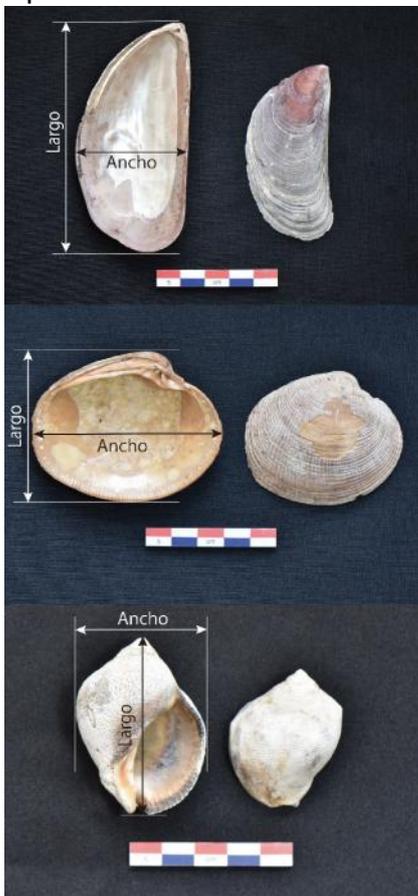


Figura 3. Restos malacológicos y medidas efectuadas en *Choromytilus chorus* (arriba), *Protothaca thaca* (medio) y *Thais chocolata* (abajo)

Resultados

Abundancia taxonómica en Cruz Verde por fases

Los restos malacológicos estudiados han sido 5083 por NISP, de los cuales se dividen en moluscos (5009 restos), crustáceos (66 restos) y equinodermos (8 restos). Los moluscos se dividen en poliplacóforos (chitones: 4 restos), gasterópodos (3619 restos) y bivalvos (1386 restos). Las fases, se dividen en fase CV-Ib (1858 restos), fase CV-Ic (2531 restos) y fase CV-Id (694 restos). La abundancia taxonómica identificada en Cruz Verde se ha señalado por NMI, NISP y Peso en la Tabla 1.

Tabla 1. Abundancia taxonómica de malacológicos mediante NISP, NMI y Peso en la ocupación precerámica de Cruz Verde

Abundancia Taxonómica de malacológicos mediante NISP, NMI y Peso en la ocupación precerámica del CRUZ VERDE

No.	IDENTIFICACIÓN TAXONÓMICA	Fase CV-Ib (4200-4000 cal a.C.)					Fase CV-Ic (4000-3800 cal a.C.)					Fase CV-Id (2800 cal a.C.)					Total										
		NMI	%	NISP	%	PESO (g)	NMI	%	NISP	%	PESO (g)	NMI	%	NISP	%	PESO (g)	NMI	%	NISP	%	PESO (g)						
Chitons																											
1	<i>Enoplochiton niger</i>	4	0.3	4	0.2	7.0	0.1	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	4	0.1	4	0.1	7.0	0.0
Limpets																											
2	<i>Fissurella peruviana</i>	16	1.0	16	0.9	75.0	1.1	1	0.0	1	0.0	2.0	0.0	6	1.3	6	0.9	8.0	0.2	23	0.5	23	0.5	85.0	0.4		
3	<i>Fissurella limbata</i>	3	0.2	3	0.2	15.0	0.2	1	0.0	1	0.0	3.0	0.0	—	—	—	—	—	—	4	0.1	4	0.1	18.0	0.1		
4	<i>Fissurella crassa</i>	2	0.1	2	0.1	30.0	0.5	1	0.0	1	0.0	8.0	0.1	—	—	—	—	—	—	3	0.1	3	0.1	38.0	0.2		
5	<i>Fissurella latimarginata</i>	7	0.5	7	0.4	138.0	2.1	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	7	0.2	7	0.1	138.0	0.6		
6	<i>Fissurella maxima</i>	10	0.6	10	0.5	104.0	1.6	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	10	0.2	10	0.2	104.0	0.5		
Gastropods / Marine Snails																											
7	<i>Tegula atra</i>	236	15.2	270	14.5	1034.0	15.5	58	2.7	62	2.4	226.0	1.9	16	3.4	25	3.6	66.5	1.7	310	7.4	387	7.0	1326.5	6.0		
8	<i>Tegula eurymphalus</i>	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	1	0.2	1	0.1	5.0	0.1	1	0.0	1	0.0	5.0	0.0		
9	<i>Priogaster niger</i>	220	14.2	225	12.1	416.0	6.2	111	5.1	118	4.7	209.5	1.8	40	8.4	47	6.8	58.5	1.5	371	8.9	390	7.7	684.0	3.1		
10	<i>Cerithium stercusmuscarum</i>	3	0.2	3	0.2	5.0	0.1	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	3	0.1	3	0.1	5.0	0.0		
11	<i>Crepidula dilatata</i>	1	0.1	1	0.1	1.0	0.0	1	0.0	1	0.0	4.0	0.0	1	0.2	1	0.1	1.0	0.0	3	0.1	3	0.1	6.0	0.0		
12	<i>Sinum cymba</i>	1	0.1	1	0.1	4.0	0.1	3	0.1	3	0.1	11.0	0.1	—	—	—	—	—	—	4	0.1	4	0.1	15.0	0.1		
13	<i>Polinices uber</i>	236	15.2	237	12.8	377.0	5.7	284	13.1	285	11.3	645.0	5.6	72	15.2	72	10.4	117.0	3.0	592	14.1	594	11.7	1139.0	5.1		
14	<i>Bursa ventricosa</i>	2	0.1	2	0.1	20.0	0.3	27	1.3	27	1.1	158.0	1.4	—	—	—	—	—	—	29	0.7	29	0.6	178.0	0.8		
15	<i>Xanthochorus buzea</i>	226	14.6	226	12.2	270.7	4.1	251	11.6	252	10.0	457.0	3.9	18	3.8	18	2.6	32.0	0.8	495	11.8	496	9.8	759.7	3.4		
16	<i>Thais haemastoma</i>	250	16.1	250	13.5	662.0	9.9	437	20.2	438	17.3	1404.0	12.1	26	5.5	26	3.7	84.0	2.2	713	17.0	714	14.0	2150.0	9.7		
17	<i>Thais chocolata</i>	108	7.0	109	5.9	438.0	6.6	669	31.0	679	26.8	4501.0	38.8	41	8.6	44	6.3	445.5	11.5	818	19.5	832	16.4	5384.5	24.3		
18	<i>Thais delasseriana</i>	1	0.1	1	0.1	5.0	0.1	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	1	0.0	1	0.0	5.0	0.0		
19	<i>Crassilabrum crassilabrum</i>	—	—	—	—	—	—	1	0.0	1	0.0	3.0	0.0	—	—	—	—	—	—	1	0.0	1	0.0	3.0	0.0		
20	<i>Concholepas conchopas</i>	5	0.3	5	0.3	198.0	3.0	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	5	0.1	5	0.1	198.0	0.9		
21	<i>Nassarius dentifer</i>	6	0.4	6	0.3	3.0	0.0	5	0.2	5	0.2	4.5	0.0	10	2.1	10	1.4	5.0	0.1	21	0.5	21	0.4	12.5	0.1		
22	<i>Oliva peruviana</i>	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	1	0.2	1	0.1	3.1	0.1	1	0.0	1	0.0	3.1	0.0		
23	<i>Mitra orientalis</i>	35	2.3	35	1.9	62.0	0.9	64	3.0	64	2.5	112.0	1.0	15	3.2	16	2.3	30.0	0.8	114	2.7	115	2.3	204.0	0.9		
24	<i>Cancellaria decussata</i>	3	0.2	3	0.2	2.0	0.0	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	3	0.1	3	0.1	2.0	0.0		
25	<i>Cancellaria urceolata</i>	—	—	—	—	—	—	1	0.0	1	0.0	1.0	0.0	1	0.2	1	0.1	1.0	0.0	2	0.0	2	0.0	2.0	0.0		
Bivalves																											
26	<i>Choromytilus chorus</i>	145	9.3	369	19.9	2384.0	35.8	147	6.8	426	16.8	2706.0	23.3	154	32.4	289	41.6	1935.0	49.9	446	10.7	1084	21.3	7025.0	31.7		
27	<i>Perumytilus purpuratus</i>	6	0.4	8	0.4	7.5	0.1	34	1.6	61	2.4	51.0	0.4	1	0.2	1	0.1	1.0	0.0	41	1.0	70	1.4	59.5	0.3		
28	<i>Semimytilus algosus</i>	—	—	—	—	—	—	1	0.0	1	0.0	0.3	0.0	8	1.7	14	2.0	6.0	0.2	9	0.2	15	0.3	6.3	0.0		
29	<i>Trachycardium procerum</i>	—	—	—	—	—	—	1	0.0	1	0.0	8.0	0.1	—	—	—	—	—	—	1	0.0	1	0.0	8.0	0.0		
30	<i>Protothaca thaca</i>	19	1.2	31	1.7	240.0	3.6	47	2.2	68	2.7	950.0	8.2	52	10.9	81	11.7	678.0	17.5	118	2.8	180	3.5	1868.0	8.4		
31	<i>Eurhymalea rufa</i>	6	0.4	6	0.3	81.0	1.2	5	0.2	6	0.2	81.0	0.7	9	1.9	9	1.3	103.5	2.7	20	0.5	21	0.4	265.5	1.2		
32	<i>Petricola rugosa</i>	—	—	—	—	—	—	1	0.0	1	0.0	2.0	0.0	—	—	—	—	—	—	1	0.0	1	0.0	2.0	0.0		
33	<i>Semele corrugata</i>	—	—	—	—	—	—	1	0.0	1	0.0	3.0	0.0	—	—	—	—	—	—	1	0.0	1	0.0	3.0	0.0		
34	<i>Donax obesulus</i>	—	—	—	—	—	—	8	0.4	10	0.4	7.0	0.1	3	0.6	3	0.4	4.5	0.1	11	0.3	13	0.3	11.5	0.1		
35	<i>Chthamalus sp.</i>	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	
Marine Crabs																											
36	<i>Platyzanthus orbigny</i>	—	—	28	1.5	45.0	0.7	—	—	15	0.6	29.5	0.3	—	—	21	3.0	58.5	1.5	—	—	64	1.3	133.0	0.6		
Freshwater Crabs																											
37	<i>Macrobrachium sp.</i>	—	—	—	—	—	—	—	—	1	0.0	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	
38	<i>Hypolobocera sp.</i>	—	—	—	—	—	—	—	—	1	0.0	1.0	0.0	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	
Sea Urchins																											
39	<i>Tetrapygus niger</i>	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	
Unidentified Crustaceans, etc.																											
40	Unidentified Crustaceans, etc.	—	—	—	—	32.0	0.5	—	—	—	—	13.0	0.1	—	—	—	—	230.0	5.9	—	—	—	—	275.0	1.2		
Total		1551		1858		6656.2		2160		2531		11408.8		475		694		3877.6		4186		5083		22142.6			

Algunas especies seleccionadas, según el porcentaje de abundancia NMI más de 1%, se mostraron en la figura 4, con el motivo de comparar abundancia taxonómica por fases. En este gráfico, el género *Fissurella* spp. se han sumado, los cual es notable la cantidad registrada en la fase CV-Ib aunque las cantidades de cada especie son escasas. De igual manera, las proporciones de las clases de moluscos y de las distribuciones ecológicas, en los que los moluscos habitan, se mostraron graficamente por tres fases (Figura 5 y 6). En este caso, las especies de moluscos identificados para Cruz Verde, han sido sometidas a una clasificación para precisar su distribución ecológica (biotopo pedregoso-rososo, arenoso y manglares), para lo cual se ha utilizado las descripciones de Álamo y Valdivieso (1997). En la fase CV-Ib, la mayor cantidad de moluscos corresponde a la clasificación de gasterópodos (86% de NISP, Figura 5), la que no tiene alguna especie dominante más que 20 % en el total de todos moluscos.

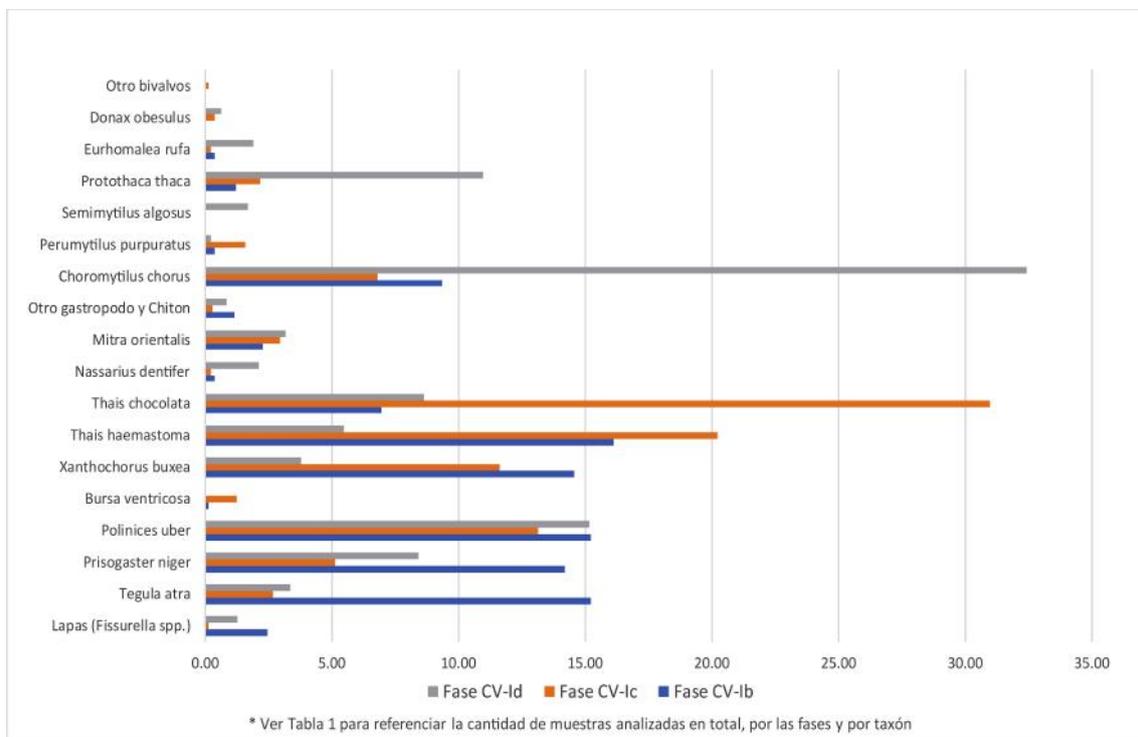


Figura 4. Abundancia taxonómica de los moluscos por fases en Cruz Verde



Figura 5. Proporción de las clases de moluscos por fases, en el período arcaico de Cruz Verde

Las cantidades de cada especie de gasterópodo relativamente son equitativas por la comparación con otras fases posteriores (Figura 4). La distribución ecológica de moluscos registrados en fase CV-Ib es dominante en el biotopo pedregoso-rocoso (80% de NISP, Figura 6). Entre los bivalvos, el *Choromytilus chorus* es la especie más dominante y otros bivalvos son escasos. En la fase CV-Ic, la especie *Thais chocolata* aumentó en un 31 % del total de todos los moluscos aunque la proporción de las muestras entre gasterópodo y bivalvo no cambia desde la fase anterior CV-Ib. Los cuales nos indican que el aprovechamiento de gasterópodos se concentraba en *Thais chocolata* en esta fase, disminuyendo el aprovechamiento de otras especies como *Tegula atra*, *Prisogaster niger*. Por otro lado, la proporción de bivalvos no cambió mucho aunque las especies de *Perumytilus purpuratus* y *Protothaca thaca* aumentaron ligeramente con la disminución de *Choromytilus chorus*. Mientras el detalle de las especies está cambiado, la proporción de su distribución ecológica sigue siendo la misma comparando con la fase anterior CV-Ib.

En la fase CV-Id, la proporción de muestras entre gasterópodos y bivalvos cambia definitivamente en la misma proporción entre ellos (51% de gasterópodos y 48% de bivalvos). Este cambio se refleja en la proporción de la distribución ecológica, en la que moluscos de biotopo arenoso se ha registrado más. La especie dominante es *Choromytilus chorus* (32 % en NISP), lo que aumentó la proporción definitivamente para la comparación con las dos fases anteriores. Una especie de almejas, *Protothaca thaca*, también subió en proporción definitivamente. La cantidad de *Semimytilus algosus* aumentó en lugar de *Perumytilus purpuratus*, en la fase CV-Id. En cambio en bivalvos, la proporción de gasterópodos disminuyó relativamente.

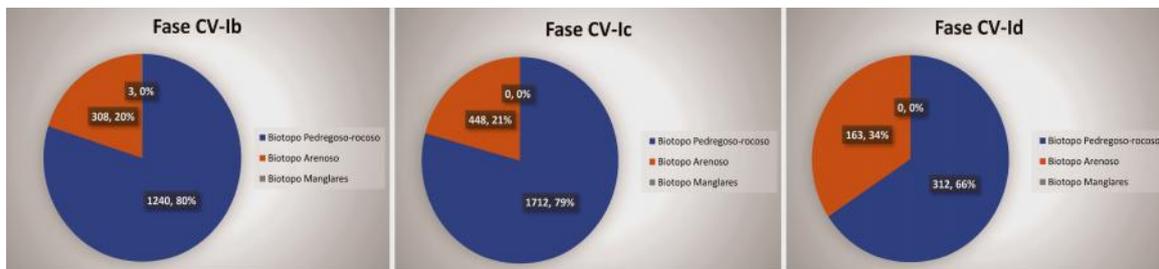


Figura 6. Proporción de habitats ecológicos de los moluscos por fases en el período arcaico de Cruz Verde

Manteniendo las proporciones entre gasterópodos, las tres especies de gasterópodos, *Thais chocolata*, *Thais haemastoma* y *Xanthochorus buxea*, las que fueron más dominantes en la fase CV-Ic, disminuyeron definitivamente en la fase CV-Id hasta en menor proporción que los gasterópodos troquiformes y turbinadas (*Tegula atra*, *Prisogaster niger* y *Polinices uber*).

El análisis biométrico y variación de tamaño por fases

Los resultados de los análisis biométricos en tres especies de moluscos (*Choromytilus chorus*, *Protothaca thaca* y *Thais chocolata*) se han mostrado en la Figura 7 y 8. Diagrama de caja (Figura 8) es un método estandarizado para

representar gráficamente la diversidad de una serie de datos numéricos a través de sus cuartiles.

En el caso *Choromytilus chorus*, se midieron 97 individuos (largo y ancho). El 50% de los individuos medidos de la muestra total, corresponden a los rangos de 87.55-103.10 mm (fase CV-Ib), 65.88-95.84 mm (fase CV-Ic) y 70.18-87.95 mm (fase CV-IId).

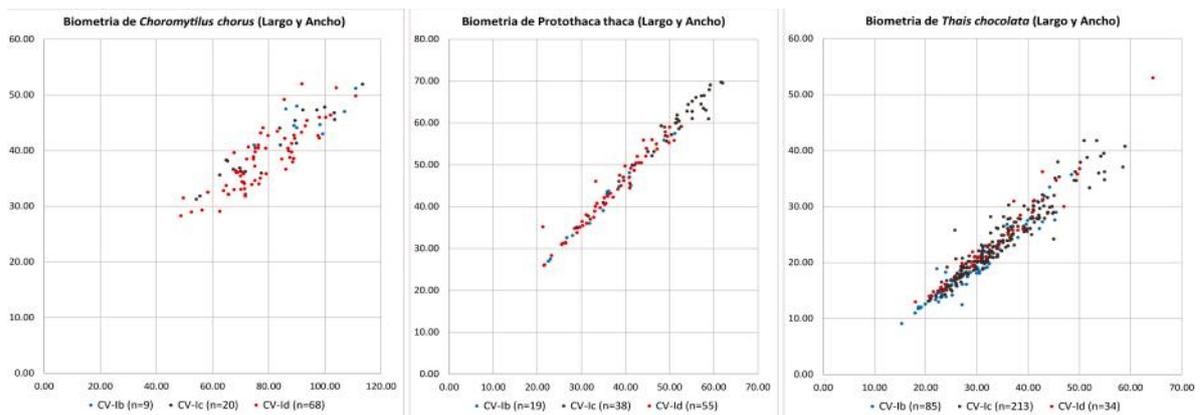


Figura 7. Diagramas de dispersión del largo y ancho, para las tres especies medidas y fases de Cruz Verde.

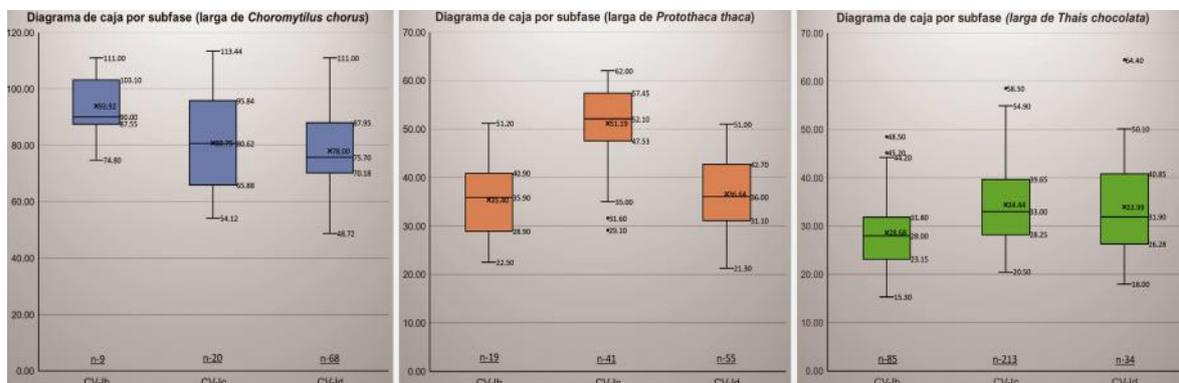


Figura 8. Diagrama de caja del largo de las tres especies y fases de Cruz Verde.

Junto con este cambio, los promedios de los individuos también bajan, como 93.92 mm (CV-Ib), 80.75 mm (CV-Ic) y 78.00 mm (CV-IId) en las tres fases. Las medidas mínimas disminuyen en la fase CV-Ib a CV-IId aunque aquellas máximas son casi iguales entre las tres fases. Estos datos indican que han sido aprovechados individuos más pequeños, mientras aprovechaban los grandes continuamente, medida que en las fases cambian hacia más tardío.

En el caso de *Protothaca thaca*, 115 individuos se han analizado biométricamente. Los individuos medianos del 50 % de todo los individuos corresponden a los rangos de 28.90-40.90 mm (CV-Ib), 47.53-57.45 mm (CV-Ic), 31.10-42.70 mm (CV-IId), los que tienen notablemente la misma margen de

diferencia en 10 mm aproximado. Solo la fase CV-Ic tiene 2 muestras con valores atípicos de largo. De igual manera, los promedios se han calculado como 35.40 mm (CV-Ib), 51.19 mm (CV-Ic) y 36.64 mm (CV-IId), con el más alto valor de promedio en la fase CV-Ic.

Adicionalmente, en la fase CV-Ic, ambas de las medidas del mínimo y máximo son más largas comparando las dos fases anteriores y posteriores. Por lo tanto, la variación de individuos medidos de *Protothaca thaca* nos indica que los humanos han aprovechado individuos más grandes en la fase CV-Ic, y los más pequeños en la fase CV-Ib y CV-IId.

En el caso de *Thais chocolata*, los 332 individuos fueron analizados por fases. Los individuos medianos del 50 % de todo los individuos corresponden a los rangos de 23.15-31.85 mm (fase CV-Ib), 28.25-39.65 mm (fase CV-Ic) y 26.28-40.85 mm (fase CV-IId). De igual manera, los promedios se han calculado como 28.68 mm (CV-Ib), 34.44 mm (CV-Ic) y 33.99 mm (CV-IId), el menor valor de promedio esta en la fase CV-Ib.

Adicionalmente, ambas medidas de mínimo y máximo de la fase CV-Ib son más bajas en las tres fases, y por el cual la fase CV-Ic es la más alta en las tres fases. Por lo tanto estos datos nos indican que han aprovechado individuos más pequeños en la fase CV-Ib y el aprovechamiento de individuos más grandes en las siguientes dos fases. Además, el grupo ligeramente de individuos más grandes se registraron en la fase CV-Ic, comparando las medidas máximo y mínimo.

Los índices de variabilidad y equitatividad

Según las fórmulas como se mencionó anteriormente, los índices de variabilidad (H') y Equitatividad (V') de moluscos fueron calculados por NMI de cada especie, en las tres fases (Tabla 2). En la fase CV-Ib, con un total de 25 especies se han registrado por análisis taxonómico, los índices se han calculado como 0.9709 para diversidad (H') y 0.6900 para Equitatividad (V'). Los dos índices calculados son altos por la variedad de especies y el aprovechamiento relativamente equitativo de los gasterópodos.

Por otro lado, un total de 25 especies, la misma cantidad que la fase CV-Ib, se han registrado por el análisis taxonómico en la fase CV-Ic. Sin embargo, los índices se han calculado como 0.8818 para diversidad (H') y 0.6343 para Equitatividad (V'), los que son más bajos de las tres fases.

El bajo índice de equitatividad nos indica que las cantidades de individuos en 25 especies están desequilibradas, como las abundantes cantidades de *Thais chocolata* y *Thais haemastoma* señaladas en la Figura 4 y Tabla 1.

Tabla 2. Variedad de especies, índices de diversidad y equitatividad por fases

Fases	S (Especies)	H' (Diversidad)	V' (Equitatividad)
CV-Ib	25	0.9709	0.6900
CV-Ic	25	0.8818	0.6343
CV-Id	19	0.9531	0.7504

En la fase CV-Id, un total de 19 especies, hay menor cantidad que en las dos fases anteriores, se han registrado por el análisis taxonómico. Sin embargo, los índices se han calculado como 0.9531 para diversidad (H') y 0.7504 para Equitatividad (V') los que son muy altos. La alta equitatividad nos indica que la cantidad de individuos están más equitativos aunque la cantidad de especies identificadas son muy pocas. Es decir, el aprovechamiento de CV-Id fue más estratégico, recolectando algunas especies, solo necesitan, una cierta cantidad de cada una. En suma, el índice de diversidad está relativamente bajo en la fase CV-Ic y muy alta en las fases CV-Ib y CV-Id. Sin embargo, las características de diversidad entre las dos fases (CV-Ib y CV-Id) son distintas. Este asunto será discutido en el siguiente capítulo.

Interpretación y Discusión

Presión de marisqueo y cambio ecológico

Porque los moluscos crecen diariamente y hasta cierta edad, la medida de la concha es proporcional a la edad. Por lo tanto, la distribución de las medidas de los individuos nos sugiere la presión del marisqueo en cada especie considerando el aprovechamiento parcial y selectivo (Mannino y Thomas 2002; Koike y Ohtaishi 1985). El análisis biométrico aclaró la distribución de la medida de conchas en las especies de *Choromytilus chorus*, *Protothaca thaca* y *Thais chocolata*, la cual cambia por fases. Considerando que la mayor distribución y el promedio del valor más pequeño indicando el aprovechamiento de pequeños individuos, la explotación se extendió incluso hasta individuos muy pequeños, es decir, la presión del marisqueo fue alta.

En el caso de *Choromytilus chorus*, la presencia de individuos pequeños aumentó en medida que las fases cambian desde lo más temprano hasta lo más tardío. Por lo tanto, la presión de marisqueo en *Choromytilus chorus* también aumentó relativamente de la fase CV-Ib a CV-Id. Por otro lado, la presencia de individuos más grandes de *Protothaca thaca* en la fase CV-Ic nos indica relativamente baja presión de marisqueo en aquella fase comparando con otras fases de CV-Ia y CV-Ib. De igual manera, la presencia de individuos de menor tamaño de *Thais chocolata* en la fase CV-Ib nos indica baja presión y la presencia de individuos más grandes en la fase CV-Ic nos indica que la presión aumentó en aquella fase.

Tabla 3. Proporción taxonómica, presión de marisqueo y factor supuesto de cambio de especies por fases.

<i>Choromytilus chorus</i>			
	CV-Ib(4200 a.C.~4000 a.C.)	CV-Ic (4000 a.C.~3800 a.C.)	CV-Id (2800 a.C.)
Proporción taxonómica en los restos malacológicos excavados	medio	medio	abundante
Presión de marisqueo	bajo	medio	medio alto
El factor supuesto en el cambio de la presión de marisqueo	(biomasa sobrada)	cambio ecológico	biomasa afectada por fuerte aprovechamiento

<i>Protothaca thaca</i>			
	CV-Ib(4200 a.C.~4000 a.C.)	CV-Ic (4000 a.C.~3800 a.C.)	CV-Id (2800 a.C.)
Proporción taxonómica en los restos malacológicos excavados	escaso	escaso	medio alto
Presión de marisqueo	medio alto	bajo	medio alto
El factor supuesto en el cambio de la presión de marisqueo	(biomasa escasa)	cambio ecológico	biomasa afectada por fuerte aprovechamiento

<i>Thais chocolata</i>			
	CV-Ib(4200 a.C.~4000 a.C.)	CV-Ic (4000 a.C.~3800 a.C.)	CV-Id (~2800 a.C.~)
Proporción taxonómica en los restos malacológicos excavados	medio	abundante	medio
Presión de marisqueo	medio alto	bajo	medio bajo
El factor supuesto en el cambio de la presión de marisqueo	(biomasa escasa)	cambio ecológico	menos aprovechamiento

Para discutir el cambio de presión del marisqueo y la causa, los resultados analíticos de abundancia taxonómica y la distribución biométrica de individuos se han sumado en la Tabla 3. En la fase CV-Ib, la proporción taxonómica de *Choromytilus chorus* no fue muy alta y la presión de marisqueo tampoco no fue alta. Es decir, bastante biomasa de *Choromytilus chorus* había cerca de Cruz Verde y menor aprovechamiento de estos. Entonces la biomasa de aquel bivalvo no estaba afectada por aprovechamiento.

Por otro lado, el aprovechamiento de *Protothaca thaca* fue escasa en la fase CV-Ib. Sin embargo, la presión de marisqueo indica entre medio-alto. Eso significa que solo escaso aprovechamiento fue suficiente para afectar y presionar la biomasa de *Protothaca thaca*. Por lo tanto, la biomasa natural de aquel bivalvo fue estéril. Igual manera, la presión de marisqueo fue medio alto con el aprovechamiento de la escala media, la que definitivamente menos que fase CV-Ic, en caso de *Thais chocolata*. Es decir, la biomasa de aquellos gasterópodos fue escasa comparando con la fase posterior.

En la fase CV-Ic, la relación entre aprovechamiento y la presión marisqueo de cada especie definitivamente cambió. La proporción de aprovechamiento ligeramente se redució aunque mantiene casi misma escala que la fase anterior. Sin embargo, la presión de marisqueo aumentó al contrario con reducción de aprovechamiento. Única explicación de este contrario es reducción de biomasa sin influencia de actividad humano comparando con la fase anterior CV-Ib. Es decir, las gentes de la fase CV-Ic han recolectado

menos individuos de *Choromytilus chorus* según a media que se reduce la biomasa con el cambio ecológico. En otro lado, la presión de marisqueo bajó en caso de *Protothaca thaca*, a pesar de que el aprovechamiento sigue muy escaso. Definitivamente, este dato nos indica que en este momento aumentó la biomasa de *Protothaca thaca*. Es decir, se encuentra una evidencia de cambio ecológico en el caso de este bivalvo también. El típico aprovechamiento más concentrado en la fase CV-Ic es la utilización de *Thais chocolata*. Aunque el registro taxonómico indica abundante aprovechamiento en esta fase, notablemente la presión de marisqueo se redujo. Este dato significa que la biomasa de *Thais chocolata* estaba sobrado a pesar de fuerte marisqueo. Por lo tanto, este abundante aprovechamiento no redujo aquella biomasa, sino el aprovechamiento aumentó mucho mediante la biomasa natural que cambió a fértil con el cambio ecológico también. En suma, las tres especies analizadas nos indican que algún cambio ecológico hubo en esta fase.

En el caso de fase CV-Id, la abundancia taxonómica documenta mayor aprovechamiento de los dos bivalvos, *Choromytilus chorus* y *Protothaca thaca*. Del mismo modo, la presión de marisqueo aclarado por análisis biométrico fue medio alto en ambos casos de aquellos bivalvos. En este caso, la presión relativamente alta se puede interpretar como resultado de fuerte aprovechamiento. Por lo tanto, las biomásas de dos bivalvos estaban afectadas por la actividad marisquera en la fase CV-Id. El aprovechamiento de *Thais chocolata* se redujo mucho comparando con la fase anterior y la presión sigue baja. La biomasa no fue afectada mucho por presión de aprovechamiento en menos escala. En suma, la relación entre los datos de biometría y abundancia, nos permite acercarnos al cambio de biomasa. En la fase CV-Ic, el cambio ecológico y menos presión de marisqueo están indicados, y en la fase CV-Id, la definitiva relación entre abundante aprovechamiento y alta presión de marisqueo nos indica que había una influencia en la biomasa por actividad marisquera en esta fase.

Estrategia de aprovechamiento de restos malacológicos en el período Arcaico

Sumando los resultados de análisis sobre abundancia taxonómica, biometría y diversidad, queremos discutir el cambio de aprovechamiento malacológico en el período Arcaico, el que está dividido en dos fases en el sitio arqueológico Cruz Verde del período Arcaico Medio que corresponde a las fases de CV-Ib y CV-Ic, y Arcaico Tardío que corresponde a la fase CV-Id en la ocupación de Cruz Verde.

Considerando los índices de diversidad y equitabilidad, las muestras de la fase CV-Ib tienen mayor variedad de especies registradas y equitabilidad entre ellas. Este dato nos indica que el aprovechamiento fue llevado a cabo a diversos recursos que se encuentran cerca de Cruz Verde. Consideramos el asunto de la presión marisquera y la biomasa, con los análisis biométricos y la abundancia taxonómica. En la fase CV-Ib, no se encuentra el caso de alta presión junto con alto aprovechamiento en las tres especies analizadas. Es decir, demasiada explotación no fue intencionada en algunas especies con limitadas poblaciones. Las especies que indican presión medio-alta no fueron

utilizado con alta intensidad según la proporción de abundancia taxonómica. Por lo tanto, el aprovechamiento malacológico se ha realizado combinando diversas especies según el límite de biomasa.

En cambio, en la fase CV-Ic, la presencia del cambio ecológico fue identificada por análisis biométrico y abundancia taxonómica en las tres especies medidas. Según la relación entre presión marisquera y intensidad de aprovechamiento por abundancia taxonómica, este cambio causó el aumento de biomasa en las especies, *Thais chocolata* y *Protothaca thaca*, e igualmente causó la reducción de biomasa en el *Choromytilus chorus*. Al mismo tiempo, la diversidad de las muestras se redujo por la menor equitatividad, aunque la cantidad de especies registradas sigue siendo la misma que la fase anterior.

Este desequilibrio entre especies utilizadas, por ejemplo el aumento de *Thais chocolata*, y el cambio ecológico, nos indican que el aprovechamiento malacológico cambió a medida que la biomasa natural cambia en esta fase. Considerando la ausencia de alta presión marisquera con la intensa utilización de una especie específica, los pobladores respondieron al cambio ecológico aprovechando recursos aumentados como *Thais chocolata*. La equitatividad de la abundancia taxonómica se redujo a consecuencia de esta intención de marisqueo.

En la fase CV-Id, del período arcaico tardío, la intención de aprovechamiento es definitivamente distinta que en las 2 fases anteriores del período Arcaico Medio. La relación entre presión medio-alta de marisqueo y intenso aprovechamiento en esta fase, nos indica que la biomasa de los dos bivalvos están afectadas por la explotación excesiva. En el otro lado, la alta diversidad fue calculada por mayor equitatividad que hay en esta fase, aunque la cantidad de especies disminuyó mucho. Es decir, los dos índices de diversidad y equitatividad nos indican que el aprovechamiento de CV-Id fue más estratégico, como que recolectan algunas especies elegidas, solo que necesitan, de una cierta cantidad de cada una. Sumando la presión marisquera y diversidad analizadas, podemos concluir que el aprovechamiento estratégico causó una alta diversidad en algunas especies elegidas y una alta presión marisquera en la biomasa natural.

Aunque las diversidades de especies registradas en la fase CV-Ib y CV-Id son muy altas, aquellas características son diferentes. Uno aprovecha diversas especies equitativamente según el alcance de biomasa y diversidad natural, en cambio, otro aprovecha especies elegidas equitativamente según su propia estrategia o intención de explotación excediendo el alcance de la biomasa natural. A pesar de que la diversidad se redujo, podemos decir que la intención de aprovechamiento en la fase CV-Ib fue mantenida en la CV-Ic, porque el aprovechamiento cambió a medida que la biomasa cambió en el nivel ecológico. Por lo tanto, estos datos nos indican que hubo un cambio estratégico en el aprovechamiento de los recursos malacológicos, es decir una intención de aprovisionarse de la biomasa o de la especie seleccionada, entre el período Arcaico Medio (la fase CV-Ib y CV-Ic) y el Arcaico Tardío (la fase CV-Id) de Cruz Verde.

Conclusiones

La nueva serie de los datos estratigráficos de las muestras malacológicas fueron presentadas en este artículo para discutir la transición del período Arcaico Medio a Tardío, un panorama básico de actividad pesquera y estrategia de aprovechamiento de los recursos malacológicos. Los análisis de abundancia taxonómica, biometría y cálculo de índice de diversidad revelaron la secuencia de presión marisquera, cambio ecológico e intención en los aprovechamientos. En el caso de período Arcaico medio, la estrategia de aprovechamiento limitado por la biomasa se ha mantenido debajo del cambio ecológico en la fase CV-Ic. El aprovechamiento malacológico de estas dos fases cambia a medida que la biomasa de cada especie se reduce o aumenta. Posiblemente, este cambio ecológico afecta a la ocupación de Cruz Verde porque la construcción de montículos y entierros fue más frecuente en esta fase además la ocupación de este montículo A-2 se abandonó en el fin de esta fase. Por otro lado, los análisis de la fase CV-IId revelaron el aprovechamiento más estratégico, en el que la población de Cruz Verde recolectaron algunas especies seleccionadas con exceso de cantidad que la capacidad de biomasa natural. Sin embargo, la diversidad fue muy alta para aprovechar estratégicamente las especies que necesitan. Por lo tanto, este artículo nos permite tener nueva visión sobre cambio ecológico y estrategia de aprovechamiento en el período Arcaico a través de los análisis malacológicos.

Agradecimiento

Este proyecto de excavación en Cruz Verde (2015-2017) fue apoyado por las siguientes fundaciones: JSPS Grant-in-Aid for JSPS Fellows (Grant number 16J06775, 2016-2017), The Takanashi Foundation for Arts and Archaeology (2015 and 2017), The Graduate University for Advanced Study (SOKENDAI) Student Dispatch Program (2015-2017), The Graduate University for Advanced Study (SOKENDAI) Internship Program (2017) and Keunokai Young Researcher Support Program. Específicamente, Konosuke Matsushita International Scholarship; The Konosuke Matsushita Memorial Foundation, nos permitió realizar los análisis de malacológico presentados en este artículo en 2018. Les agradezco mucho por sus apoyos. Finalmente, un agradecimiento especial a Víctor F. Vásquez Sánchez y Teresa Rosales Tham, por sus apoyos en los análisis y en la publicación.

Referencias bibliográficas

- Álamo V, Valdivieso V. (1997): Lista sistemática de moluscos marinos del Perú. *Boletín del Instituto del Mar*. Volumen Extraordinario. Callao, Perú.
- Bird J, Hyslop J, Dimitrijevic Skinner M (1985): The Preceramic Excavations at the Huaca Prieta, Chicama Valley, Peru. *Anthropological papers of the American Museum of Natural History* 62: 1. American Museum of Natural History, New York.
- Beresford-Jones D, Pullen A, Chauca G, Cadwallader L, García M, Salvatierra I, Whaley O, Vásquez V, Arce S, Lane K, French C (2018): Refining the Maritime Foundations of Andean Civilization: How Plant Fiber Technology Drove Social. *Journal of Archaeological Method and Theory* 25: 393-425.
- Chirichigno N (1970): Lista de crustáceos del Perú (Decapoda y Stomatopoda) con datos de su distribución geográfica. *Informe N° 35*. IMARPE. Callao, Perú.

- Dall W (1909): Report on a collection of shells from Peru, with a summary of the littoral marine mollusca of the Peruvian Zoological Province. *Proceedings United States National Museum*. 37 (1704): 147-294.
- Dillehay T (ed.) (2011): *From Foraging to Farming in the Andes: New Perspectives on Food Production and Social Organization*. Cambridge: Cambridge University Press.
- Dillehay T (ed.) (2017): *Where the Land Meets the Sea: Fourteen Millennia of Human History at Huaca Prieta, Peru*. University of Texas Press, Austin.
- Dillehay T, Bonavia D, Goodbred S, Pino M, Vásquez V, Rosales T, Conklin W, Splitsosier J, Piperno D, Iriarte J, Grobman A, Levi-Lazzaris G, Moreira D, López M, Tung T, Titelbaum A, Verano J, Adovasio J, Scott L, Bearéz P, Dufour E, Tombret O, Ramírez M, Beavins R, DeSantis L, Rey I, Mink P, Maggard G, Franco T (2012): Chronology, Mound-building and Environment at Huaca Prieta, Coastal Peru, from 13700 to 4000 Years Ago. *Antiquity*, 86(331), 48-70.
- Engel F (1963): A Preceramic Settlement on the Central Coast of Peru: Asia, unit 1. *Transactions of the American Philosophical Society* 53: 1–139.
- Engel F (1981): *Prehistoric Andean Ecology: Man, Settlement and Environment in the Andes. Volume 2: the deep south*. Humanities Press, New York.
- Fuchs P, Patzschke R, Schmitz C, Yenque G, Briceño J (2009): Del Arcaico Tardío al Formativo Temprano: las investigaciones en Sechín Bajo, valle de Casma. *Boletín de Arqueología PUCP* 13: 55-86.
- Fung R (1988): The Late Preceramic and Initial Period. In: *Peruvian Prehistory*, edited by R.W. Keatinge, pp. 67-98. Cambridge University Press, Cambridge.
- Harris M, Weister M, Faulkner P (2015): A Refined Protocol for Calculating MNI in Archaeological molluscan shell assemblages: a Marshall Islands Case Study. *Journal of Archaeological Science*. 57: 168-179.
- Haas J, Creamer W, Ruiz A (2005): Power and the Emergence of Complex Polities in the Peruvian Preceramic. *Archaeological Papers of the American Anthropological Association* 14: 37-52.
- Keen AM (1971): *Sea shells of tropical west America: Marine Mollusc from Baja California to Peru, Second Edition*. Stanford University Press. Stanford, California.
- Koike H, Ohtaishi N (1985): Prehistoric Hunting Pressure Estimated by the Age Composition of Excavated Sika Deer (*Cervus nippon*) Using the Annual Layer of Tooth Cement. *Journal of Archaeological Science*. 12: 443-456.
- Lanning E (1967): *Peru before the Incas*. Prentice Hall, Englewood Cliffs.
- La Rosa V, Shoji K (2017): Informe final del proyecto de investigación arqueológica: Cruz Verde, valle de Chicama, provincia de Ascope, departamento de La Libertad, Perú (Temporada, 2016). Informe presentado al Ministerio de Cultura del Perú, Lima.
- La Rosa V, Shoji K (2018): Informe final del proyecto de investigación arqueológica: Cruz Verde, valle de Chicama, provincia de Ascope, departamento de La Libertad, Perú (Temporada, 2017). Informe presentado al Ministerio de Cultura del Perú, Lima.
- Lynch T (1980): *Guitarrero Cave: Early Man in the Andes*. Academic Press, New York.
- MacNeish R, García Cook A, Lumbreras LG, Vierra RK, Nelken-Terner A (eds.) (1980): *The Prehistory of the Ayacucho Basin, Peru: Nonceramic artifacts Vol.3*. University of Michigan Press, Ann Arbor.

- Mannino MA, Thomas KD (2002): Depletion of a Resource? The Impact of Prehistoric Human Foraging on Intertidal Mollusc Communities and its Significance for Human Settlement, Mobility and Dispersal. *World Archaeology* 33:3, 452-474.
- Moseley ME (1975): *The Maritime Foundations of Andean Civilization*. Cumminings Publishing Company, Menlo Park.
- Prieto OG (2015): *Gramalote: Domestic Life, Economy and Ritual Practices of a Prehispanic Maritime Community*. Unpublished Ph.D Dissertation, Department of Anthropology, Yale University, New Haven.
- Quilter J (1989): *Life and Death at Paloma: Society and Mortuary Practices in a Preceramic Peruvian Village*. University of Iowa Press, Iowa City.
- Reitz E, Wing E. (1999): *Zooarchaeology*. Cambridge University Press. Cambridge.
- Rick J W (1988): Identificando el sedentarismo pre-histórico en los Cazadores Recolectores: un ejemplo de la sierra sur del Perú. In *Llamichos y Pacocheros: Pastores de Llamas y Alpacas*, Edited by J. A. Flores Ochoa, pp.37-43. Centro de Estudios Andinos, Cuzco.
- Rivadeneira VF, Cardoso F, Juscamaita J (1989): Ubicación de los moluscos marinos del Perú en series bioeconómicas. *Boletín de Lima*. N° 65: 85-89.
- Schwabe E (2010): Illustrated summary of chiton terminology (Mollusca, Polyplacophora). *Spixiana* 33 (2): 171-194.
- Shady R, Leyva C (eds.) (2003): *La ciudad sagrada de Caral-Supe: Los orígenes de la civilización Andina y la formación del Estado prístino en el antiguo Perú*. Instituto Nacional de Cultura, Lima.
- Shannon CE y Weaver W. (1949): *Mathematical theory of communication*. Urbana: University of Illinois Press.
- Sheldon AL. (1969): Equitability indices: dependence on the species count. *Ecology*, 50:466-7.
- Vásquez S (1998): Cruz Verde: del Arcaico al Formativo, un ensayo de interpretación. *Revista Arqueológica Sian* 5: 6-8.
- Vega-Centeno R (2007): Construction, Labor Organization, and Feasting during the Late Archaic Period in the Central Andes. *Journal of Anthropological Archaeology* 26: 150-171.
- Zúñiga OR (2002a): *Moluscos: Guía de biodiversidad N° 1*. Vol. 1 Macrofauna y Algas Marinas. Centro Regional de Estudios y Educación Ambiental.
- Zúñiga, OR (2002b): *Crustáceos: Guía de biodiversidad N° 2*. Vol. 2. Macrofauna y Algas Marinas. Centro Regional de Estudios y Educación Ambiental.



Explotación de camélidos durante las fases Mochica III y Mochica IV en el conjunto arquitectónico 35 del complejo arqueológico Huacas del Sol y de la Luna. Una aproximación osteométrica.

Phool Nivardo Rojas Cusi

Becario del CONCYTEC y candidato a master por la Universidad de Rennes 1 (Francia) y la Universidad Nacional de Trujillo (Perú). eMail: phoolrojas12@gmail.com

Resumen

El presente trabajo tiene como objetivo evaluar las estrategias de explotación de camélidos durante las fases Mochica III y Mochica IV, mediante los análisis discriminatorios, exploratorios y estadísticos aplicados a la primera falange. Las investigaciones en el complejo arqueológico de la Huaca del Sol y de la Luna han mostrado una importante ocupación desde la fase III, con el establecimiento de zonas de explotación de recursos y el desarrollo de un núcleo urbano regido por un Estado Teocrático. Durante la fase IV los grandes cambios en la organización tecnológica están vinculados a los procesos de cambio de subsistencia y a la generación de nuevas formas económicas que permitieron la emergencia de un Estado Secular. Los resultados revelan una presencia mayoritaria de alpacas en ambas fases, con el fin de obtener productos derivados de la carne y la fibra. Por otro lado, durante la fase III, se muestra la superposición de especímenes y una alta variabilidad intraespecífica, en contraste con la fase IV que denota una mayor diferenciación de los especímenes y una alta estabilidad de las poblaciones intraespecíficas.

Palabras claves: Camélidos, explotación, cambios socioeconómicos, osteometría.

Abstract

The objective of this research work is to evaluate the strategies for the use of camelids during the Mochica III and Mochica IV phases, through discriminatory, exploratory and statistical analyzes applied to the first phalanx. The investigations in the archaeological complex of the Huaca del Sol y de la Luna have shown an important occupation since phase III, with the establishment of areas for the use of resources and the development of an urban nucleus governed by a Theocratic State. During phase IV the great changes in the technological organization are linked to the processes of change of subsistence and the generation of new economic forms that allowed the emergence of a Secular State. The results reveal a majority presence of alpacas in both phases, in order to obtain products derived from meat and fiber. On the other hand, during phase III, the superposition of specimens and a high intraspecific variability are shown, in contrast to phase IV, which denotes a greater differentiation of the specimens and a high stability of the intraspecific populations.

Keywords: Camelids, utilization, socioeconomic changes, osteometry.

Introducción

Los camélidos sudamericanos son los mamíferos ungulados de mayor tamaño en el área andina, son una fuente estable de bienes primarios y secundarios obtenidos y distribuidos de manera directa e indirecta (Mengoni, 1996, 2013; Wheeler, 1999; Moore, 2016). En los Andes, el amplio espectro de adaptabilidad a las dinámicas regionales en cada escenario geográfico, propició formas cada vez más diferenciadas y sofisticadas de explotación de los recursos animales desde sociedades de cazadores-recolectores hasta sociedades estatales.

Desde la aparición de los primeros camélidos domésticos en el sitio de Telarmachay (a 4200 msnm), en el departamento de Junín (Perú) entre 6500 y 6000 a.p. (Wheeler, 1999), la llegada a los diferentes tipos de ecosistemas de este importante recurso dependió de la *Regla de Inclinación Geográfica*, es decir, de la similitud y distancia geográfica existente entre los centros poblados regulares y los centros de domesticación (Uzawa, 2008). De este modo, fue posible proveer de productos a las sociedades andinas a partir del manejo de los rebaños de camélidos.

En el horizonte temprano (900-200 años a.C.), el inicio de la complejidad social y el establecimiento de sitios monumentales, permitió la configuración de una red extendida de intercambio que promovió el transporte de bienes entre diferentes regiones, trayendo consigo la difusión de los camélidos a gran escala, particularmente en el norte peruano (Uzawa, 2008). En el valle de Moche, Pozorski (1976) reporta la aparición de restos óseos de camélidos en el sitio de Caballo Muerto sugiriendo su importación desde la sierra, con el fin proveer progresivamente de una fuente de proteína estable alternativa a los recursos marinos.

El aumento en el consumo de camélidos en numerosos sitios costeros sugiere una mayor dependencia de los productos provenientes de la sierra (Shimada y Shimada, 1985; Bonavia, 1996). De acuerdo con Wing (1985) a partir de 450 años a.C. la presencia de camélidos comienza a ser más abundante. En consecuencia, se inicia el control local de los rebaños para ser utilizados en el transporte, la alimentación y en el sistema religioso como ofrendas en los contextos funerarios.

Presencia de camélidos en el Complejo arqueológico Huacas del Sol y de la Luna

El complejo arqueológico Huacas del Sol y de la Luna es un centro urbano, administrativo y ceremonial que se ubica en el valle de Moche a 6 km del litoral (Fig. 1). Está construido completamente de adobes paralelepípedos con una extensión de 290 m de norte a sur y 210 m de este a oeste, abarcando 60 hectáreas (Uceda, 1997, 2005).

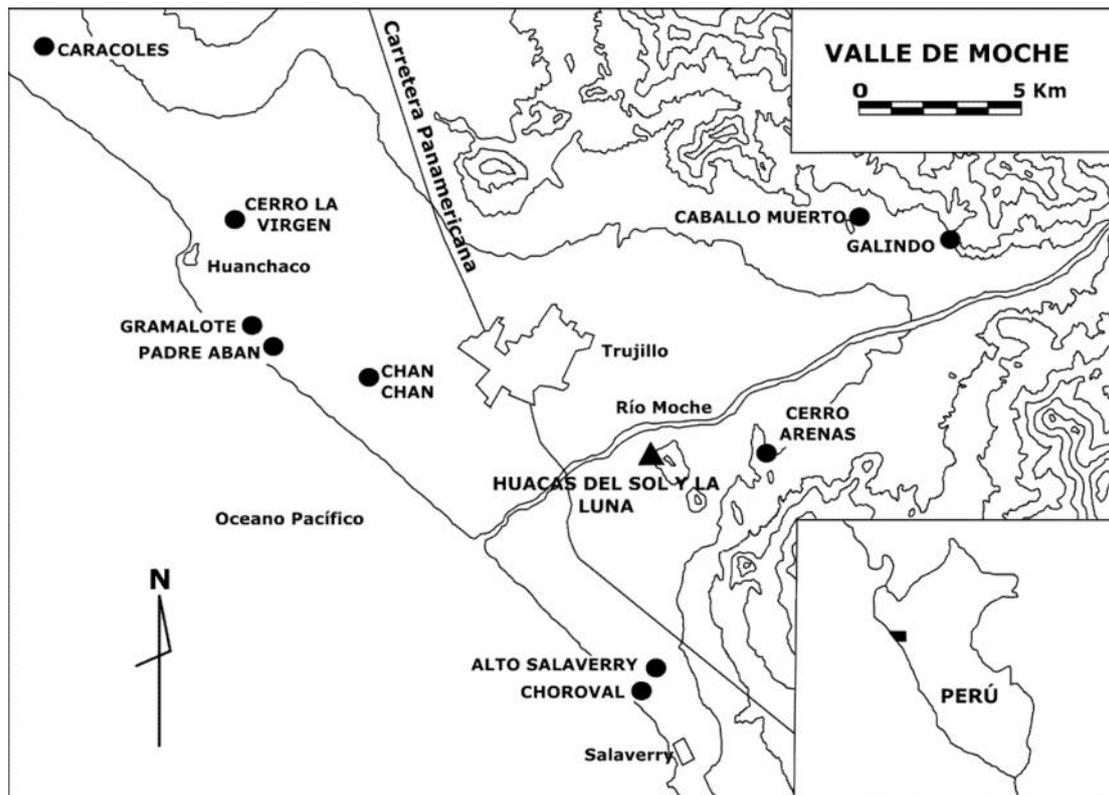


Figura 1. Plano de ubicación del Complejo Arqueológico Huacas del Sol y de la Luna. Tomado de: Pozorski (1979).

La datos cronológicos con fechas calibradas muestran un periodo de ocupación desde el 50 al 885 años d.C., estas fechas están asociados a los estilos cerámicos Mochica II, III y IV (Uceda y Meneses, 2016). La relación estratigráfica ha demostrado que en las Huacas de Moche, el estilo Mochica III está presente entre 50 años d.C. y 630 años d.C. mientras que el estilo Mochica IV entre 390 años d.C. y 885 años d.C. asimismo, ambos estilos coexistieron entre 390 años d.C. y 630 años d.C.

Las primeras investigaciones sobre la subsistencia de los pobladores del valle de Moche fueron llevados a cabo por Pozorski (1976 y 1979) sugiriendo que los habitantes de las Huacas de Moche eran dependientes de la carne de camélido, el cual era controlada y distribuida por el estado Mochica. El análisis de los restos orgánicos recuperados en los basureros de los espacios domésticos y ceremoniales mostró una representación del 90% de elementos óseos de camélidos sobre otros taxones.

Desde el año 1997 hasta la actualidad, Vásquez y Rosales realizan el estudio de los restos orgánicos provenientes del Complejo Arqueológico Huacas del Sol y de la Luna, proporcionando información sobre el aprovechamiento de camélidos en el periodo Mochica a través del análisis del perfil biológico, marcadores tafonómicos y osteometría. Los resultados alcanzados muestran la identificación de "alpacas" (*Vicugna pacos*) predominantemente, seguido de "llamas" (*Lama glama*) y eventualmente "vicuñas" (*Vicugna vicugna*) y guanacos (*Lama guanicoe*) demostrando el uso de rebaños mixtos.

Presencia de camélidos en el Conjunto Arquitectónico 35 (CA 35)

El conjunto arquitectónico 35 (CA35) se encuentra entre los cuadrantes E4 y F4 del sector urbano, tiene 15 m de sur a norte y 33 m de este a oeste con un área total de 495 m² (Tello et al, 2002, 2004, 2006). El CA35, está constituido por áreas de actividad doméstica, contiene 17 ambientes con un vestíbulo en común agrupadas en 2 subconjuntos o unidades arquitectónicas independientes unidas a través de una sola estructura (Fig. 2).

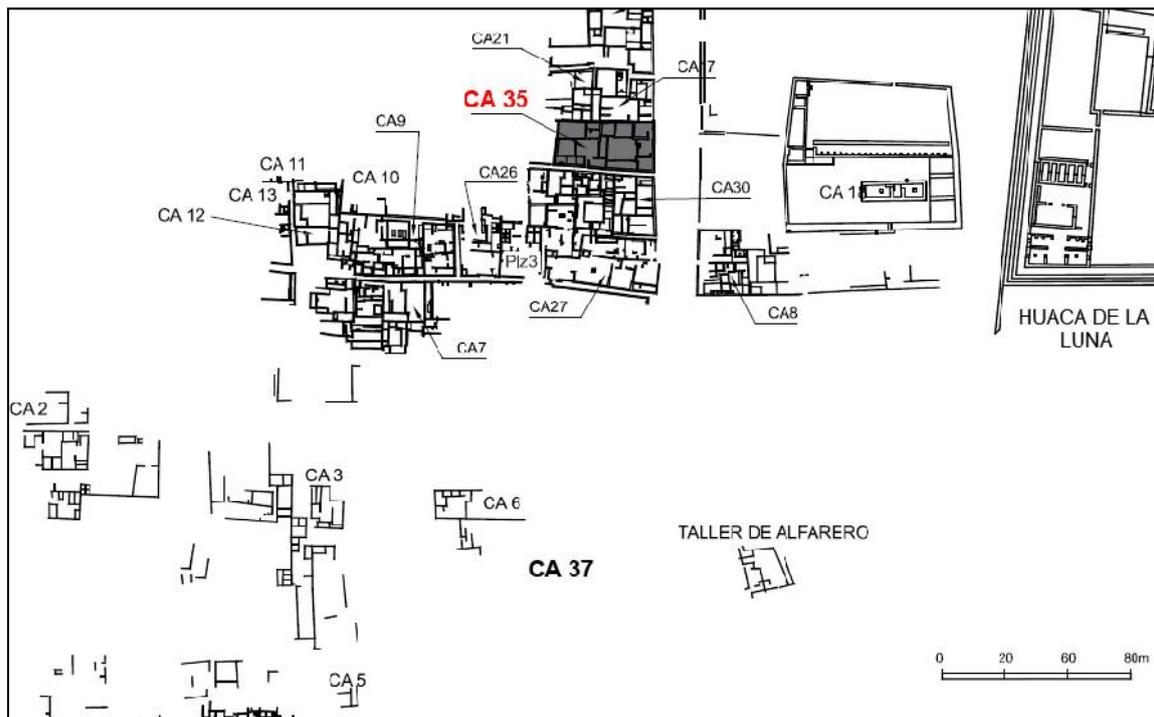


Figura 2. Plano de ubicación del conjunto arquitectónico 35 (CA35) en la Zona Urbana Moche. Tomado de: Tello (2013).

La dieta de los residentes del CA35 tenía un alto nivel de proteínas y calorías la cual se encontraba conformada en su mayoría por recursos marinos y terrestres con una gran variedad de especies (Tello et al, 2006). La principal fuente de carne fue proporcionada por los mamíferos (70.3%), peces (25.6 %) y aves (0.1%), según el Número de Especímenes Identificados (NISP), asimismo, los camélidos son los mamíferos con mayor presencia en los diferentes estratos y contextos pertenecientes al CA35 (Vásquez y Rosales, 2008c, 2012d, 2013b).

En el CA35, se presenta un cambio progresivo con respecto al acceso de los recursos, indicando un creciente nivel socioeconómico, manifestado en el abandono de los moluscos y aves marinas comunes en el Mochica III y el aumento paulatino en el volumen de camélidos y peces para la fase Mochica IV (Tello et al, 2013; Vásquez y Rosales, 2013b). Lo cual, implica una gran actividad de pesca con embarcaciones y aparejos de pesca en la orilla y en alta

mar, así como, el mantenimiento de los rebaños de camélidos en la Zona Urbana Moche para su explotación (Vásquez y Rosales, 2013b).

Con relación a la identificación de especies de camélidos por medio de la osteometría y la presencia de esmalte dentario en los incisivos, se ha demostrado que en la fase Mochica III, las proporciones de “llamas” y “alpacas” son similares, en cambio para la fase Mochica IV, la presencia de “alpacas” se incrementa (Vásquez y Rosales, 2012d). Asimismo, se ha reportado la intersección de “llamas” y “alpacas” en los grupos de clasificación osteométrica, lo cual, podría tratarse de posibles híbridos como resultado del cruce interespecífico (Vásquez y Rosales, 2013b).

Fases Mochica III y Mochica IV en el complejo arqueológico Huacas del Sol y de La Luna

Las ocupaciones continuas e ininterrumpidas de sitios mochicas y el desarrollo de procesos a largo plazo demuestran el éxito del establecimiento de una elite dominante. Las relaciones políticas, económicas, ideológicas y coercitivas permitieron la estructuración de estrategias para el control y legitimación de su posición social (Castillo y Uceda, 2008; Chapdelaine et al, 1997), dichas dinámicas se han manifestado mediante la producción y acumulación de bienes, así como la supervivencia exitosa de algunas tradiciones socioculturales.

Las investigaciones en el complejo arqueológico de la Huaca del Sol y de la Luna han mostrado una importante ocupación desde la fase Mochica III (300-650 años d.C.), con el establecimiento de zonas de explotación de recursos y el desarrollo de un núcleo urbano con una trama compuesta por ejes principales y accesos a diferentes sectores (Castillo y Uceda, 2008). Acorde al orden socioeconómico, regido por un estado teocrático, que basó su poder principalmente en la manipulación de las expresiones materializadas de su ideología.

El colapso del estado teocrático se debió al debilitamiento de las elites que ostentaban el poder por factores ambientales y presiones sociales externas como el posicionamiento de grupos culturales que comenzaron a tomar importancia ganando adeptos y erigiendo enclaves en cuellos de valle (Castillo y Uceda, 2008). En el valle de Moche, dichos cambios trajeron consigo el abandono del Templo Viejo y el desuso de ciertos íconos en la temática religiosa, ejemplificados por el mural denominado “*La rebelión de los artefactos*” que según Uceda (2005) marca el cambio sociocultural de un periodo a otro.

Durante la fase Mochica IV (650-850 años d.C.) ocurrieron grandes cambios en la organización tecnológica que están vinculados a los procesos de cambio de subsistencia y a la generación de nuevas formas económicas que permitieron la emergencia de un Estado Secular (Uceda y Meneses, 2016) con una práctica sociopolítica que incluye un aparato burocrático especializado (Tantaleán, 2005). Una expresión importante es el intento de construir el

Templo Nuevo incorporando elementos arquitectónicos utilizados en el Templo Viejo como respuesta a la reducida y debilitada elite sacerdotal.

La intromisión de productos foráneos en el valle de Moche durante la fase Mochica IV, provocó un re-direccionamiento del flujo de bienes producidos en los talleres, permitiendo el control de la producción en las residencias (Uceda, 2005). En este sentido, el poder adquisitivo y la emergencia de algunas elites en el sector urbano se debe a la acumulación de mercancías, y por tanto, el enriquecimiento de los señores de la Zona Urbana Moche.

Explotación de camélidos en sociedades complejas

En las sociedades complejas, una de las características más importante es el desarrollo de una economía especializada a partir de políticas estatales, mostrando una especialización en la explotación de animales y un mayor control, lo cual, afianza el poder de la élite dominante (Crabtree, 1990; deFrance, 2009; Mengoni, 2013). De manera que, la entidad política se encarga de reducir los impactos de la sobreexplotación, incorporando medidas tales como el incremento en la variabilidad de recursos faunísticos y botánicos, el manejo de las zonas de alimentación y las poblaciones de animales, la importación de productos alternos por medio del comercio, así como el uso de tecnologías involucradas en la explotación.

La gestión de los recursos puede mostrarse a partir de los mecanismos de control reproductivo que están destinados al mantenimiento del equilibrio de los rebaños (Flores-Ochoa, 1988; Bonavia, 1996; Vásquez y Rosales, 2012d). Los pastores de camélidos reducen la cantidad de machos en edad reproductiva para evitar disputas en el rebaño y propiciar la llegada de las nuevas crías disminuyendo el estrés alimenticio, asimismo, se sacrifican a los animales enfermos o aquellos que causan algún conflicto en el rebaño, lo cual permite obtener beneficios a largo plazo.

Por otro lado, en una sociedad compleja, cuyo objetivo es buscar la rentabilidad económica, las acciones de control de los rebaños de acuerdo al sexo, edad y especie permiten la reducción del comportamiento territorial, asignar funciones específicas y mantener los rebaños en mejores condiciones, obteniendo un alto rendimiento del recurso faunístico (Pozorski y Pozorski, 2003; Vásquez y Rosales, 2012d; Moore 2016). Estas medidas permiten satisfacer la demanda de los diferentes segmentos particulares de la sociedad con productos primarios como carne y fibra, para ser destinados a la fabricación u obtención de ciertos bienes, tales como textiles o *ch'arki*.

El efecto de la regla de Bergmann en la morfometría de camélidos

La *Regla de Bergmann* (1847) propone que las poblaciones animales homeotermas incrementan su tamaño corporal en correlación directa con el incremento de la latitud y la disminución de la temperatura, debido a que el aumento en el volumen de masa disminuye la tasa metabólica, lo que resulta en una menor pérdida de calor relativo corporal. Esta medida adaptativa,

tendría una mayor validez en un nivel intraespecífico y en regiones con una baja competencia trófica (Ashton et al, 2000).

En Sudamérica, este fenómeno provoca que los camélidos desarrollaran características distintas de acuerdo a la geografía del continente. En la región austral, los estudios osteométricos muestran una relación positiva del incremento del tamaño de los guanacos y la segregación morfométrica con el aumento de la latitud y el cambio climático (L'Heureux 2005, 2007; Izeta et al, 2009a, 2009b; Izeta 2010).

En la región boreal, los estudios en Pirincay han mostrado la presencia de una "llama" de talla baja en el periodo formativo de Ecuador (Miller y Gill, 1990). De otra parte, las primeras aproximaciones sobre un fenotipo distinto criado en el periodo mochica provienen de las escenificaciones de la cerámica, que muestran camélidos con extremidades y cuellos cortos (Bonavia, 1996). Asimismo, los estudios osteométricos han revelado la superposición de los gradientes morfométricos de los individuos que clasifican para "llama" y "alpaca", lo cual podría tomarse como un modo de especiación geográfica o vicariante a partir de primeras colonias criadas en ecosistemas costeros (Vásquez y Rosales, 2009).

En suma, los aspectos que involucran la explotación de camélidos desde una perspectiva diacrónica son relevantes para la observación del grado de incidencia de los procesos socioeconómicos en las actividades de producción del recurso faunístico a través de la osteometría. Así también, el estudio podría determinar la influencia de factores adaptativos y biológicos en la disposición de los gradientes morfométricos.

Materiales y Métodos

Para este estudio se ha seleccionado la primera falange, que es uno de los elementos óseos con mayor abundancia debido a su buena conservación en los contextos arqueológicos demostrando un alto potencial resolutivo en la discriminación de los grupos de camélidos sudamericanos (grupo grande: "guanaco" y "llama", y grupo pequeño: "vicuña" y "alpaca"). Asimismo, su estudio goza de una gran difusión en las investigaciones arqueológicas y permite la comparación de los datos obtenidos (Kent, 1982; Izeta et al, 2009b, Vásquez y Rosales, 2009; Gasco, 2012).

Las primeras falanges fueron recolectadas teniendo en cuenta la asociación estratigráfica, la seriación cerámica y la datación radiocarbónica que caracteriza a cada fase en los distintos ambientes, pisos (P) y rellenos de piso (RP). La fase Mochica IV esta constituida por el P1, RP1, P2 y RP2, por su parte la fase Mochica III se conforma por el P3, RP3, P4, RP4, P5, RP5, P6 y RP6. La osteometría realizada se basa en las medidas de las cinco variables propuestas por Kent (1982) que fueron aplicadas a las primeras falanges delanteras y traseras.

Los elementos óseos utilizados para el análisis osteométrico fueron seleccionados teniendo en cuenta: a) la diferencia existente en los cóndilos distales entre falanges delanteras y traseras, b) la fusión completa de las

epífisis y los centros de osificación, c) cualquier tipo de alteración de orden biológico y/o antrópico que comprometa la conservación del elemento óseo y d) cualquier tipo de patología que pueda cambiar la morfología ósea.

Los valores métricos fueron obtenidos con un calibrador con una precisión de ± 0.02 y fueron procesadas en unidades milimétricas (mm) tomadas tres veces para obtener un promedio y así evitar los sesgos y el solapamiento de los valores (Rosales, 1998).

Los datos osteométricos obtenidos fueron ingresados en una hoja de cálculo Excel de Microsoft Office 2013 y fueron diferenciadas mediante las fórmulas de clasificación desarrolladas por Kent (1982) para cada especie de acuerdo a los gradientes morfométricos que los caracterizan.

Con el motivo de observar las tendencias en el agrupamiento de los elementos se efectuaron análisis exploratorios y estadísticos. En este aspecto, se ha realizado un diagrama de superposición combinando las variables P1V2 (Ancho Proximal Latero Medial) y P1V3 (Ancho Proximal Antero Posterior), variables discriminatorias de los dos grupos de camélidos que permiten separar por gradiente de tamaño a las especies.

Dentro de las técnicas de análisis de multivariantes, se ha empleado el análisis de conglomerados por el método UPGMA (*Unweighted Pair Group using Arithmetical Averages*) que genera matrices de distancias representados en dendrogramas o fenogramas a fin de agrupar los datos como unidades taxonómicas independientes, lo que permite, observar las relaciones interespecíficas en los camélidos identificados.

También se ha aplicado el APC (Análisis Principal de Componentes) (Shennan, 1992; Baxter, 2016). De modo que, la relación de los datos interespecíficos de los camélidos se demuestra mediante la proximidad espacial cartesiana en un diagrama de dispersión.

Otra técnica a considerar fue el uso de las medidas de tendencia central, específicamente las Medias Geométricas (MG). Siguiendo a L'Heureux (2005, 2007) e Izeta (2010), la MG puede tomarse como una medida general que representa el tamaño del elemento óseo, obtenida mediante el cálculo de la raíz enésima del producto de "n" valores de un conjunto de "n" números positivos, bajo la fórmula:
$$\sqrt[n]{(X_1)(X_2)(X_3)\dots(X_n)}$$

Los datos están representados en diagramas de cajas y bigotes para cada primera falange construidos a partir de los cuartiles 1 (Q1) y 3 (Q3), que concentran los datos con respecto a su media (Q2) y permiten apreciar la simetría y la equidistancia de los datos (Córdova, 2008; Baxter, 2016).

Los análisis estadísticos de multivariantes y de tendencia central, así como la representación gráfica de los datos fueron elaborados con el programa *Palaeontological Statistic* (PAST) versión 3.0. El cual ofrece una plataforma de fácil acceso y ejecución (Fernández-Martínez, 2015).

Resultados

El resultado del análisis osteométrico de las primeras falanges delanteras comprenden 98 ejemplares: 32 falanges delanteras pertenecen a la fase Mochica III y 28 falanges delanteras a la fase Mochica IV. Por su parte, el resultado de las primeras falanges traseras está compuesto por 15 elementos de la fase Mochica III y 23 elementos de la fase Mochica IV.

Aplicación de coeficientes de clasificación

Los valores morfométricos obtenidos por la aplicación de los coeficientes de clasificación en las falanges delanteras para la fase Mochica III indican un número de 21 especímenes de alpaca, 6 especímenes de llama, 3 especímenes de guanaco y 2 especímenes de vicuña (Tabla 1). Por su parte, en la muestra de la fase Mochica IV se evidencian 21 especímenes de alpaca, 6 especímenes de llama y 1 espécimen de vicuña (Tabla 2).

La clasificación de las falanges traseras ha permitido identificar en la fase Mochica III: 13 especímenes de alpaca y 2 especímenes de llama (Tabla 3). En caso de la fase Mochica IV se ha identificado 15 especímenes de alpaca, 8 especímenes de llama y 1 espécimen de guanaco (Tabla 4).

Tabla 1. Datos osteométricos de las primeras falanges delanteras de camélidos en la Fase Mochica III.

FASE MOCHICA III									
ID	1° FALANGE DELANTERA				COEFICIENTES DE CLASIFICACIÓN				TAXA IDENTIFICADO
	FP1V1	FP1V2	FP1V4	FP1V5	CCG	CCL	CCA	CCV	
340	67.64	18.92	16.93	15.11	230.17	250.98	252.13	247.28	Vicugna pacos
821	61.65	19.39	16.19	14.85	204.99	230.72	234.15	224.95	Vicugna pacos
823	59.31	18.18	16.15	13.94	162.91	198.97	207.09	196.49	Vicugna pacos
825	66.93	20.01	17.47	16.07	230.61	255.55	254.7	244.43	Lama glama
826	66.22	18.63	15.39	15.13	234.96	246.62	250.83	250.6	Vicugna pacos
827	65.28	18.9	15.5	15.12	232.32	245.77	249.48	247.58	Vicugna pacos
828	72.45	20.63	17.42	15.96	303.17	307.5	299.63	298.18	Lama glama
715	56.76	19.53	14.52	13.3	217.47	232.33	235.94	231.45	Vicugna pacos
830	61.12	17.53	14.32	14.44	184.71	204.45	216	214.45	Vicugna pacos
831	60.62	17.18	14.21	14.55	169.9	192.86	206.57	204.3	Vicugna pacos
735	65.27	19.08	15.74	13.72	255.88	264.13	263.63	264.55	Lama glama
737	59.32	18.38	15.4	14.35	175.38	204.49	213.1	204.87	Vicugna pacos
740	59.72	17.96	15.46	13.72	175.9	204.53	213.07	206.62	Vicugna pacos
743	72.14	20.13	16.27	14.43	330.35	320.71	312.06	319.17	Lama guanicoe
746	69.44	19.46	19.9	15.2	209.52	251.28	247.63	232.17	Lama glama
773	63.32	20.18	16.1	14.8	246.21	260.73	259.5	253.69	Lama glama
722	68.69	19.81	16.64	14.6	279.43	286.01	281.54	281.38	Lama glama
723	55.71	17.32	14.09	12.48	163.48	188.54	200.48	197.37	Vicugna pacos
724	71.39	21.08	16.67	15.73	323.27	319.01	309.85	311.1	Lama guanicoe
727	60.88	17.13	15.16	14.28	158.62	189.34	201.97	196.53	Vicugna pacos
728	57.59	18.31	16.23	14.26	144.06	186.24	195.84	181.61	Vicugna pacos
729	62.06	18.66	16.47	13.89	197.98	226.01	229.77	222.1	Vicugna pacos
730	62.91	19.19	15.45	13.92	238.84	250.94	252.38	250.71	Vicugna pacos
731	60.16	18.09	14.34	13.61	205.19	220.17	228.09	227.64	Vicugna pacos
732	54.82	16.79	13.91	12.95	135.15	166.7	182.75	177.59	Vicugna pacos
733	60.13	17.8	14.14	13.39	203.43	217.53	226.26	227.09	Vicugna vicugna
753	57.23	17.57	14.25	13.26	169.69	193.92	205.45	201.84	Vicugna pacos
754	63.06	17.45	14.44	14.75	193.44	210.93	222.03	221.86	Vicugna pacos
1258	58.7	18.04	15.06	13.07	186.16	210.19	217.79	213.46	Vicugna pacos
721	58.22	19.51	14.71	13.59	222.56	236.69	239.89	235.85	Vicugna pacos
1543	67.48	19.17	15.07	13.97	286.9	282.92	281.29	287.75	Vicugna vicugna
1544	72.98	20.5	16.79	14.9	332.41	325.15	315.19	320.12	Lama guanicoe

Tabla 2. Datos osteométricos de las primeras falanges delanteras de camélidos de la Fase Mochica IV.

FASE MOCHICA IV									
ID	1° FALANGE DELANTERA				COEFICIENTES DE CLASIFICACIÓN				TAXA IDENTIFICADO
	FP1V1	FP1V2	FP1V4	FP1V5	CCG	CCL	CCA	CCV	
8	67.64	18.92	16.93	15.11	230.17	250.98	252.13	247.28	<i>Vicugna pacos</i>
421	67.24	19.63	16.11	15.18	260.48	269.73	268.75	267.2	<i>Lama glama</i>
49	66.71	20.35	17.15	15.4	254.93	271.94	268.37	261.22	<i>Lama glama</i>
491	56.13	17.39	14.74	12.95	150.53	182.48	194.62	187.98	<i>Vicugna pacos</i>
406	68.31	18.77	16.34	15.41	237.52	253.05	255.32	253.17	<i>Vicugna pacos</i>
493	54.15	16.63	14.44	12.64	119.91	158.24	174.47	166.73	<i>Vicugna pacos</i>
780	58.13	18.53	16.04	14.67	152.29	191.44	200.78	187.19	<i>Vicugna pacos</i>
782	57.83	18.49	15.22	13.25	185.53	211.26	217.98	211.45	<i>Vicugna pacos</i>
783	66.49	19.61	17.18	15.41	230.46	253.52	253.24	245.2	<i>Lama glama</i>
796	53.17	17.02	13.34	12.42	144.96	171.48	186.8	183.38	<i>Vicugna pacos</i>
713	60.21	17.22	14.62	13.36	179.25	201.71	212.52	211.08	<i>Vicugna pacos</i>
716	58.03	18.83	17.75	12.88	159.12	205.21	208.28	191.94	<i>Vicugna pacos</i>
719	54.65	18.05	14.44	13.46	153.07	183.94	195.79	187.34	<i>Vicugna pacos</i>
742	60.89	17.44	14.23	14.49	180.68	201.02	213.28	211.62	<i>Vicugna pacos</i>
744	58.98	17.92	15.11	14.15	166.98	196.45	206.91	199.76	<i>Vicugna pacos</i>
745	59.94	18.2	14.97	13.93	190.19	212.68	220.77	216.39	<i>Vicugna pacos</i>
749	67.6	18.99	15.47	14.91	260.6	265.73	266.83	269.03	<i>Vicugna vicugna</i>
767	53.54	18.65	14.75	14.06	145.2	180.79	192.24	179.53	<i>Vicugna pacos</i>
771	66.68	20.39	17.11	15.81	249.91	268.19	265.48	257.38	<i>Lama glama</i>
776	65.17	20.35	16.94	16.15	232.09	254.71	254.2	243.73	<i>Lama glama</i>
777	62.17	20.49	15.95	14.98	244.26	259.18	258.01	250.91	<i>Lama glama</i>
778	59.93	17.93	14.85	14.56	174.11	200.17	210.97	205.24	<i>Vicugna pacos</i>
720	63.42	18.41	16.2	15.33	184.89	214.74	222.09	213.54	<i>Vicugna pacos</i>
750	52.68	16.54	13.5	12.58	120.9	154.4	172.42	166.87	<i>Vicugna pacos</i>
752	63.76	17.84	15.12	14.53	203.11	221.67	229.75	228.37	<i>Vicugna pacos</i>
757	53.37	16.41	13.4	12.24	130.77	160.72	178	174.74	<i>Vicugna pacos</i>
751	68.46	18.64	16.87	15.49	224.56	246.15	248.79	244.21	<i>Vicugna pacos</i>
758	57.05	17.82	14.72	13.16	168.74	195.92	206.07	200.52	<i>Vicugna pacos</i>

Tabla 3. Datos osteométricos de las primeras falanges traseras de camélidos en la Fase Mochica III.

FASE MOCHICA III										
ID	1° FALANGE TRASERA					COEFICIENTES DE CLASIFICACIÓN				TAXA IDENTIFICADO
	BP1V1	BP1V2	BP1V3	BP1V4	BP1V5	CCG	CCL	CCA	CCV	
822	59,32	19,27	16,85	14,57	14,52	306.196	314.058	316.143	306.546	<i>Vicugna pacos</i>
824	53,66	16,76	14,16	13,58	12,57	228.038	243.868	254.109	251.806	<i>Vicugna pacos</i>
829	54,23	17,46	14,69	14,34	13,6	233.24	250.725	259.722	254.696	<i>Vicugna pacos</i>
832	53,43	16,39	14,72	12,84	13,02	208.032	225.064	239.663	234.726	<i>Vicugna pacos</i>
833	53,05	16,55	15,03	12,84	12,89	220.19	236.014	249.426	242.893	<i>Vicugna pacos</i>
736	55,5	17,92	16,03	14,05	12,63	307.523	314.943	317.117	309.639	<i>Vicugna pacos</i>
738	55,62	18,08	15,25	14,68	12,63	301.468	310.706	311.608	307.026	<i>Vicugna pacos</i>
747	58,53	17,65	15,19	14,62	13,48	283.303	293.725	297.572	296.724	<i>Vicugna pacos</i>
748	59,47	17,96	16,26	14,18	13,11	322.955	327.351	328.351	324.811	<i>Vicugna pacos</i>
770	56,61	18,88	16,25	14,46	13,33	310.128	317.79	318.682	309.553	<i>Vicugna pacos</i>
725	58,57	17,5	15,14	13,94	13,33	269.656	279.774	286.012	285.063	<i>Vicugna pacos</i>
726	57,7	18,78	16,14	14,77	13,53	313.309	321.007	321.281	314.228	<i>Vicugna pacos</i>
734	58,07	18,87	16,09	15,45	13,91	318.134	327.062	325.954	319.672	<i>Lama glama</i>
755	56,55	16,79	15,16	14,03	12,67	281.236	291.289	296.613	295.428	<i>Vicugna pacos</i>
761	58,13	18,67	16,07	15,19	13,63	320.189	328.089	327.188	321.512	<i>Lama glama</i>

Tabla 4. Datos osteométricos de las primeras falanges traseras de camélidos en la Fase Mochica IV.

FASE MOCHICA IV										
ID	1° FALANGE TRASERA					COEFICIENTES DE CLASIFICACIÓN				TAXA IDENTIFICADO
	BP1V1	BP1V2	BP1V3	BP1V4	BP1V5	CCG	CCL	CCA	CCV	
413	62,52	18,59	16,9	14,93	14,16	343.733	346.838	345.295	342.039	Lama glama
422	60,01	17,64	16,04	15,73	14,44	311.22	321.695	322.617	321.29	Vicugna pacos
156	59,39	18,52	16,59	14,62	13,54	330.715	335.557	335.09	329.252	Lama glama
211	54,91	17,65	15,82	14,63	13,09	295.734	306.668	309.562	302.631	Vicugna pacos
471	64,62	20,1	18,62	16,44	15,04	419.425	417.423	406.648	398.465	Lama guanicoe
492	49,27	15,99	13,5	12,92	10,86	223.626	239.452	250.157	247.125	Vicugna pacos
494	48,4	16,02	14,02	12,98	11,22	223.522	240.429	251.754	245.592	Vicugna pacos
795	55,57	17,86	16,11	14,03	12,95	298.582	307.207	310.662	302.736	Vicugna pacos
797	52,66	16,38	15,03	13,42	12,62	241.067	256.175	266.66	261.014	Vicugna pacos
714	59,66	18,75	16,25	16,15	13,22	372.1	375.649	367.989	365.257	Lama glama
717	63,75	19,65	16,61	15,72	14,43	356.505	359.059	353.763	351.319	Lama glama
718	56,22	17,58	16,56	14,67	14,51	276.861	290.691	297.171	288.139	Vicugna pacos
739	58,21	19,39	17,18	16,16	14,62	346.514	354.724	350.672	340.162	Lama glama
764	53,34	16,54	16,48	13,73	12,83	288.75	299.676	306.33	297.003	Vicugna pacos
765	57,12	19,52	16,58	16,04	14,07	339.197	347.753	343.491	333.63	Lama glama
766	52,55	18,09	15,47	14,36	13,2	263.772	278.469	284.135	273.784	Vicugna pacos
768	58,01	18,77	16,02	14,86	14	297.577	307.389	309.308	302.553	Vicugna pacos
774	52,23	16,11	14,91	13,64	12,41	246.772	261.99	271.631	266.887	Vicugna pacos
779	57,42	20,25	17,42	16,51	14,91	351.478	360.27	354.624	340.593	Lama glama
756	52,84	17,42	14,83	13,42	12,44	246.416	260.028	268.465	261.664	Vicugna pacos
759	52,01	16,53	14,87	13,34	11,78	260.14	272.5	280.307	274.938	Vicugna pacos
760	58,34	18,53	15,79	14,61	13,74	294.313	303.522	306.023	300.924	Vicugna pacos
762	56,77	19,74	15,37	15,26	13,27	310.391	319.102	316.895	309.802	Lama glama
763	52,15	16,06	14,25	13,47	11,58	250.822	264.344	272.696	270.768	Vicugna pacos

La clasificación de Kent (1982) aplicado a ambas fases muestra cantidades similares en la representación de camélidos, demostrando estrategias de producción dirigidas al manejo de rebaños específicos. Es posible que los altos índices de alpacas se deriven de una explotación concentrada en productos como la fibra y la carne. Por otro lado, la baja cantidad de llamas en ambas muestras pueden derivar de individuos utilizados como animales de carga que alternativamente eran aprovechados.

Los ejemplares clasificados como vicuñas podrían asociarse a un consumo eventual o a fallas estructurales en su consistencia ósea debido a que estos camélidos comparten características morfológicas muy cercanas a las alpacas (Vásquez y Rosales, 2012d, 2016). La identificación de guanacos en ambas fases podría estar relacionada a la obtención de camélidos en ecosistemas altoandinos próximos a la costa o de llamas cargueras que han alcanzado un tamaño similar al guanaco en los gradientes morfométricos.

Análisis bivariado

El diagrama de dispersión bivariado a partir de la correlación positiva de las variables P1V2 (Ancho Proximal Latero Medial) y P1V3 (Ancho Proximal Antero Posterior) de la primera falange delantera y trasera de la fase Mochica III muestra a los camélidos del grupo grande (llama y guanaco) en el extremo superior derecho y los camélidos del grupo pequeño (alpaca y vicuña) en el extremo inferior izquierdo (Fig. 3 y 4).

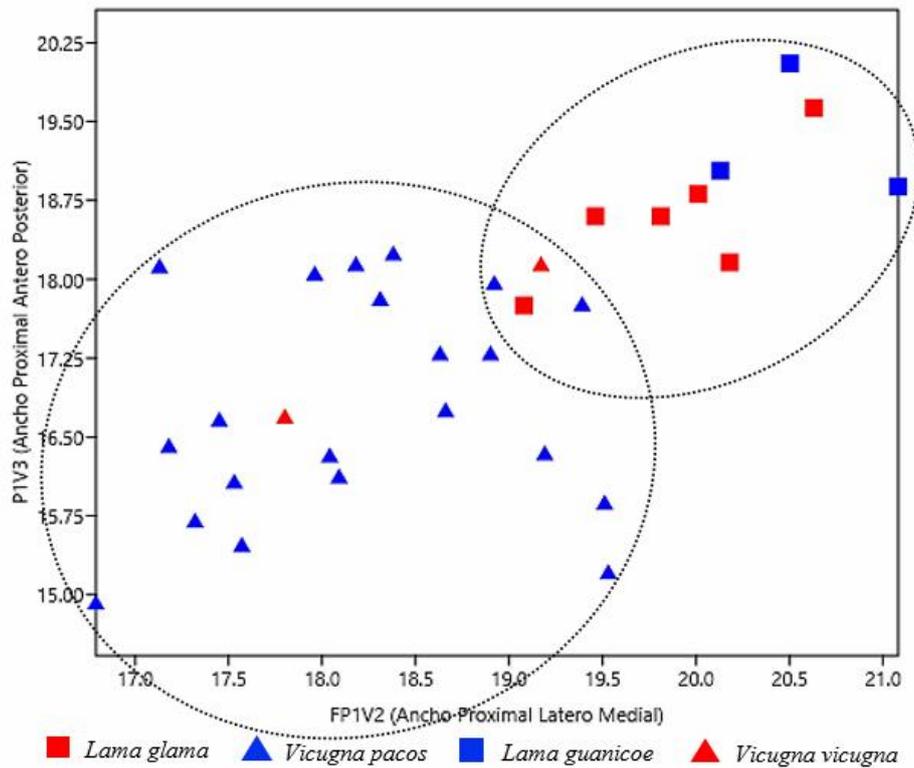


Figura 3. Gráfico de dispersión bivariado de la primera falange delantera. Fase Mochica III.

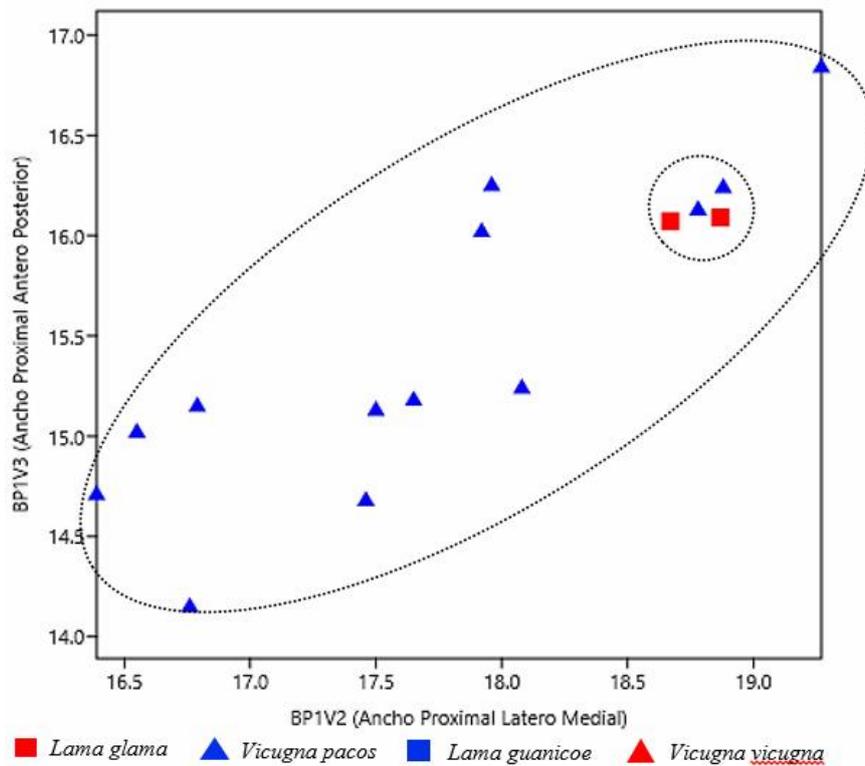


Figura 4. Gráfico de dispersión bivariado de la primera falange trasera. Fase Mochica III.

Es posible observar una mayor concentración espacial de los ejemplares del grupo grande en contraste con la dispersión de ejemplares del grupo

pequeño en el eje de las abscisas, demostrando una alta variabilidad intragrupal. La superposición de los especímenes muestra la intersección de los grupos en esta fase sugiriendo gradientes morfométricos similares entre ellos, especialmente en las primeras falanges traseras.

En la fase Mochica IV observamos que la concentración de especímenes muestra la divergencia entre los grupos grande y pequeño (Fig. 5 y 6). La dispersión en el eje de las abscisas sugiere una significativa variabilidad interna en ambos grupos. La superposición de los especímenes es muy baja, en caso de la primera falange trasera la superposición de algunos especímenes podría estar relacionada a su parcial eficacia osteométrica con respecto a la primera falange delantera.

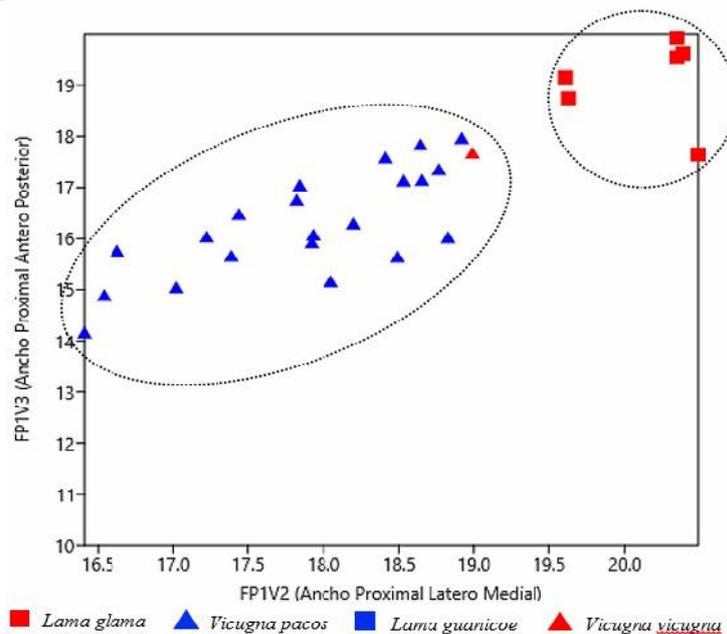


Figura 5. Gráfico de dispersión bivariado de la primera falange delantera. Fase Mochica IV.

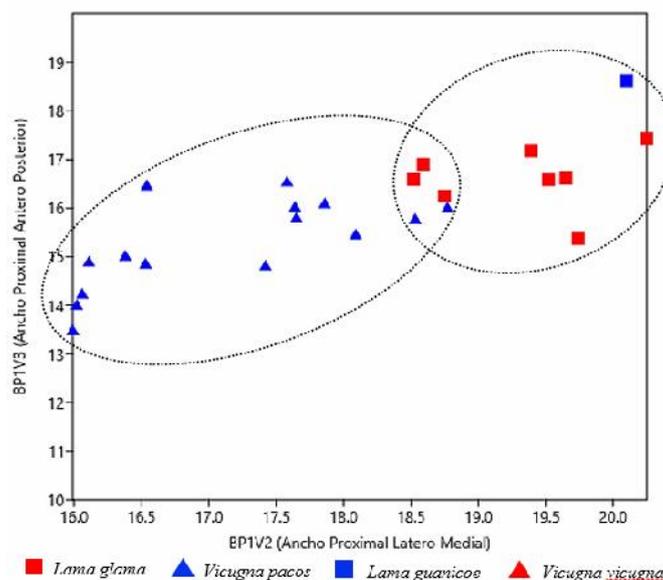


Figura 6. Gráfico de dispersión bivariado de la primera falange trasera. Fase Mochica IV.

Análisis de conglomerados por UPGMA

En el análisis de conglomerados por el método de UPGMA los resultados alcanzados dependieron de la recurrencia de las variables medidas (Baxter, 2016). El agrupamiento de los especímenes se ejemplifica mediante la descripción de las relaciones dadas en el conjunto de datos disponibles, que se asocian de acuerdo a su semejanza taxonómica dentro de los gradientes morfométricos vinculados a los camélidos sudamericanos.

El dendrograma obtenido a partir de la primera falange delantera en la fase Mochica III muestra el distanciamiento del material de control, falanges de Cabra moderna (Ca-M) provenientes de la colección de referencia del Centro de Investigaciones Arqueobiológicas y Paleoecológicas Andinas – ARQUEOBIOS, utilizadas para demostrar la eficacia del método y las mediciones tomadas (Fig. 7).

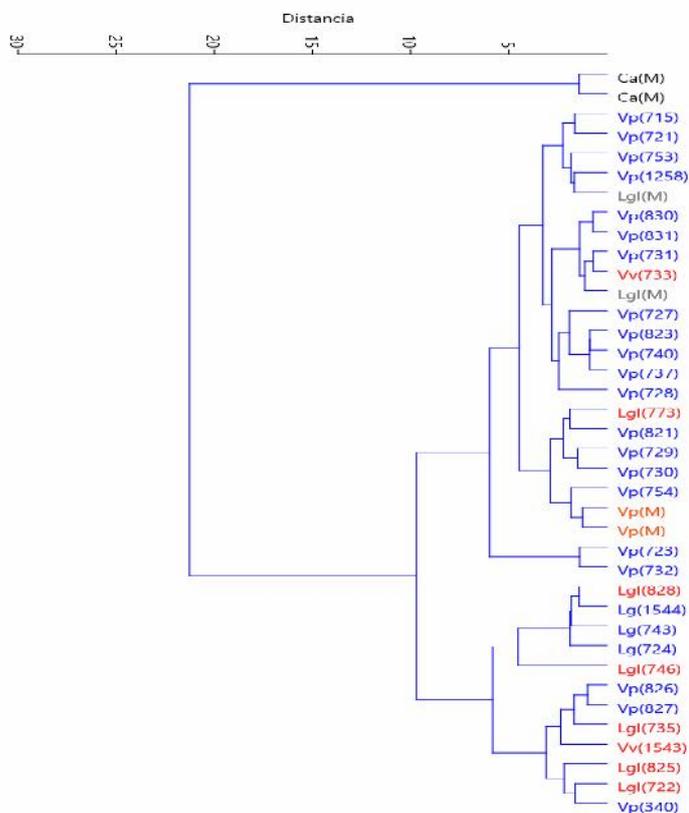


Figura 7. Dendrograma resultado del análisis de conglomerados de la primera falange delantera. Fase Mochica III. Lgl (*Lama glama*), Vp (*Vicugna pacos*), Lg (*Lama guanicoe*), Vv (*Vicugna vicugna*), Ca (*Capra aegogrus*).

El agrupamiento de los camélidos, con un coeficiente de correlación de 0.86, establece dos grandes conglomerados: un conglomerado conformado por la mayoría de especímenes de alpacas, que incluye a los ejemplares de “llama” (Lgl-M) y “alpaca” modernos (Vp-M), estos últimos pertenecen al Centro de Investigaciones Arqueobiológicas y Paleoecológicas Andinas – ARQUEOBIOS, y un conglomerado que de acuerdo a la similitud de los datos asocia a especímenes de llama, guanaco, alpaca y vicuña. Además, se observa en

ambos conglomerados asociaciones parciales de especímenes de alpacas que forman subconjuntos de similitud taxonómica.

En comparación, los conglomerados representados en el dendrograma que pertenecen a la primera falange trasera, con un coeficiente de correlación de 0.95, muestran dos subgrupos: el primer subgrupo está constituido mayoritariamente por especímenes de “alpaca” que vincula a corta distancia dos especímenes de “llama”, en contraste, el segundo subgrupo está compuesto por especímenes parcialmente homogéneos de “alpacas” (Fig. 8). Las distancias en las matrices denotan una variabilidad taxonómica entre los especímenes de alpaca.

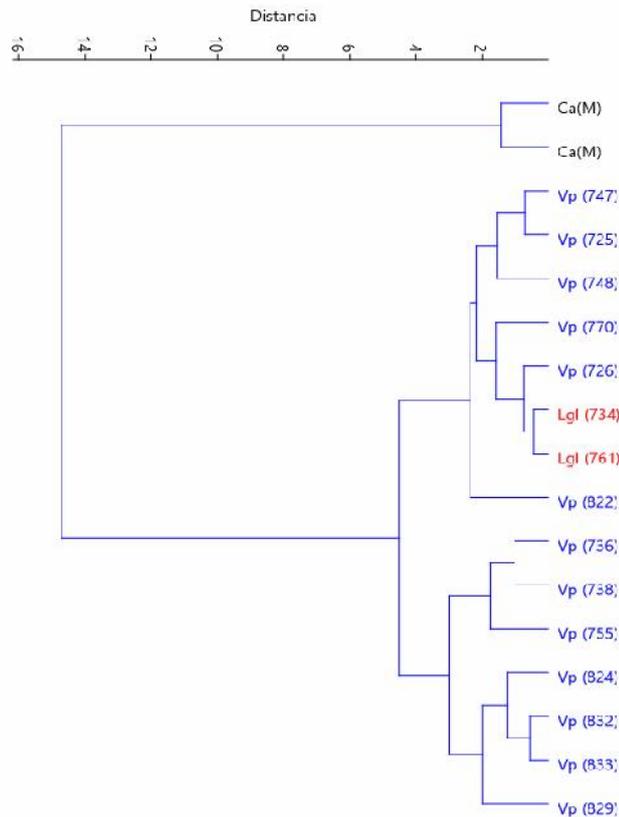


Figura 8. Dendrograma resultado del análisis de conglomerados de la primera falange trasera. Fase Mochica III. Lgl (*Lama glama*), Vp (*Vicugna pacos*), Lg (*Lama guanicoe*), Vv (*Vicugna vicugna*), Ca (*Capra aegagrus*).

Las relaciones de similitud en los conglomerados de camélidos en la fase Mochica III muestran a llamas, alpacas, guanacos y vicuñas entremezcladas en una matriz de distancia con agrupaciones parciales de alpacas. Este hecho estaría asociado al efecto filogenético del cruce bidireccional en camélidos, con fines adaptativos o de mejoramiento, que denota una dominancia jerárquica de las alpacas.

La aplicación del análisis de conglomerados en las primeras falanges delanteras de la fase Mochica IV, con un coeficiente de correlación de 0.85, revela dos grandes conglomerados en la misma distancia (Fig. 9). El primer conglomerado expone subgrupos concentrados de alpaca y llama asociados a

las alpacas modernas, con una clara distancia en la distribución con respecto a subgrupos de llamas en las ramas inferiores, el segundo conglomerado se divide en dos subgrupos, por un lado, se muestra ejemplares de alpaca reunidos a diferentes distancias incluyendo las muestras de llama moderna y en el otro se aprecia la asociación homogénea de especímenes de alpaca.

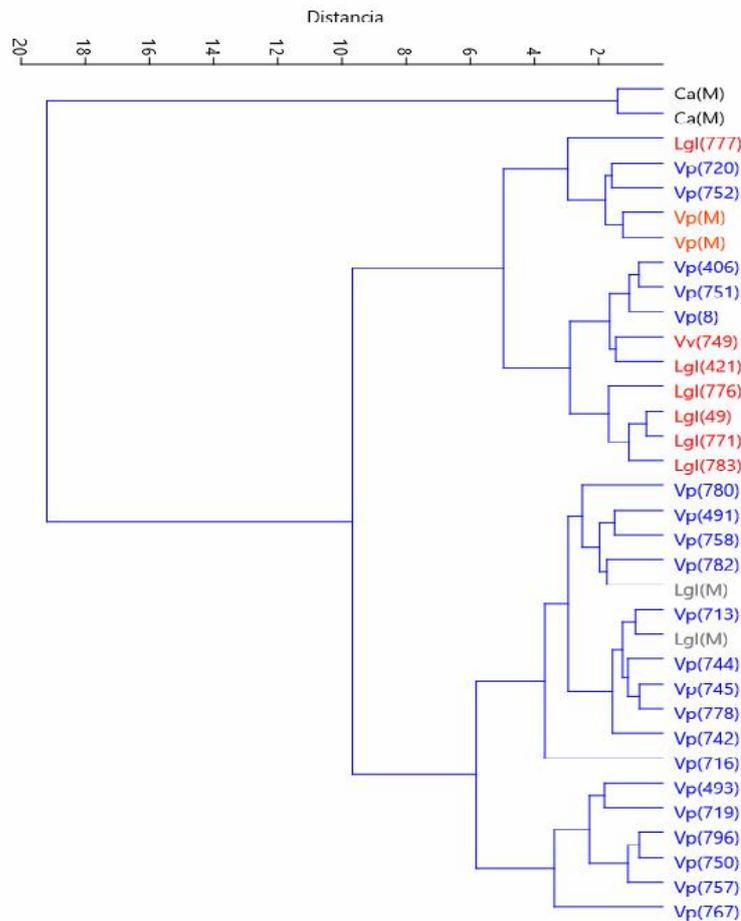


Figura 9. Dendrograma resultado del análisis de conglomerados de la primera falange delantera. Fase Mochica IV. Lgl (*Lama glama*), Vp (*Vicugna pacos*), Lg (*Lama guanicoe*), Vv (*Vicugna vicugna*), Ca (*Capra aegogrus*).

Por su parte, el dendrograma de la primera falange trasera, con un coeficiente de correlación de 0.81, muestra dos grandes agrupaciones, una en la que se agrupan subgrupos de llamas y alpacas en diferentes distancias que incluyen un espécimen de guanaco asociado a dos especímenes de “llamas”. La agrupación de “llamas” y “alpacas” se muestra de manera más concentrada y con una distribución equilibrada (Fig. 10). El otro conglomerado presenta un grupo de alpacas con diferentes vínculos en su matriz de distancia que revelan la recurrencia de valores muy similares.

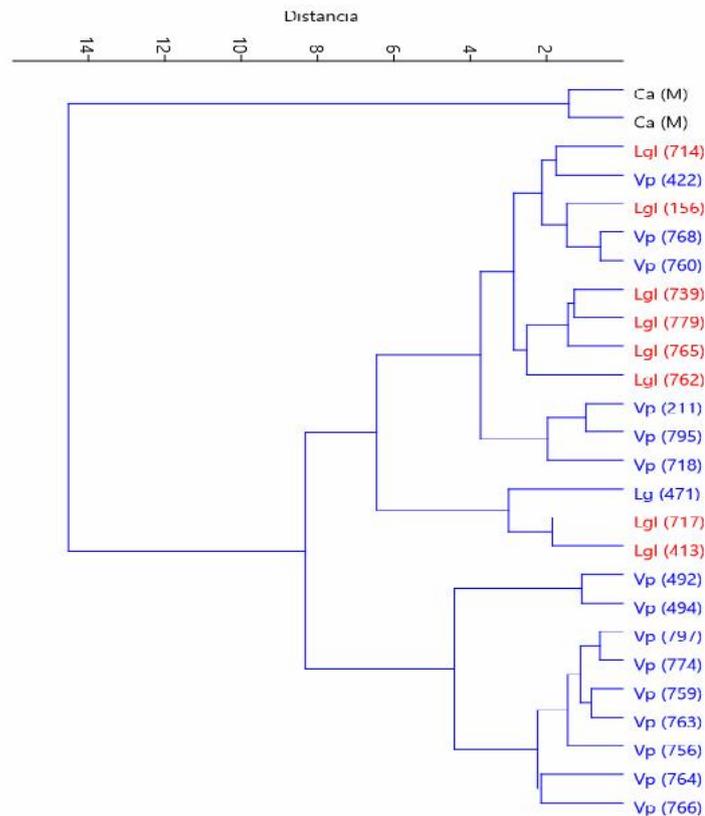


Figura 10. Dendrograma resultado del análisis de conglomerados de la primera falange trasera. Fase Mochica IV. Lgl (*Lama glama*), Vp (*Vicugna pacos*), Lg (*Lama guanicoe*), Vv (*Vicugna vicugna*), Ca (*Capra aegagrus*).

En la fase Mochica IV se observa la conjunción de especímenes en dos grandes grupos. El primer conglomerado en ambas falanges muestra especímenes asociados en subgrupos más concentrados con un grado de similitud y distribución muy similares, lo cual, respondería a un mejor manejo de los rebaños y su utilización para funciones diferenciadas. El segundo conglomerado representado agrupa especímenes de alpacas de manera homogénea, es posible que en esta fase se haya producido la especiación local de algunos grupos sometidos a una selección constante.

Análisis Principal de Componentes (APC)

El APC ha sido utilizado como método de comprobación en el ordenamiento de los datos obtenidos por otros métodos de análisis multivariantes. Los resultados son expresados en un diagrama de dispersión con valores correlativos que se aproximan a la unidad acompañada de la información provista por el porcentaje del total de la variación que explican los primeros componentes del análisis. Hemos considerado la muestra de cabra moderna (Ca-M), para determinar la fiabilidad del posicionamiento espacial de los especímenes en los diagramas.

El APC de la primera falange delantera de la fase Mochica III muestra dos grupos divididos por el eje que representa el componente 1, un agrupamiento que muestra ejemplares de alpaca, vicuña y llama moderna del

lado izquierdo y un agrupamiento de especímenes de llama, alpaca, guanaco, vicuña y alpaca moderna en el lado derecho (Fig. 11).

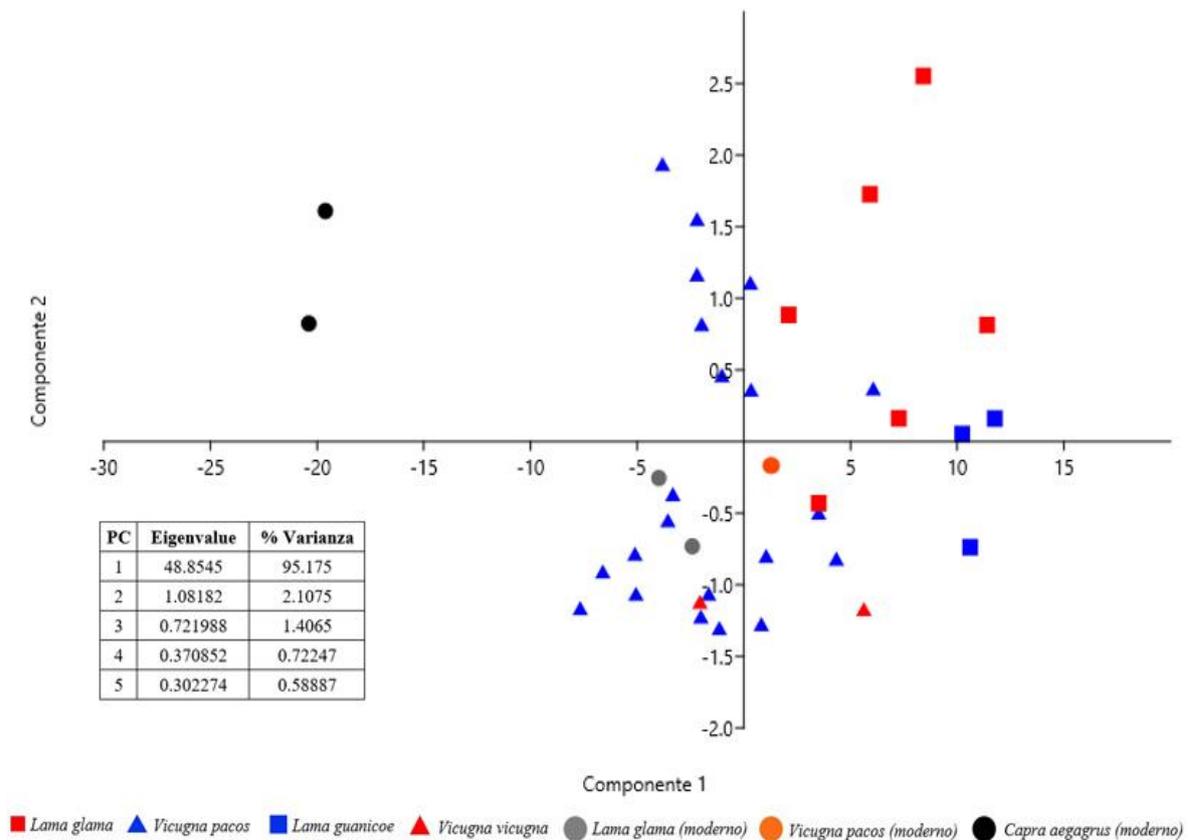


Figura 11. Diagrama de dispersión resultado del Análisis Principal de Componentes de la primera falange delantera. Fase Mochica III.

El cuadrante superior izquierdo denota la dispersión de ejemplares de alpaca muy cercanos a los límites del eje que forman un conjunto separado. El cuadrante inferior izquierdo está conformado por un grupo concentrado de especímenes de alpaca, vicuña y llama demostrando similitudes en sus medidas. El cuadrante superior derecho muestra ejemplares de llama dispersos mientras que las dimensiones de alpacas y guanacos alcanzan los límites de los ejes. Igualmente, el cuadrante inferior derecho muestra la dispersión de los ejemplares de alpaca, llama, vicuña, guanaco y alpaca moderna.

En el mismo orden, el APC de la primera falange trasera resalta la dispersión de especímenes de alpaca en los cuadrantes inferiores separados por el eje que representa el componente 2, mientras que los cuadrantes superiores agrupan especímenes de alpaca muy cercanos al eje, conformando un subgrupo de similitud morfológica (Fig. 12). El cuadrante superior derecho muestra la superposición de ejemplares de llama en el posicionamiento espacial de ejemplares de alpaca lo cual indica una intersección de los gradientes.

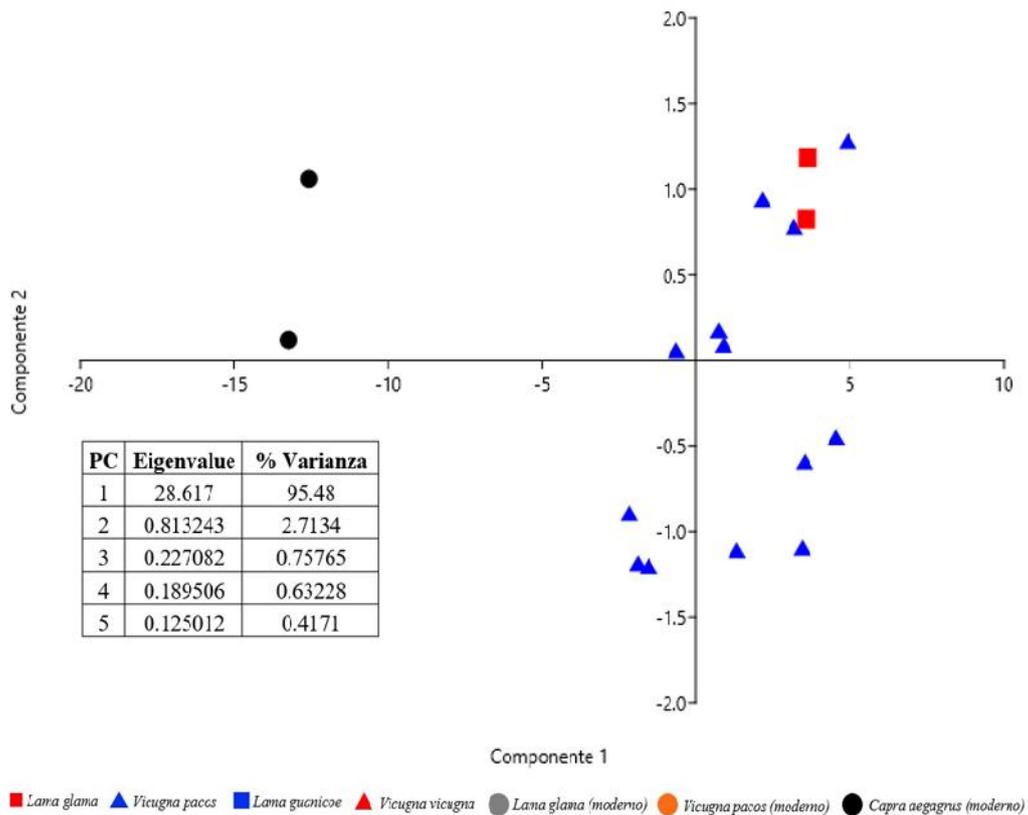


Figura 12. Diagrama de dispersión resultado del Análisis Principal de Componentes de la primera falange trasera. Fase Mochica III.

En la fase Mochica III, existe un gran número de especímenes de alpaca representado en el sector izquierdo separado por el eje del componente 1, lo cual indica grupos invariables de alpacas diferenciados por los gradientes morfométricos, en la primera falange delantera las llamas modernas están incluidas en este sector, es posible que la talla de alpacas alcanzara gradientes de los grupos de talla grande. En el sector izquierdo del componente 1, se observa grupos intersectados muy cercanos a los ejes del componente 2, lo que demuestra los efectos de la bidireccionalidad en algunas poblaciones, en contraste se observa en el cuadrante superior de la primera falange delantera la separación de algunos ejemplares de llama que conformarían un subgrupo separado de otros camélidos.

En el APC de la primera falange delantera de la fase Mochica IV se observa dos conjuntos de camélidos con respecto al eje del componente 1: el primer conjunto muestra el agrupamiento de alpacas de forma dispersa y aglutinadas en el eje con la intromisión de ejemplares de llama moderna, el segundo conjunto muestra la agrupación de especímenes de llamas, alpacas, vicuñas y alpacas modernas de manera heterogénea (Fig. 13). El cuadrante superior derecho conforma la conjunción de especímenes de llama de manera más consistente con superposición de un ejemplar de alpaca, del mismo modo, en el cuadrante inferior derecho se muestra la distribución de especímenes de alpaca relacionados a la muestra de alpaca moderna.

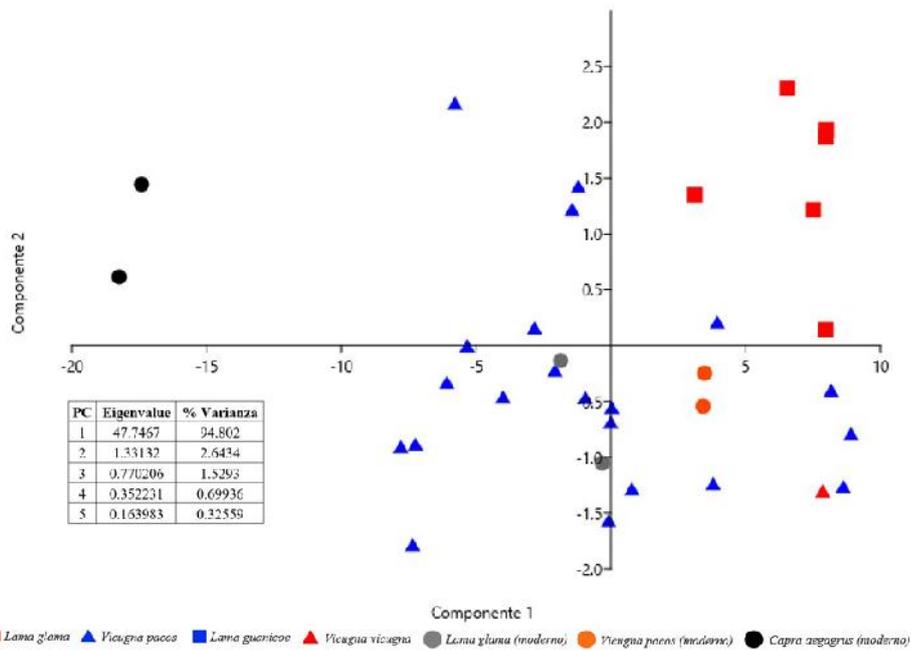


Figura 13. Diagrama de dispersión resultado del Análisis Principal de Componentes de la primera falange delantera. Fase Mochica IV.

Por otro lado, el APC de la primera falange trasera permite observar la agrupación de alpacas en el lado izquierdo del eje que representa el componente 1, especialmente en el cuadrante inferior izquierdo, en el lado derecho del eje se muestra la agrupación de llamas con la superposición de algunos ejemplares de alpaca muy cercanos a cada lado del eje que representa el componente 2 (Fig. 14).

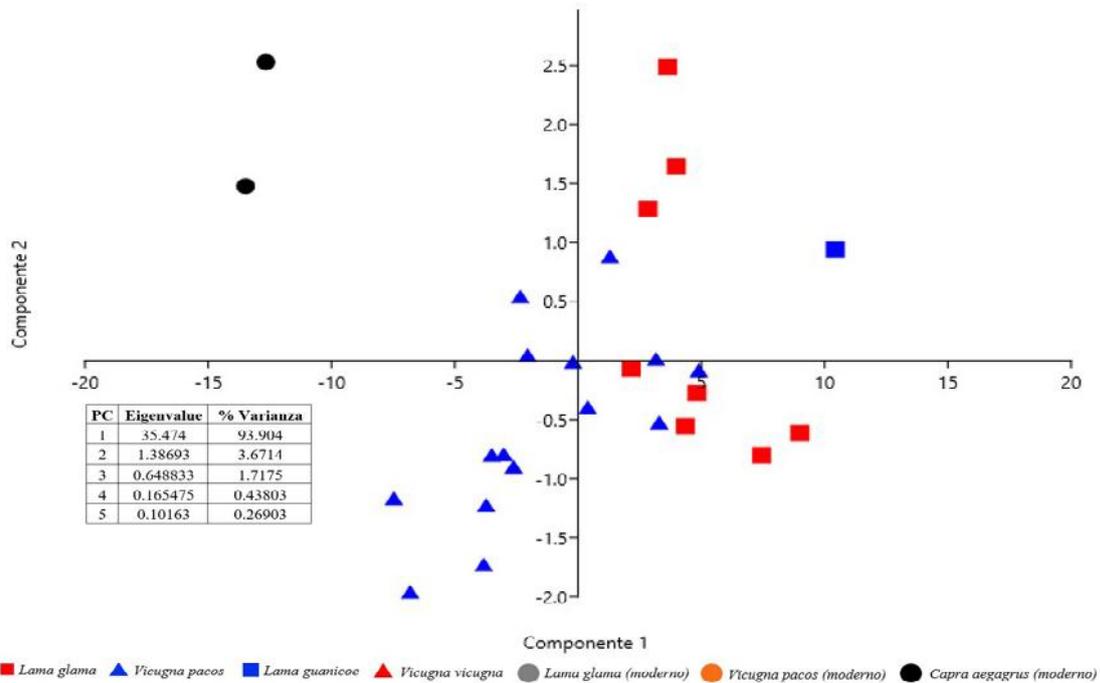


Figura 14. Diagrama de dispersión resultado del Análisis Principal de Componentes de la primera falange trasera. Fase Mochica IV.

La disposición de los especímenes de llama en el cuadrante superior derecho denota un patrón disperso relacionado a las dimensiones de sus medidas, en comparación, los especímenes de llama en el cuadrante inferior derecho muestran un grupo más concentrado rodeado de la dispersión de algunos ejemplares de alpacas muy cercanos al eje del componente 2, demostrando la pertenencia a un grupo de similitud morfométrica independiente.

En la Fase Mochica IV el posicionamiento con respecto al eje que representa el componente 1 aglutina especímenes de alpaca en el lado izquierdo con un patrón disperso como resultado de la variabilidad morfométrica intragrupal, mientras que en el lado derecho del eje, se separan los grupos de especímenes de llama siguiendo patrones de dispersión y concentración que son resaltantes a pesar de la superposición de otros ejemplares de camélidos. En este sentido, los grupos de camélidos en la fase Mochica IV parecen ser más estables que los camélidos de la fase Mochica III.

El APC demuestra una gran capacidad resolutive que permite la separación de camélidos por medio de las gradientes morfométricas establecidos por el análisis de conglomerados. En nuestro caso, el componente 1 ha demostrado poblaciones de camélidos diferenciables por sus patrones de dispersión, concentración y superposición, asimismo el componente 2 permitió el agrupamiento de grupos con una cercanía intragrupal.

Análisis de Medias Geométricas (MG)

El diagrama de cajas y bigotes de la primera falange delantera presenta, de acuerdo a la proyección de la media, la similitud en cuanto al grupo de las alpacas en las fases Mochica III y Mochica IV, en el mismo sentido se muestra el grupo de las llamas para ambas fases (Fig. 15). La media en el grupo de las vicuñas se proyecta a las cajas conformadas por las alpacas, lo cual demuestra su proximidad en sus gradientes morfométricos. Del mismo modo, en la fase Mochica III, la proyección de la media del grupo de los guanacos es similar al grupo de las llamas.

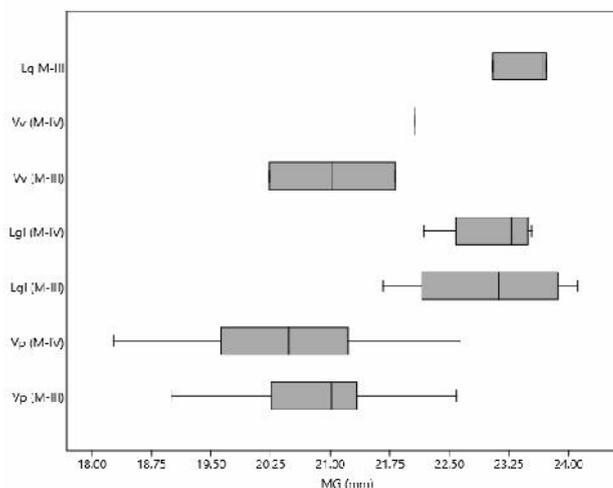


Figura 15. Diagrama de caja y bigote de las medias geométricas de la primera falange delantera. Lgl (*Lama glama*), Vp (*Vicugna pacos*), Lg (*Lama guanicoe*), Vv (*Vicugna vicugna*).

La distribución de los datos en el grupo de las alpacas en la fase Mochica III denota un patrón asimétrico, es decir, la línea media no se encuentra a la mitad de la caja y los bigotes no muestran la misma extensión, en tal sentido, la baja equidistancia de los datos con respecto a su media demuestra una alta variabilidad de los datos que se concentran en la caja, por el contrario, en la fase Mochica IV, las alpacas muestran un patrón simétrico regular. En el caso de las cajas pertenecientes a la llamas el patrón asimétrico se presenta en la fase Mochica III en oposición a la fase Mochica IV. Por otro lado, el grupo de guanacos se muestra simétrico mientras que el grupo de las vicuñas es de distribución asimétrica.

En el caso de las primeras falanges traseras la proyección de las medias para los grupos de alpacas es similar en ambas fases, lo cual, no se replica en la proyección de la media en los grupos de llamas, debido probablemente a la falta de ejemplares para su comparación o a la heterogeneidad en las poblaciones (Fig. 16). El grupo de los guanacos se muestra muy distante en su distribución, tratándose de un ejemplar divergente al grupo de las llamas en ambas fases. Los grupos de alpacas indican un patrón asimétrico, en contraposición, las llamas se muestran de manera más homogénea.

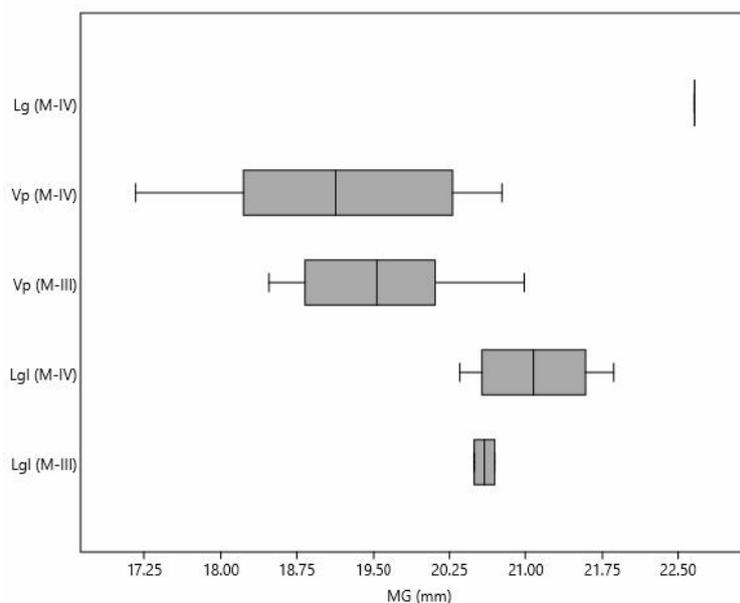


Figura 16. Diagrama de caja y bigote de las medias geométricas de la primera falange trasera. Lgl (*Lama glama*), Vp (*Vicugna pacos*), Lg (*Lama guanicoe*), Vv (*Vicugna vicugna*).

Los grupos de llamas y vicuñas, en ambas fases, no muestran pautas de traslape o superposición, en cuanto a los límites de las cajas, la concentración de los datos es divergente y por lo tanto se tratan de poblaciones independientes. Sin embargo, los límites máximo y mínimo representados por los extremos de los bigotes determinan el grado de incidencia del efecto conocido como “cruce bidireccional” en algunos individuos.

La concentración de datos en la construcción de cajas y bigotes permite diferenciar la disposición de los grupos grandes y pequeños en ambas fases,

demostrando la estabilidad y la superposición de los gradientes morfométricos de los camélidos sudamericanos.

Discusión

Los estudios osteométricos muestran una presencia mayoritaria de alpacas para ambas fases, lo cual, se asocia a la optimización en la explotación de productos derivados de la fibra y la carne. La presencia de llamas, por otro lado, obedece a un consumo alternativo al transporte de bienes intervalle e intravalle siguiendo patrones de control reproductivo, el sacrificio de especímenes que muestran alguna enfermedad o son problemáticos para el rebaño.

Este hecho, aún requiere de investigaciones extensivas e intensivas debido a la heterogeneidad de las especies presentes en los distintos espacios domésticos, ceremoniales y administrativos en el complejo arqueológico de las Huacas del Sol y de La Luna (Vásquez y Rosales, 2008c, 2012d, 2013b, 2016). Dado que la distribución de los recursos animales estaba regulado por medidas estatales, la presencia de especímenes de camélidos, estaría supeditada a la importancia de los diversos sectores sociales para el estado Mochica, así como al estatus adquirido por los dirigentes y los diversos bloques arquitectónicos en la ZUM.

En el mismo sentido, los distintos estudios osteométricos de la primera falange de camélidos en sitios mochica, tales como Guadalupito en el valle de Santa, Huaca Colorada y cerro Chepén en el valle de Jequetepeque (Vásquez y Rosales, 2004, 2005, 2006, 2008a, 2009b, 2010, 2011a, 2012c, 2013a, 2014a, 2014b) y Sipán en el valle de Lambayeque (Vásquez y Rosales, 2008b, 2011b, 2012a, 2012b), han revelado el uso de rebaños mixtos compuestos por llamas (*Lama glama*) y alpacas (*Vicugna pacos*) de forma proporcional.

Cabe resaltar que los diferentes enclaves Mochica han seguido un desarrollo sociocultural particular reconociéndose dos fenómenos de largo alcance en las regiones denominadas como norte y sur (Castillo y Donnan, 1994). Por lo tanto, las estrategias de aprovechamiento de camélidos varían de un sitio Mochica a otro dependiendo de las regulaciones estatales, la prioridad de los sectores sociales y el manejo de los recursos faunísticos.

La divergencia en las estrategias de pastoreo en las fases Mochica III y Mochica IV tuvo impactos en el manejo de la diversidad filogenética reflejada a través de los gradientes morfométricos de los camélidos Mochica.

En la fase III, se ha mostrado una mayor superposición de especies obedeciendo al cruce bidireccional, en cambio, en la fase IV los gradientes morfométricos exponen la separación de especies mostrando un mayor control sobre la reproducción. Lo cual, sugiere un incremento en la importancia de los camélidos como fuente estable de proteína animal, siguiendo estrategias cada vez más sofisticadas en el manejo de los rebaños enfocadas en la selección constante de las poblaciones.

Del mismo modo, los grupos establecidos a partir del análisis de conglomerados sugieren el acceso de camélidos de distintos rebaños revelando una baja relación filogenética durante la fase III, en contraste, los grupos de rebaños explotados tienen un mayor sentido filogenético durante la fase IV. Es probable, que en un inicio, la adquisición de camélidos para el consumo provino de distintos valles o ecosistemas muy cercanos a la costa, lo cual se refleja en una alta variabilidad intraespecífica en la generación de grupos filogenéticos, asimismo, la hibridación de especímenes se relaciona a una insipiente actividad pecuaria.

Por otro lado, el establecimiento de zonas específicas para el manejo de los rebaños de camélidos, durante la emergencia del Estado Secular, permitió la estabilidad de las poblaciones de camélidos y una baja variabilidad intraespecífica a base de una actividad pecuaria dirigida a la separación de especímenes de alpacas y llamas, acorde a una especialización económica y una mayor demanda en los diversos sectores productivos.

De acuerdo a la variabilidad morfométrica a partir de las medidas de tendencia central, las poblaciones de camélidos muestran un grado variable de superposición de los especímenes identificados. En la fase Mochica III, los camélidos muestran asimetría en la concentración de poblaciones, así también se muestra el traslape de datos sugiriendo una alta variabilidad interespecífica e intraespecífica. De otra parte, en la fase Mochica IV, la concentración de las poblaciones se muestra de forma simétrica con un parcial traslape de los datos, lo cual, denota una separación interespecífica y el uso de camélidos provenientes de poblaciones cada vez más específicas, así como una crianza focalizada en zonas delimitadas.

De esta manera, la explotación de camélidos consiste en la diferenciación interespecífica de los animales en concordancia con las necesidades socioeconómicas, siendo la variabilidad intraespecífica y la hibridación de especies un efecto colateral a la especialización pecuaria. Por consiguiente, la *Regla de Bergmann*, tendría un efecto a largo plazo, siendo contrastado por estudios que abarquen periodos de tiempo más extensos, y cuya actividad demuestre una baja incidencia de los cambios socioeconómicos y las decisiones culturales en el control de las poblaciones de camélidos.

Conclusiones

De acuerdo con nuestra investigación, la explotación de los camélidos en el complejo arqueológico de las Huacas del Sol y de la Luna está enfocada en la optimación de los productos derivados de la carne y la fibra provenientes de la crianza de alpacas, por su parte, el porcentaje de llamas representado estaría asociado a un consumo alternativo bajo el control reproductivo y el sacrificio de los animales considerados menos aptos.

Los análisis osteométricos muestran una variabilidad en los gradientes morfométricos en cuanto a la discriminación interespecífica y la semejanza intraespecífica. En la fase Mochica III, los gradientes morfométricos exponen una superposición de los camélidos clasificados, asimismo, existe una mayor

diversidad de camélidos asociados a grupos intraespecíficos demostrando el cruce bidireccional y el acopio de camélidos de distintos rebaños. En la fase Mochica IV, los camélidos se muestran mejor diferenciados con traslapes parciales, igualmente, la agrupación intraespecífica denota una mayor estabilidad estadística, evitando el cruce bidireccional y el manejo de rebaños locales.

El cambio en las estrategias de explotación de los camélidos durante la fase III y IV se corresponde a los cambios socioeconómicos sucedidos en el complejo arqueológico de las Huacas del Sol y de la Luna. La selección constante de las poblaciones y el establecimiento de rebaños locales, sugiere un aprovechamiento especializado destinado a suplir de proteína animal a los diversos sectores sociales. La configuración de los gradientes morfométricos tuvo una orientación cultural con el acondicionamiento de los rebaños de camélidos a las demandas de la sociedad Mochica.

Agradecimientos

En primera instancia quiero dar las gracias al Consejo Nacional de Ciencia, Tecnología e Innovación tecnológica (CONCYTEC), por el apoyo financiero en el desarrollo de mi investigación y formación profesional. Del mismo modo, mi gratitud sincera a los coordinadores de la maestría Arqueología Sudamericana. De otra parte, mis agradecimientos al Dr. Víctor Vásquez y a la Dra. Teresa Rosales por el permitirme expresar mis ideas por este medio.

Referencias Bibliográficas

- Ashton KG, Tracy MC, Queiroz A (2000): Is Bergmann's rule valid for mammals? *The American Naturalist* 156, N° 4: 390-415.
- Baxter M (2016): Multivariate analysis of Archaeometric data. An introduction. Nottingham: Archaeometry Laboratory. University of Missouri Research Reactor.
- Bergmann C (1847): Über die Verhältnisse der Wärmeökonomie der Thiere zu ihrer Größe. In *Gottinger Studien*. N° 3: 595-708.
- Bonavia D (1996): *Los Camélidos Sudamericanos: Una introducción a su estudio*. Lima: Institut Français d'études andines.
- Castillo LJ, Donnan C (1994): Los Mochicas del Norte y los Mochicas del Sur. Una perspectiva desde el valle de Jequetepeque. En: *Vicús*, editado por K. Makowski y otros. Colección Arte y Tesoros del Perú, Banco de Crédito del Perú. Lima, Banco de Crédito del Perú: 143-181.
- Castillo LJ, Uceda S (2008): The Mochicas. In: *Handbook of South American Archaeology*, edited by Helaine Silverman and William Isbell, Springer Science+Business Media, LLC, Nueva York: 707-729.
- Chapdelaine C, Uceda S, Moya M, Jáuregui C (1997): Los complejos arquitectónicos urbanos de Moche. En: *Investigaciones en la Huaca de La*

- Luna 1995, Editado por Uceda S, Mujica E, Morales R, pp. 71-92. Trujillo: Proyecto Arqueológico Huacas del Sol y de La Luna, Facultad de Ciencias Sociales-Universidad Nacional de Trujillo.
- Córdova M (2008): *Estadística descriptiva e inferencial*. Quinta edición. Lima: MOSHERA S.R.L.
- Crabtree P (1990): Zooarchaeology and Complex Societies: Some Uses of Faunal Analysis for the Study of Trade, social status and ethnicity. *Archaeological Method and Theory*, Vol. 2: 155-205.
- deFrance S (2009): Zooarchaeology in complex societies: political economy, status and ideology. *Journal of Archaeological Research* 17, N° 2: 105-168.
- Fernández-Martínez V (2015): *Arqueo-estadística. Métodos Cuantitativos en Arqueología*. Madrid: Alianza Editorial DL.
- Flores-Ochoa J (1988): Clasificación y nominación de camélidos sudamericanos. In Llamichos y Paqocheros. *Pastores de llamas y alpacas*, Editado por Flores-Ochoa J. Cusco, Editorial Universitaria-UNSAAC: 121-140.
- Gasco A (2012): *Caza y Pastoreo de Camélidos en la Frontera Meridional del Mundo Andino. Una aproximación osteométrica*. Facultad de Filosofía y Humanidades. Tesis para optar al grado de Doctor en Historia. Córdoba: Universidad Nacional de Córdoba.
- Izeta A (2010): Variabilidad osteométrica de camélidos de sitios arqueológicos del NOA. En: Zooarqueología a principios del siglo XXI. Aportes teóricos, metodológicos y casos de estudio, Editado por M. Gutiérrez, M. De Nigris, PM. Fernández, M. Giardina, AF. Gil, A. Izeta, G. Neme, H. Yacobaccio. Buenos aires. Ediciones del Espinillo: 29-38.
- Izeta A, Otaola C, Gasco A (2009a): Osteometría de falanges proximales de camélidos sudamericanos modernos. Variabilidad, estándares métricos y su importancia como conjunto comparativo para la interpretación de restos hallados en contextos arqueológicos. *Revista del Museo de Antropología*, N° 2: 169-180.
- Izeta A, Otaola C, Gasco A (2009b): Estándares métricos y variabilidad en falanges proximales de camélidos sudamericanos. Su importancia como conjunto comparativo para interpretaciones en arqueología. *Revista del Museo de Antropología* N° 2 (1): 169-180.
- Kent J (1982): *The Domestication and Exploitation of the South American Camelids: Methods of Analysis and their Application to Circum-Lacustrine Archaeological sites in Bolivia and Peru*. Thesis of PhD degree. Washington: Washington University.

- L'Heureux G (2005): Variación morfométrica en restos de óseos de guanacos de sitios arqueológicos de Patagonia Austral Continental y de La Isla Grande del Fuego. *Magallania* XXXI, N° 1: 81-94.
- L'Heureux G (2007): La reducción del tamaño de los guanacos (*Lama guanicoe*) entre el Pleistoceno Final y el Holoceno en el extremo austral de Patagonia continental. *Arqueofauna*, N° 16: 173-183.
- Mengoni G (1996): La domesticación de los camélidos sudamericanos y su anatomía económica. En: *Zoarqueología de Camélidos*, editado por DC. Elkin, CM. Madero, GL. Mengoni Goñalons, DE. Olivera, MC. Reigadas y HD. Yacobaccio, Vol. 2: 33-45. Grupo Zoarqueología de Camélidos, Buenos Aires.
- Mengoni G (2013): El Aprovechamiento de fauna en sociedades complejas: aspectos metodológicos y su aplicación en diferentes contextos arqueológicos del NOA. En: *Al borde del imperio. Paisajes sociales, materialidad y memoria en áreas periféricas del Noroeste argentino*, editado por Williams V, Cremonte M. Buenos Aires, Sociedad Argentina de Antropología: 311-345.
- Miller G, Gill A (1990): Zooarchaeology at Pirincay, a Formative period site in the highland Ecuador, *Journal of Field Archaeology*, 17:1, 49-68.
- Moore K (2016): Early domesticated camelid in the Andes. In: *The archaeology of andean pastoralism*, edited by J. Capriles and N. Tripcevich. Albuquerque, University of New Mexico Press: 17-38.
- Pozorski S (1976): *Prehistoric Subsistence patterns and site economics in the Moche Valley, Perú*. Thesis PhD degree. Texas: University of Texas of Austin.
- Pozorski S (1979): Prehistoric diet and subsistence of the Moche Valley, Peru. *World Archaeology*, Vol 11, N° 2: Food and Nutrition: 163-184.
- Pozorski S, Pozorski T (2003): Arquitectura residencial y subsistencia de los habitantes del sitio Moche: evidencias recuperadas por el Proyecto Chan Chan-Valle de Moche. En: *Moche: hacia el final del milenio. Actas del Segundo Coloquio sobre la Cultura Moche* (Trujillo, 1 al 7 de agosto de 1999) I: 119-150. Editores: S. Uceda y E. Mujica, Universidad Nacional de Trujillo y Pontificia Universidad Católica del Perú, Lima.
- Rosales T (1998): Evidencias Arqueozoológicas de crianza de camélidos en la costa norte del Perú. Trabajo de habilitación para concurso de ingreso a docencia en carrera regular. Trujillo: Universidad Nacional de Trujillo-Facultad de Ciencias Sociales.
- Shennan S (1992): *Arqueología Cuantitativa*. Barcelona. Editorial Crítica.
- Shimada M, Shimada I (1985): Llama breeding and herding on the North Coasts of Peru. *American Antiquity* 50, N° 1: 3-26.

Tantaleán H (2005) *Arqueología de la formación del estado. El caso de la cuenca norte del Titicaca*. Lima: Avqi Ediciones.

Tello R, Mamani F, Hidalgo C, Obregón S, Corrales N (2002): La Penúltima ocupación del conjunto arquitectónico N° 35 de las Huacas del Sol y de La Luna. *Informe Técnico 2001*: 95-128. *Proyecto Arqueológico Huaca de la Luna*, Editores: S. Uceda y R. Morales, editores. Facultad de Ciencias Sociales de la Universidad Nacional de Trujillo.

Tello R, Vega R, Romero S, Chuquipoma L, Murga L, Zanelli S (2004): Excavaciones en el conjunto arquitectónico N° 35, Huacas del Sol y La Luna. *Informe Técnico 2003*: 175-204. *Proyecto Arqueológico Huaca de la Luna*, Editores: S. Uceda y R. Morales. Facultad de Ciencias Sociales de la Universidad Nacional de Trujillo.

Tello R, Encomenderos A, Gutiérrez M, Siccha J, Mercado C, Rodríguez M, García F, González D, Vera M (2006): Investigaciones en el conjunto arquitectónico 35, Centro urbano moche. En: *Investigaciones en la Huaca de la Luna 2000*: 147-184. Editores: S. Uceda, E. Mujica, R. Morales. Facultad de Ciencias Sociales, Universidad Nacional de Trujillo.

Tello R, Seoane F, García N, Chiguala W, Angulo M, Otiniano J, Gonzales D (2013): Cambios en la dieta con relación a las fases de ocupación del conjunto arquitectónico 35 de Las Huacas del Sol y de la Luna. En: *Investigaciones en la Huaca de la Luna 2004*:211-261, Editores: S. Uceda, R. Morales. Proyecto Arqueológico Huaca de la Luna, Facultad de Ciencias Sociales-Universidad Nacional de Trujillo.

Tello R (2013): La ocupación Moche en el Conjunto Arquitectónico 35 de Huacas del Sol y de La Luna. En: *Investigaciones en la Huaca de la Luna 2004*: 347-370. Editores: S. Uceda, R. Morales. Proyecto Arqueológico Huaca de la Luna, Facultad de Ciencias Sociales-Universidad Nacional de Trujillo.

Uceda S. (1997): Introducción a las excavaciones en la Huaca de La Luna. En: *Investigaciones en la Huaca de la Luna 1995*: 19-22. Editores: S. Uceda, E. Mujica, R. Morales. Proyecto Arqueológico Huacas del Sol y de la Luna Universidad Nacional de Trujillo.

Uceda S (2005): Los de arriba y los de abajo, relaciones sociales políticas y económicas entre el templo y los habitantes en el núcleo urbano de las huacas de Moche. En: *Informe Técnico 2004*: 281-318. Editores: S. Uceda, R. Morales. Proyecto Arqueológico Huaca de la Luna, Facultad de Ciencias Sociales-Universidad Nacional de Trujillo.

Uceda S, Meneses J (2016): El Urbanismo Moche y el surgimiento del estado y la ciudad en los andes centrales. En: *Investigaciones en la Huaca de la Luna 2015*: 197-261. Editores: S. Uceda, R. Morales. C. Rengifo. Universidad Nacional de Trujillo-Patronato Huacas del Valle de Moche.

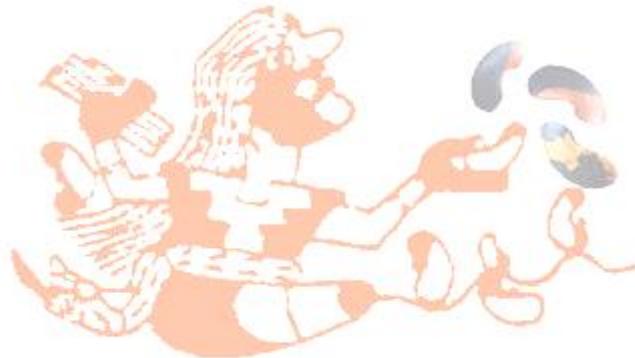
- Uzawa K (2008): La difusión de los camélidos domesticados en el Norte del Perú durante el periodo Formativo. *Boletín de Arqueología PUCP*, N° 12: 249-259.
- Vásquez V, Rosales T (2004): Análisis Arqueozoológico y Arqueobotánico de Cerro Chepén. Temporada 2004. Informe presentado a la dirección del Proyecto de Investigación Arqueológica Cerro Chepén.
- Vásquez V, Rosales T (2005): Arqueozoología y Arqueobotánica de los restos de la Estructura IV, Cerro Chepén. Temporada 2005. Informe presentado a la dirección del Proyecto de Investigación Arqueológica Cerro Chepén.
- Vásquez V, Rosales T (2006): Arqueozoología y Arqueobotánica de los restos de la Estructura IX: Unidad Arquitectónica 29, Cerro Chepén. Temporada 2006. Informe presentado a la dirección del Proyecto de Investigación Arqueológica Cerro Chepén.
- Vásquez V, Rosales T (2008a): Análisis de restos de fauna y vegetales de Jatanca. Apéndice 1: 1-24. Informe Final Proyecto de Investigación Arqueológica Jatanca, valle de Jequetepeque. Temporada 2007. Swenson E., Chiguala J. y Warner J. (editores).
- Vásquez V, Rosales T (2008b): Análisis de restos de fauna de Sipán. Temporada 2007. Informe presentado a la dirección del Proyecto de Investigación Arqueológica Sipán-I.
- Vásquez V, Rosales T (2008c): Análisis del material orgánico de los Conjuntos Arquitectónicos CA 30 y CA 35, núcleo urbano Moche, Huaca de la Luna. En: *Investigaciones en la Huaca de la Luna 2002*: 169-184. Editado por Uceda S, Mujica E, Morales R. Facultad de Ciencias Sociales. Universidad Nacional de Trujillo.
- Vásquez V, Rosales T (2009a): Osteometría y genética de los camélidos mochica, costa norte del Perú. *Revista del Museo de Antropología* 2 (1): 141-150. Facultad de Filosofía y Humanidades. Universidad Nacional de Córdoba, Argentina.
- Vásquez V, Rosales T (2009b): Análisis de restos de fauna y vegetales de Jatanca. Apéndice 1: 1-25. Informe Final Proyecto de Investigación Arqueológica Jatanca, valle de Jequetepeque. Temporada 2008. Editores: E. Swenson, J. Chiguala y J. Warner J. University of Toronto, Qetzal S.A.C., University of Kentucky.
- Vásquez V, Rosales T (2010): Análisis de restos de fauna y vegetales del sitio Huaca Colorada, Jatanca. Apéndice 1: 1-34. Informe Final Proyecto de Investigación Arqueológica Jatanca, valle de Jequetepeque. Temporada 2009. Editores: E. Swenson, J. Chiguala y J. Warner. University of Toronto, Qetzal S.A.C., University of Kentucky.

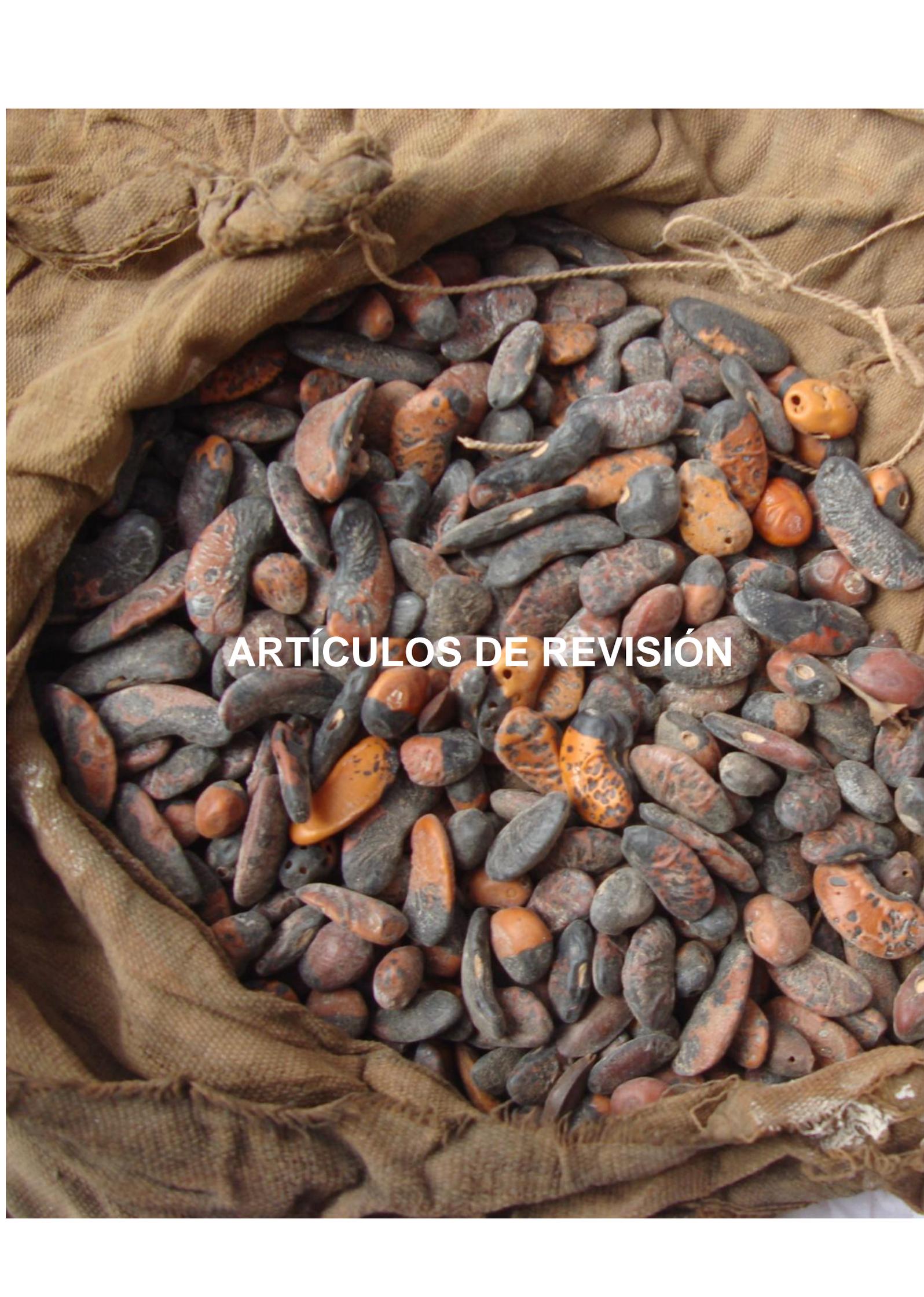
- Vásquez V, Rosales T (2011a): Informe de los materiales paleobotánicos y faunísticos recuperados de las excavaciones de Jatanca y Huaca Colorada. Apéndice 1: 1-69. Informe Final de la Temporada de Investigación 2010. Proyecto de Investigación Arqueológica Jatanca, Huaca Colorada. Editores: E. Swenson, J. Chiguala y J. Warner. University of Toronto, Qetzal S.A.C., University of Kentucky.
- Vásquez V, Rosales T (2011b): Análisis de restos de fauna y botánicos de Sipán. Temporada 2010. Informe presentado a la dirección del Proyecto de Investigación Arqueológica Huaca Rajada, Sipán.
- Vásquez V, Rosales T (2012a): Análisis de restos de fauna y botánicos de Sipán, Sector I, Sub Sector Huaca I. Temporada 2012. Informe presentado a la dirección del Proyecto de Investigación Arqueológica Sipán.
- Vásquez V, Rosales T (2012b): Análisis de restos de fauna y botánicos de Sipán. Temporada 2012. Informe presentado a la dirección del Proyecto de Investigación Arqueológica Sipán.
- Vásquez V, Rosales T (2012c): Restos de fauna y vegetales de Huaca Colorada, valle de Jequetepeque. Apéndice 1: 1-62. Informe Final de la Temporada de Investigación 2011. Proyecto de Investigación Arqueológica Jatanca, Huaca Colorada. Editores: E. Swenson, J. Chiguala y J. Warner J. University of Toronto.
- Vásquez V, Rosales T (2012d): Análisis de restos de fauna y botánicos de CA 45, CA 45B, CA 46, CA 47 y Plaza 1, Huaca de la Luna. Temporada 2012. Informe presentado a la dirección del Proyecto de Investigación Arqueológica Huaca de la Luna.
- Vásquez V, Rosales T. (2013a): Restos de fauna y vegetales de Huaca Colorada, valle de Jequetepeque. Apéndice 1: 1-57. Informe Final de la Temporada de Investigación 2012. Proyecto de Investigación Arqueológica Jatanca, Huaca Colorada. Editores: E. Swenson, J. Chiguala y J. Warner. University of Toronto.
- Vásquez V, Rosales T (2013b): Análisis de restos orgánicos (zoológicos y botánicos) de CA 30, CA 35 y Plaza 3, Núcleo Urbano Moche, temporada 2004. En: Investigaciones en la Huaca de la Luna 2004: 425-464. Editores: S. Uceda, E. Mujica, R. Morales. Facultad de Ciencias Sociales. Universidad Nacional de Trujillo.
- Vásquez V, Rosales T (2014a): Restos de fauna y vegetales del sitio Je64, valle de Jequetepeque. Temporada 2013. Informe presentado a la dirección del Proyecto de Investigación Arqueológica Jatanca, Huaca Colorada.
- Vásquez V, Rosales T (2014b): Restos de fauna y vegetales de Huaca Colorada y Jatanca, valle de Jequetepeque. Temporada 2014. Informe presentado a la dirección del Proyecto de Investigación Arqueológica Jatanca, Huaca Colorada.

Vásquez V, Rosales T (2016): Análisis de los restos orgánicos (zoológicos y botánicos) de CA-35 y CA-17, Zona Urbana Moche-Huaca de la Luna. En: *Investigaciones en la Huaca de la Luna 2005*: 281-308. Editores: S. Uceda y C. Rengifo. Facultad de Ciencias Sociales. Universidad Nacional de Trujillo.

Wheeler J (1999): Patrones prehistóricos de utilización de los Camélidos Sudamericanos. *Boletín de Arqueología PUCP*, N° 3: 297-305.

Wing E (1985): Provisional preliminary report on the faunal remains from El Paraíso (PV46-35). Peru. New York: Florida State-University of Florida.



A large sack filled with dark, reddish-brown, and orange seeds or beans, with the text "ARTÍCULOS DE REVISIÓN" overlaid in the center.

ARTÍCULOS DE REVISIÓN

Evolution from first hominids to modern humans: philosophy, bioarchaeology and biology - Review

Gabriel Dorado ¹, Fernando Luque ², Plácido Pascual ³, Inmaculada Jiménez ⁴, Francisco Javier S. Sánchez-Cañete ⁵, Patricia Raya ⁶, Jesús Sáiz ⁷, Adela Sánchez ⁷, Teresa E. Rosales ⁸, Víctor F. Vásquez ⁹, Pilar Hernández ¹⁰

¹ Author for correspondence, Dep. Bioquímica y Biología Molecular, Campus Rabanales C6-1-E17, Campus de Excelencia Internacional Agroalimentario (ceiA3), Universidad de Córdoba, 14071 Córdoba (Spain), eMail: <bb1dopeg@uco.es>; ² Laboratorio de Producción y Sanidad Animal de Córdoba, Ctra. Madrid-Cádiz km 395, 14071 Córdoba; ³ Laboratorio Agroalimentario de Córdoba, Consejería de Agricultura y Pesca, Junta de Andalucía, 14004 Córdoba; ⁴ IES Puertas del Campo, Avda. San Juan de Dios 1, 51001 Ceuta; ⁵ EE.PP. Sagrada Familia de Baena, Avda. Padre Villoslada 22, 14850 Baena (Córdoba); ⁶ Dep. Radiología y Medicina Física, Unidad de Física Médica, Facultad de Medicina, Avda. Menéndez Pidal s/n, Universidad de Córdoba, 14071 Córdoba; ⁷ Dep. Farmacología, Toxicología y Medicina Legal y Forense, Facultad de Medicina, Avda. Menéndez Pidal, s/n, Universidad de Córdoba, 14071 Córdoba; ⁸ Co-Director, Centro de Investigaciones Arqueobiológicas y Paleoecológicas Andinas Arqueobios, Apartado Postal 595, Trujillo (Perú); ⁹ Director, Centro de Investigaciones Arqueobiológicas y Paleoecológicas Andinas Arqueobios, Apartado Postal 595, Trujillo (Perú); ¹⁰ Instituto de Agricultura Sostenible (IAS), Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Alameda del Obispo s/n, 14080 Córdoba

Abstract

What made us human? Evolution from first hominins (*Homo habilis*) to modern humans (*Homo sapiens sapiens*) is a fascinating subject, for obvious reasons. That is related not only to the use of tools (which other animals may also handle), but –most importantly– to self-consciousness and, consequently, wondering about the three big philosophical questions of life. Thus, at a point in human evolution, we started to ask ourselves about where do we come from, what is our purpose in life and what comes after death. Different approaches have been taken to try to address such questions, including religion (beliefs), philosophy (thoughts) and science (experiments). Fortunately, recent breakthroughs in technology allow to apply science, in general, and molecular biology like sequencing of ancient DNA (aDNA) genomes, in particular, to decipher the most fundamental basis of human evolution. The conclusion is exciting, since it seems that such biological changes were due to duplication, repair and conversion of Notch Homolog 2 (*NOTCH2*) genes into Notch Homolog 2 N-terminal-Like (*NOTCH2NL*) ones. That caused the expansion of brain cortex and made us human. But, unfortunately, that is also related to recurrent neurodevelopmental diseases, to which humans are specially prone, in relation to other animals.

Key words: metaphysics, Darwin, Australopithecus, Hominoidea, lesser apes, great apes.

Resumen

¿Qué nos hizo humanos? La evolución desde los primeros homínidos (*Homo habilis*) a los humanos modernos (*Homo sapiens sapiens*) es un tema fascinante, por razones obvias. Ello está relacionado no solo con el uso de herramientas (que otros animales también pueden usar), sino –y más

importante— con la consciencia (conciencia de sí mismo), para preguntarse las tres grandes cuestiones filosóficas de la vida. Así, en un momento de la evolución humana, comenzamos a preguntarnos sobre de dónde venimos, el sentido de la vida y qué hay tras la muerte. Se han usado diferentes aproximaciones para tratar de dar respuesta a dichas cuestiones, incluyendo religión (creencias), filosofía (ideas) y ciencia (experimentos). Afortunadamente, los recientes avances en tecnología permiten aplicar la ciencia, en general, y la biología molecular como la secuenciación de genomas de ADN antiguo (ADNa), en particular, para descifrar la base más fundamental de la evolución humana. La conclusión es apasionante, ya que parece que dichos cambios biológicos fueron debidos a la duplicación, reparación y conversión de genes homólogos de muesca 2 (NOTCH2; del inglés, “Notch Homolog 2”) en genes similares a N terminal de homólogos de muesca 2 (NOTCH2NL; del inglés, “Notch Homolog 2 N-terminal-Like”). Ello causó la expansión del córtex cerebral y nos hizo humanos. Pero, lamentablemente, ello está también relacionado con enfermedades recurrentes del desarrollo neurológico, a las que los humanos son especialmente propensos, en relación con otros animales.

Palabras clave: metafísica, Australopithecus, Hominoidea, monos, gibones, grandes simios.

Introduction

Current monkeys include Old World monkeys (catarrhines) and New World monkeys (platyrrhines). The former also include apes (Hominoidea superfamily), with two extant (living) branches: lesser apes (gibbons) and great apes or hominids. The latter belong to the Hominidae family of primates, including four genera and eight extant species: i) Bornean, Sumatran and Tapanuli orangutans (*Pongo* spp.); ii) eastern and western gorillas (*Gorilla* spp.); iii) common chimpanzee and bonobo (*Pan* spp.); and iv) *Homo* spp., including modern humans (*Homo sapiens sapiens*). Apes appeared 10 million years ago (Mya) in Africa, being represented by *Nakalipithecus nakayamai*, which evolved into *Ouranopithecus* spp. (nine Mya), being Gorilla-Human Last Common-Ancestor (GHLCA) or Gorilla-Human Most Recent Common-Ancestor (GHMRCA), with subsequent separation and evolution into Gorillini and Hominini. The latter evolved into *Sahelanthropus tchadensis*, probably being bipedal (seven Mya). That evolved into *Orrorin tugenensis* (six Mya), being Chimpanzee-Human Last Common-Ancestor (CHLCA) or Chimpanzee-Human Most Recent Common-Ancestor (CHMRCA). The latter evolved into Hominini (hominins) 5.5 Mya, which includes *Homo* spp. (but not *Gorilla* spp.). It is not clear if *Pan* spp. should be included in the former. That is due to complex speciation processes and bipedalism development in proto-humans. On the other hand, it has been recently proposed that our species did not evolve from a single population/region of Africa, but instead from several related ones, across such continent (Scerri et al, 2018).

Then arose *Ardipithecus* spp. (4.5 Mya), with features reflecting adaptation to bipedalism. That evolved into *Australopithecus* spp (3.5 Mya), which –interestingly– used stone tools to ate meat, by carving animal carcasses (McPherron et al, 2010). Nevertheless, such tool usage was quite simple, similar to the one observed on current African apes, like chimpanzees and

gorillas. This way, they handled simple tools like stones to crack nuts, sticks to capture termites from mounds and spears for hunting, albeit without throwing them.

The evolution from hominins (*Australopithecus* spp) to first hominids (*Homo habilis*) started three Mya. It continued with *Homo ergaster* (three Mya). Interestingly, it has been recently discovered that they emigrated into Asia (*Homo erectus*) 2.1 Mya instead of 1.85 Mya, as previously thought (Zhu et al, 2018). It has been proposed that early African *Homo* known as *H. habilis*, *H. rudolfensis* and *H. erectus* were indeed the same; variations among them would simply reflect diversity (Lordkipanidze et al, 2013). Later on, they controlled fire (1.5 Mya). They are considered the beginning of early human evolution, with technological innovations, including tools like stone hand-axes and cooking with fire, creating specific cultural manifestations. That led to animals that thought and solved problems in an unprecedented way. They also wondered about big questions related to the meaning of life, including where do we come from, what is our purpose in life and what comes after death.

This way, *Homo heidelbergensis*, also known as *Homo rhodesiensis*, lived 700,000 years ago (ya). Represents the first *Homo* species who buried their dead, as found inside a pit called “Sima de los Huesos” located in “Sierra de Atapuerca”, at Atapuerca village (Spain), containing 28 hominin skeletons (Meyer et al, 2014, 2016). Interestingly, these humans were indeed early Neanderthals (*Homo sapiens neanderthalensis*) of western Eurasia, that separated from Denisovans subspecies of southern Siberia (*Homo sapiens denisova*) 430,000 ya (Meyer et al, 2016). They were met by modern humans when they emigrated out of Africa and the Near East 75,000 ya. Modern humans separated from their Neanderthals subspecies 370,000 ya, sharing a common ancestor that lived 706,000 ya (Noonan et al, 2006). Humans inbred with Denisovans and Neanderthals (Dorado et al, 2010, 2013, 2015; Prufer et al, 2014; DerSarkissian et al, 2015; Ermini et al, 2015; Hofreiter et al, 2015; Knapp et al, 2015; Pääbo, 2015; Perry and Orlando, 2015; Vernot and Akey, 2015). Additionally, it has been recently discovered that there were ancient genetic admixtures between Denisovans and Neanderthals subspecies. Such ancient genetic-admixtures are not surprising, since they were not different species, but subspecies. But Denisovans and Neanderthals were less diverse than modern humans, and possibly this would be one of the causes of their extinction (Warren, 2018).

Curiously, *H. heidelbergensis* had a similar morphology of skeletal structures and, thus, auditory capacities of outer and middle ear than modern humans. They allow high sensitivity in the range of 2 to 4 kHz, which is relevant for spoken language. Yet, most other anthropoids do not have such anatomy and capability. Therefore, *H. heidelbergensis* and descendants (Neanderthals and Denisovans) probably communicated by some kind of primitive language (Martínez et al, 2004; Mithen, 2007).

Additionally, *H. heidelbergensis* used pigments like red iron oxides (hematite). Later on, Neanderthals also used them, at least since 250 kya, together with red manganese oxides, as also found for African humans. Yet,

their purposes are not clear, and in any case, no works of art have been found so far (Roebroeks et al, 2012). Curiously, *H heidelbergensis* was right-handed, like modern humans, as found by dental wear analyses of 28 hominids from Atapuerca dated 500,000 ya. That is not a trivial topic, since handedness is a result of brain specialization. Besides, the latter allows development of higher cognitive capabilities, as found in humans, including language and technology (Lozano et al, 2009). In relation to that, spears and hafted stone points have been found in Africa (500,000 ya) and Germany (400,000 ya). It should be highlighted that hafting stone points to spears represents an important weaponry technological accomplishment. That may be relevant for general survival, and for hunting in particular. So, it seems that Denisovans, Neanderthals and modern humans did not invent, but rather inherited such technology from *H. heidelbergensis*, being their last common ancestor (Wilkins et al, 2012). On the other hand, Denisovans and Neanderthals probably wore simple (cape-like) non-tailored clothing, whereas modern humans made more sophisticated and specialized clothing, to better protect themselves from cold weather (Wales, 2012; Collard et al, 2016). Arrival of modern humans brought impressive cultural and technological developments to the present day.

But, how to answer the three big questions related to the meaning of life previously described (origin, life and death)? There are many possible approaches and thus answers to such questions, including religion (beliefs), philosophy (thoughts) and science (experiments). Religion is based on dogmas, and therefore, cannot be challenged, by definition. On the other hand, philosophy can be debated, discussed and argued, but ultimately may not be demonstrated. Fortunately, science uses the scientific method, which is based on establishment of hypothesis, which are experimentally challenged, to become refuted or accepted to build theories. That gives science a tremendous potential for discovering and technological development. Indeed, such growth has been exponential since the scientific method was implemented.

The time at which hominids became also humans is represented by archaeological remains including ceremonial burials. They usually contain archaeological artifacts. Sometimes, nucleic acids from biological remains of such beings can be analyzed. For many years, those remains were the subject of social sciences (including arts and humanities). Modern molecular biology methodologies have allowed to amplify and sequence DNA from such remains, being therefore also the subject of experimental sciences. That was first possible applying techniques like Polymerase Chain-Reaction (PCR), as well as nucleic-acid and peptide sequencing. Now, it is even possible to sequence DNA from such remains without previous amplification, using Third-Generation Sequencing (TGS). That, coupled with new developments in hardware (semiconductor lithographic-process technology for smaller nodes and many-core microprocessors) and software (bioinformatics) parallelization, has allowed the development of a brand new and revolutionary bioarchaeology, including sequencing of ancient DNA (aDNA) genomes and proteomes (Dorado et al, 2007-2017).

Evolution of species through struggle for limited resources and reproductive selection

Charles Darwin discontinued his medical education –much to the discomfort of his father– for his real passion: natural sciences. He embarked His Majesty's Ship (HMS) *Beagle* on 27th December 1831, as a young graduate, being 22 years old. On 30th December of 1831, he was aboard in the Bay of Biscay (Spain) “wretchedly out of spirits & very sick”. Indeed, he was tempted to return home, due to such severe seasickness. Fortunately, he continued, albeit spent as much time as possible on land instead of the ship –due to such “fortunate” sickness–, while traveling around the world for almost five years (until 2nd October of 1836). Thus, such problem helped him to, methodically and industriously, collect more data and samples of fossils, plants and animals during such long voyage than if he had stayed aboard.

Most interestingly, Darwin was surprised to find that some species like mockingbirds and finches at Galápagos islands resembled the ones living in continental land, being also different from island to island. Additionally, he was inspired in 1838 by reading the sixth edition of “An Essay on the Principle of Population” (short title) or “An Essay on the Principle of Population, as it Affects the Future Improvement of Society. With Remarks on the Speculations of Mr. Godwin, M. Condorcet and Other Writers” (long title), by Thomas Robert Malthus, who was first anonymously published 40 years before (Malthus, 1798). On 28th September of 1838, Darwin noted the shocking fact that natural resources grow arithmetically or linearly (eg., $2n$, being n the number of generations, assuming a simplified scenario of two descendants per genitor, for the sake of the argument), yet biological populations grow exponentially or logarithmically (eg., 2^n , in the simplified example above). Thus, human populations double every 25 years when resources are available and no reproductive control is exerted. The consequence is overpopulation, famine, starvation and deaths (Malthusian's catastrophe), unless birth control is implemented.

Darwin was also aware of the interesting idea of “warring of the species” or “nature's war”, by Swiss botanist Augustin Pyramus (or Pyrame) de Candolle, that described plants as being “at war one with another”, for space and resources. Likewise, such researcher acknowledged that new and similar features (later on named as analogy) may arise in different species, yet not showing in a common evolutionary ancestor. Indeed, Darwin invited him to dinner when he visited Great Britain in 1839.

The study of all these evidences made Darwin conceive his theory of natural selection in the struggle for life in 1838. After 12 years writing the book manuscript about such scientific ideas, he was shocked to receive a 20-page essay describing similar ones for publication from Alfred Russel Wallace, if considered worthwhile, on 18th June of 1858. Such researcher was at Maluku Islands (Moluccas archipelago within Banda Sea, Indonesia). As they say, “great minds think alike” or “clever minds think alike”. New ideas usually arise due to the influence of other surrounding ones. Indeed, our brain usually works

by ideas' association, jumping from one to another, starting from known ones and sometimes reaching surprising scenarios.

Darwin sent Wallace's manuscript to two friend scientists (Joseph Dalton Hooker and Charles Lyell). They arranged the joint presentation of two scientific papers, entitled "On the Tendency of Species to Form Varieties; and on the Perpetuation of Varieties and Species by Natural Means of Selection", at the Linnean Society of London, on 1st July of 1858. This way, Wallace's work ("On The Tendency of Varieties to Depart Indefinitely from the Original Type"), with extracts from a Darwin's unpublished essay (1844) and abstract of letter to the scientist Asa Grayn (1857), were presented at such scientific meeting. The articles "On the Tendency of Species to form Varieties" (Wallace) and "On the Perpetuation of Varieties and Species by Natural Means of Selection" (Darwin) were read out and printed on 20th August of 1858, yet passed mostly unnoticed in the scientific community.

Wallace's manuscript encouraged Darwin to finish his book, albeit as a reduced version of his former intention. Such revolutionary theory was entitled "On the Origin of Species" (short title) or "On the Origin of Species by Means of Natural Selection, or the Preservation of Favoured Races in the Struggle for Life" (long title), being published on 24th November of 1859. Later on, he published more scientific articles and books, including "The Descent of Man, and Selection in Relation to Sex" (1871), "The Expression of the Emotions in Man and Animals" (1872) and "The Formation of Vegetable Mould, Through the Actions of Worms" (1881).

It should be pointed out that Darwin considered both Wallace's and his ideas alike, in relation to natural selection. Yet, some scholars have highlighted that the former viewed natural selection as having similar effects than artificial selection (carried out by humans using selective breeding), emphasizing natural selection via competition. On the other hand, Wallace did not mention artificial breeding of varieties or species. Rather, he focused on group selection through ecological pressures, to adapt to specific environments, instead of selection on individual variation. Additionally, Darwin's work was much more comprehensive, being indeed a book, besides other scientific publications, as previously described.

Such discoveries changed our knowledge about the origin of species in general, and humans in particular. They established the concept of natural selection and evolution. This way, they opened the door to further research about evolution from first hominids to modern humans, related to brain development, culture and technology of our species.

From first hominids to modern humans

Archaeological studies can be fascinating. That coupled with molecular biology has allowed bioarchaeology to produce unprecedented scientific results (Dorado et al, 2007-2017; Reich, 2018). Thus, archaeological studies have found that, at a point in the biological evolution from first hominids into modern humans, ceremonial burials were constructed, including artifacts that point to

religious beliefs of life beyond death. Additionally, language was developed and all that generated an exponential growth of cultural and technological accomplishments. Not surprisingly, that is related to some changes suddenly generated in human nature (human genome and brain), allowing such achievements. They were further fueled by the development of agriculture in a broad sense, by microorganism, plant and animal breeding. This way, humans could settle, instead of being nomads in search for food. In turn, that brought a new wave of cultural and technological developments.

Interestingly, it was initially thought that humans gathered in communities first, supported by agriculture, then developing religious beliefs, represented by temple constructions. Yet, the surprising discoveries in the oldest religious temple known to date at Gobekli Tepe (Turkey) proved the contrary. As its main archaeologist (Klaus Schmidt) said: “first came the temple, then the city” (Dietrich et al, 2012). In other words –and quite surprisingly–, religion and temple construction existed before agriculture, at the time when humans were still nomads (gatherers and hunters). All that also demonstrates the deep basis of religion within human nature (Dorado et al, 2014).

Brain development and ancient genome sequencing

Currently, there is arguably no more complex and interesting scientific task than brain research. The molecular basis of biological changes –first in genome, and then in brain, as a consequence of the former–, from first hominids to modern humans have remained elusive for many years. Fortunately, two new and amazing papers, from two independent research teams have shed light on brain development-related genes in genome, in relation to such evolutionary changes. Such findings have been recently published in *Cell*, which is one of the most prestigious scientific journals (Fiddes et al, 2018; Suzuki et al, 2018).

They describe that Notch Homolog 2 (*NOTCH2*)-derived gene family, named Notch Homolog 2 N-terminal-Like (*NOTCH2NL*), were generated from partial duplication, repair and conversion of *NOTCH2*. Such paralogs include *NOTCH2NLA*, *NOTCH2NLB* and *NOTCH2NLC* genes, which are involved in cortical development of human brain, being a driving force of its evolution from first hominids to modern humans.

Recent developments in molecular biology have allowed to sequence, align and compare genomes of Denisovans (Meyer et al, 2012) and Neanderthals (Prüfer et al, 2014, 2017), as well as archaic and modern humans (Lazaridis et al, 2014). This way, a dendrogram or phylogenetic tree from *NOTCH2* to *NOTCH2NL* gene-family has been generated (Fig. 1).

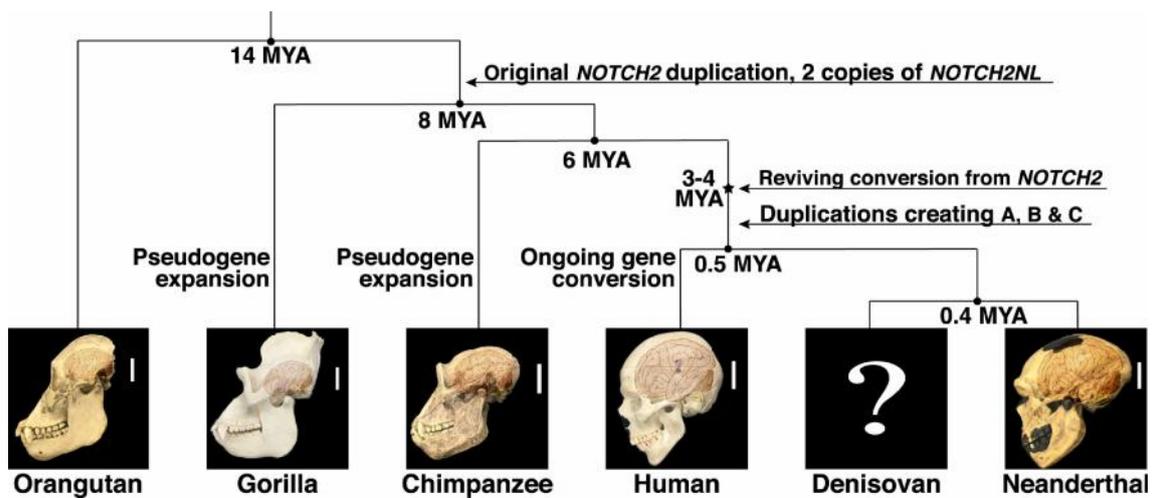


Figure 1. Great-apes dendrogram in relation to *NOTCH2NL*. Phylogenetic tree includes orangutan, gorilla, chimpanzee, human, Denisovan and Neanderthal. © 2018 Elsevier (Fiddes et al, 2018).

Some people (86%) have also *NOTCH2NL*-related gene (*NOTCH2NLR*), which is therefore absent in 14% of healthy population, suggesting that it is a non-functional pseudogene (Mallick et al, 2016). *NOTCH2NLA*, *NOTCH2NLB*, and *NOTCH2NLC* are located in 1q21.1 locus, whereas *NOTCH2NLR* is in p-arm of chromosome 1, near *NOTCH2*. *NOTCH2NL* genes encode *NOTCH2NL* proteins, which are related to several biological functions. They include calcium-ion and protein binding.

Curiously, they contain Epidermal Growth-Factor (EGF)-like domains. Their involvement in brain development stems from the fact that they enhance differentiation of cortical stem cells into neurons. That increases the number of neurons generated during brain development, further expanding certain functional areas in cerebral cortex. In turn, that increases cortex size, and therefore overall brain size.

Actually, human brains are threefold larger than the ones of other hominids, due to larger cerebral cortex. Interestingly, such functional genes are exclusive of humans. Indeed, they are not present in other primates (like macaques) or even great apes, like orangutans, being truncated and inactive in our closest relatives (gorillas and chimpanzees). So, amazingly, it seems that gene duplication, repair, conversion and activation of Notch signaling, via overexpression of these genes, allowed expansion of human cerebral cortex and thus the evolution from first hominids to modern humans. In particular, *NOTCH2NLB* activates Notch signaling and its overexpression produces clonal expansion of cortical progenitors and neurons (Fig. 2).

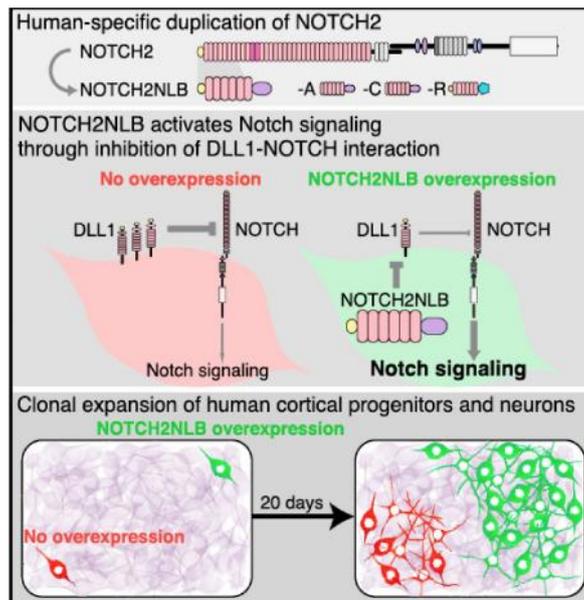


Figure 2. *NOTCH2NL* contribution to expansion of human cerebral cortex. Top) *NOTCH2* duplication; **Middle)** Notch signaling activation by *NOTCH2NLB*; and **Bottom)** Clonal expansion of cortical progenitors and neurons by *NOTCH2NLB* overexpression. © 2018 Elsevier (Suzuki et al, 2018).

On the other hand, *NOTCH2NL* overexpression delays neuronal differentiation, whereas its deletion accelerates it. And, unfortunately, there is a drawback: curiously, *NOTCH2NLA* and *NOTCH2NLB* genes are located in chromosomal regions associated to neurodevelopmental disorders. Thus, duplication, repair and conversion of one or both *NOTCH2NLA* and *NOTCH2NLB* genes may be related to macrocephaly, whereas deletions of one or both of them have been associated to microcephaly (Fig. 3).

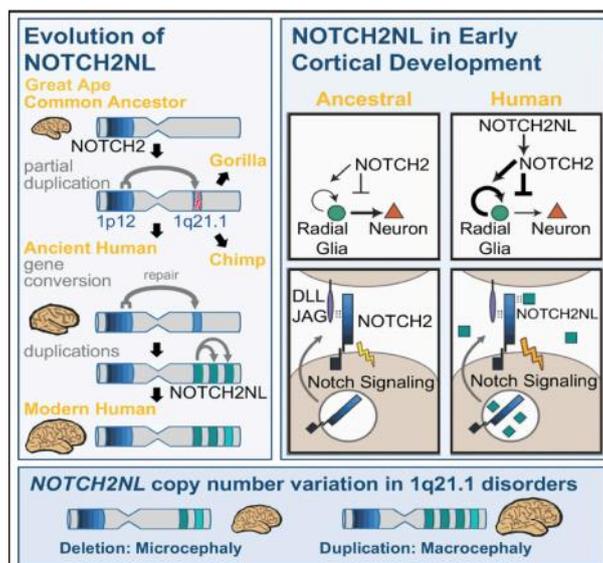


Figure 3. *NOTCH2NL* evolution. Left) From great ape common ancestor to ancient and modern human; **Right)** *NOTCH2NL* in early cortical development, comparing ancestral to human; and **Bottom)** *NOTCH2NL* duplication, repair and conversion may be associated to macrocephaly and autism, whereas deletions may be related to microcephaly and schizophrenia. © 2018 Elsevier (Fiddes et al, 2018).

Concluding remarks and future prospects

The potential of the discovery of *NOTCH2NL* gene-family involvement in brain development and recurrent neurodevelopmental diseases is breathtaking. For the first time, evolution from first hominids to modern humans has been explained with sound scientific basis. That involves genes triggering cerebral cortex development and growth. Besides, a comparison for such gene family has been carried out between extinct and modern humans at the genomic level. That highlights the relevance and potential of modern bioarchaeology to explain biological evolution, in general, and human evolution, in particular. But future prospects are even more astonishing. Not only to cure neurological disorders via techniques like Clustered Regularly-Interspaced Short-Palindromic Repeats (CRISPR), but even to generate superhumans and other intelligent animals. Obviously, this has critically important ethical implications, that should be properly addressed (Dorado et al, 2017). Biology, in general, and bioarchaeology, in particular, have never been so interesting, thanks to molecular biology.

Acknowledgements. Supported by “Ministerio de Economía y Competitividad” (MINECO grant BIO2015-64737-R) and “Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria” (MINECO and INIA RF2012-00002-C02-02); “Consejería de Agricultura y Pesca” (041/C/2007, 75/C/2009 and 56/C/2010), “Consejería de Economía, Innovación y Ciencia” (P11-AGR-7322 and P12-AGR-0482) and “Grupo PAI” (AGR-248) of “Junta de Andalucía”; and “Universidad de Córdoba” (“Ayuda a Grupos”), Spain.

Bibliographic references

- Collard M, Tarle L, Sandgathe D, Allan A (2016): Faunal evidence for a difference in clothing use between Neanderthals and early modern humans in Europe. *Journal of Anthropological Archaeology* 44: 235-246.
- Darwin C (1859): “*On the Origin of Species by Means of Natural Selection, or the Preservation of Favoured Races in the Struggle for Life*”. John Murray (London).
- DerSarkissian C, Allentoft ME, Ávila-Arcos MC, Barnett R, Campos PF, Cappellini E, Ermini L, Fernández R, da Fonseca R, Ginolhac A, Hansen AJ, Jónsson H, Korneliussen T, Margaryan A, Martin MD, Moreno-Mayar JV, Raghavan M, Rasmussen M, Velasco MS, Schroeder H, Schubert M, Seguin-Orlando A, Wales N, Gilbert MT, Willerslev E, Orlando L (2015): Ancient genomics. *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci* 370: 20130387 (12 pp).
- Dietrich O, Heun M, Notroff J, Schmidt K, Zarnkow M (2012): The role of cult and feasting in the emergence of Neolithic communities. New evidence from Gobekli Tepe, south-eastern Turkey. *Antiquity* 86: 674-695.
- Dorado G, Jiménez I, Rey I, Sánchez-Cañete FJS, Luque F, Morales A, Gálvez M, Sáiz J, Sánchez A, Rosales TE, Vásquez VF, Hernández P (2013): Genomics and proteomics in bioarchaeology - Review. *Archaeobios* 7: 47-63.
- Dorado G, Luque F, Pascual P, Jiménez I, Sánchez-Cañete FJS, Pérez-Jiménez M, Raya P, Gálvez M, Sáiz J, Sánchez A, Rosales TE, Vásquez VF, Hernández P (2015): Second-generation nucleic-acid sequencing and bioarchaeology - Review. *Archaeobios* 9: 216-230.
- Dorado G, Luque F, Pascual P, Jiménez I, Sánchez-Cañete FJS, Pérez-Jiménez M, Raya P, Sáiz J, Sánchez A, Martín J, Rosales TE, Vásquez VF,

- Hernández P (2016): Sequencing ancient RNA in bioarchaeology - Review. *Archaeobios* 10: 103-111.
- Dorado G, Luque F, Pascual P, Jiménez I, Sánchez-Cañete FJS, Raya P, Sáiz J, Sánchez A, Rosales TE, Vásquez VF (2017): Clustered Regularly-Interspaced Short-Palindromic Repeats (CRISPR) in bioarchaeology - Review. *Archaeobios* 11: 179-188.
- Dorado G, Rey I, Rosales TE, Sánchez-Cañete FJS, Luque F, Jiménez I, Gálvez M, Sáiz J, Sánchez A, Vásquez VF (2009): Ancient DNA to decipher the domestication of dog - Review. *Archaeobios* 3: 127-132.
- Dorado G, Rey I, Rosales TE, Sánchez-Cañete FJS, Luque F, Jiménez I, Morales A, Gálvez M, Sáiz J, Sánchez A, Hernández P, Vásquez VF (2010): Biological mass extinctions on planet Earth – Review. *Archaeobios* 4: 53-64.
- Dorado G, Rosales TE, Luque F, Sánchez-Cañete FJS, Rey I, Jiménez I, Morales A, Gálvez M, Sáiz J, Sánchez A, Vásquez VF, Hernández P (2011): Ancient nucleic acids from maize - Review. *Archaeobios* 5: 21-28.
- Dorado G, Rosales TE, Luque F, Sánchez-Cañete FJS, Rey I, Jiménez I, Morales A, Gálvez M, Sáiz J, Sánchez A, Vásquez VF, Hernández P (2012): Isotopes in bioarchaeology - Review. *Archaeobios* 6: 79-91.
- Dorado G, Sánchez-Cañete FJS, Pascual P, Jiménez I, Luque F, Pérez-Jiménez M, Raya P, Gálvez M, Sáiz J, Sánchez A, Rosales TE, Vásquez VF, Hernández P (2014): Starch genomics and bioarchaeology - Review. *Archaeobios* 8: 41-50.
- Dorado G, Vásquez V, Rey I, Luque F, Jiménez I, Morales A, Gálvez M, Sáiz J, Sánchez A, Hernández P (2008): Sequencing ancient and modern genomes - Review. *Archaeobios* 2: 75-80.
- Dorado G, Vásquez V, Rey I, Vega JL (2007): Archaeology meets Molecular Biology - Review. *Archaeobios* 1: 1-2.
- Ermini L, DerSarkissian C, Willerslev E, Orlando L (2015): Major transitions in human evolution revisited: a tribute to ancient DNA. *J Hum Evol* 79: 4-20.
- Fiddes IT, Lodewijk GA, Mooring M, Bosworth CM, Ewing AD, Mantalas GL, Novak AM, VanDenBout A, Bishara A, Rosenkrantz JL, Lorig-Roach R, Field AR, Haeussler M, Russo L, Bhaduri A, Nowakowski TJ, Pollen AA, Dougherty ML, Nuttle X, Addor MC, Zwolinski S, Katzman S, Kriegstein A, Eichler EE, Salama SR, Jacobs FMJ, Haussler D (2018): Human-specific *NOTCH2NL* genes affect Notch signaling and cortical neurogenesis. *Cell* 173: 1356-1369.
- Hofreiter M, Paijmans JL, Goodchild H, Speller CF, Barlow A, Fortes GG, Thomas JA, Ludwig A, Collins MJ (2015): The future of ancient DNA: Technical advances and conceptual shifts. *Bioessays* 37: 284-293.
- Knapp M, Lalueza-Fox C, Hofreiter M (2015): Re-inventing ancient human DNA. *Investig Genet* 6: 4 (11 pp)
- Lazaridis I, Patterson N, Mittnik A, Renaud G, Mallick S, Kirsanow K, Sudmant PH, Schraiber JG, Castellano S, Lipson M, Berger B, Economou C, Bollongino R, Fu Q, Bos KI, Nordenfelt S, Li H, de Filippo C, Prifer K, Sawyer S, Posth C, Haak W, Hallgren F, Fornander E, Rohland N, Delsate D, Francken M, Guinet JM, Wahl J, Ayodo G, Babiker HA, Bailliet G, Balanovska E, Balanovsky O, Barrantes R, Bedoya G, Ben-Ami H, Bene J, Berrada F, Bravi CM, Brisighelli F, Busby GB, Cali F, Churnosov M, Cole DE, Corach D, Damba L, VanDriem G, Dryomov S, Dugoujon JM, Fedorova SA, Gallego Romero I, Gubina M, Hammer M, Henn BM, Hervig T, Hodoglugil U, Jha AR, Karachanak-Yankova S, Khusainova R, Khusnutdinova E, Kittles R, Kivisild T, Klitz W, Kucinskis V,

- Kushniarevich A, Laredj L, Litvinov S, Loukidis T, Mahley RW, Melegh B, Metspalu E, Molina J, Mountain J, Nakkalajarvi K, Nesheva D, Nyambo T, Osipova L, Parik J, Platonov F, Posukh O, Romano V, Rothhammer F, Rudan I, Ruizbakiev R, Sahakyan H, Sajantila A, Salas A, Starikovskaya EB, Tarekegn A, Toncheva D, Turdikulova S, Uktveryte I, Utevska O, Vasquez R, Villena M, Voevoda M, Winkler CA, Yepiskoposyan L, Zalloua P, Zemunik T, Cooper A, Capelli C, Thomas MG, Ruiz-Linares A, Tishkoff SA, Singh L, Thangaraj K, VILLEMS R, Comas D, Sukernik R, Metspalu M, Meyer M, Eichler EE, Burger J, Slatkin M, Pääbo S, Kelso J, Reich D, Krause J (2014): Ancient human genomes suggest three ancestral populations for present-day Europeans. *Nature* 513: 409-413.
- Lordkipanidze D, Ponce de León MS, Margvelashvili A, Rak Y, Rightmire GP, Vekua A, Zollikofer CP (2013): A complete skull from Dmanisi, Georgia, and the evolutionary biology of early Homo. *Science* 342: 326-331.
- Lozano M, Mosquera M, Bermúdez de Castro JM, Arsuaga JL, Carbonell E (2009): Right handedness of *Homo heidelbergensis* from Sima de los Huesos (Atapuerca, Spain) 500,000 years ago. *Evolution and Human Behavior* 30: 369-376.
- Mallick S, Li H, Lipson M, Mathieson I, Gymrek M, Racimo F, Zhao M, Chennagiri N, Nordenfelt S, Tandon A, Skoglund P, Lazaridis I, Sankararaman S, Fu Q, Rohland N, Renaud G, Erlich Y, Willems T, Gallo C, Spence JP, Song YS, Poletti G, Balloux F, VanDriem G, de Knijff P, Romero IG, Jha AR, Behar DM, Bravi CM, Capelli C, Hervig T, Moreno-Estrada A, Posukh OL, Balanovska E, Balanovsky O, Karachanak-Yankova S, Sahakyan H, Toncheva D, Yepiskoposyan L, Tyler-Smith C, Xue Y, Abdullah MS, Ruiz-Linares A, Beall CM, Di Rienzo A, Jeong C, Starikovskaya EB, Metspalu E, Parik J, VILLEMS R, Henn BM, Hodoglugil U, Mahley R, Sajantila A, Stamatoyannopoulos G, Wee JT, Khusainova R, Khusnutdinova E, Litvinov S, Ayodo G, Comas D, Hammer MF, Kivisild T, Klitz W, Winkler CA, Labuda D, Bamshad M, Jorde LB, Tishkoff SA, Watkins WS, Metspalu M, Dryomov S, Sukernik R, Singh L, Thangaraj K, Pääbo S, Kelso J, Patterson N, Reich D (2016): The Simons Genome Diversity Project: 300 genomes from 142 diverse populations. *Nature* 538: 201-206.
- Malthus TR (1798): "An Essay on the Principle of Population, as it Affects the Future Improvement of Society. With Remarks on the Speculations of Mr. Godwin, M. Condorcet and Other Writers" (Johnson, London).
- Martínez I, Rosa M, Arsuaga JL, Jarabo P, Quam R, Lorenzo C, Gracia A, Carretero JM, Bermúdez de Castro JM, Carbonell E (2004): Auditory capacities in Middle Pleistocene humans from the Sierra de Atapuerca in Spain. *Proc Natl Acad Sci USA* 101: 9976-9981.
- McPherron SP, Alemseged Z, Marean CW, Wynn JG, Reed D, Geraads D, Bobe R, Bearat HA (2010): Evidence for stone-tool-assisted consumption of animal tissues before 3.39 million years ago at Dikika, Ethiopia. *Nature* 466: 857-860.
- Meyer M, Arsuaga JL, De Filippo C, Nagel S, Aximu-Petri A, Nickel B, Martínez I, Gracia A, Bermúdez de Castro JM, Carbonell E, Viola B, Kelso J, Prufer K, Pääbo S (2016): Nuclear DNA sequences from the Middle Pleistocene Sima de los Huesos hominins. *Nature* 531: 504-507.
- Meyer M, Fu Q, Aximu-Petri A, Glocke I, Nickel B, Arsuaga JL, Martínez I, Gracia A, De Castro JM, Carbonell E, Pääbo S (2014): A mitochondrial

- genome sequence of a hominin from Sima de los Huesos. *Nature* 505: 403-406.
- Meyer M, Kircher M, Gansauge MT, Li H, Racimo F, Mallick S, Schraiber JG, Jay F, Prufer K, de Filippo C, Sudmant PH, Alkan C, Fu Q, Do R, Rohland N, Tandon A, Siebauer M, Green RE, Bryc K, Briggs AW, Stenzel U, Dabney J, Shendure J, Kitzman J, Hammer MF, Shunkov MV, Derevianko AP, Patterson N, Andrés AM, Eichler EE, Slatkin M, Reich D, Kelso J, Pääbo S (2012): A high-coverage genome sequence from an archaic Denisovan individual. *Science* 338: 222-226.
- Mithen M (2007): *"The Singing Neanderthals - The Origins of Music, Language, Mind, and Body"*. Harvard University Press (Cambridge, Massachusetts, USA).
- Noonan JP, Coop G, Kudaravalli S, Smith D, Krause J, Alessi J, Chen F, Platt D, Pääbo S, Pritchard JK, Rubin EM (2006): Sequencing and analysis of Neanderthal genomic DNA. *Science* 314: 1113-1118.
- Pääbo S (2015): The diverse origins of the human gene pool. *Nat Rev Genet* 16: 313-314.
- Perry GH, Orlando L (2015): Ancient DNA and human evolution. *J Hum Evol* 79: 1-3.
- Prufer K, de Filippo C, Grote S, Mafessoni F, Korlevic P, Hajdinjak M, Vernot B, Skov L, Hsieh P, Peyregne S, Reher D, Hopfe C, Nagel S, Maricic T, Fu Q, Theunert C, Rogers R, Skoglund P, Chintalapati M, Dannemann M, Nelson BJ, Key FM, Rudan P, Kucan Ž, Gusic I, Golovanova LV, Doronichev VB, Patterson N, Reich D, Eichler EE, Slatkin M, Schierup MH, Andrés AM, Kelso J, Meyer M, Pääbo S (2017): A high-coverage Neanderthal genome from Vindija Cave in Croatia. *Science* 358: 655-658.
- Prufer K, Racimo F, Patterson N, Jay F, Sankararaman S, Sawyer S, Heinze A, Renaud G, Sudmant PH, de Filippo C, Li H, Mallick S, Dannemann M, Fu Q, Kircher M, Kuhlwilm M, Lachmann M, Meyer M, Ongyerth M, Siebauer M, Theunert C, Tandon A, Moorjani P, Pickrell J, Mullikin JC, Vohr SH, Green RE, Hellmann I, Johnson PL, Blanche H, Cann H, Kitzman JO, Shendure J, Eichler EE, Lein ES, Bakken TE, Golovanova LV, Doronichev VB, Shunkov MV, Derevianko AP, Viola B, Slatkin M, Reich D, Kelso J, Pääbo S (2014): The complete genome sequence of a Neanderthal from the Altai Mountains. *Nature* 505:43-49.
- Reich D (2018): *"Who We Are and How We Got Here - Ancient DNA and the New Science of the Human Past"*. Pantheon Books (New York, NY, USA).
- Roebroeks W, Sier MJ, Nielsen TK, De Loecker D, Parés JM, Arps CE, Mocher HJ (2012): Use of red ochre by early Neanderthals. *Proc Natl Acad Sci USA* 109: 1889-1894.
- Scerri EML, Thomas MG, Manica A, Gunz P, Stock JT, Stringer C, Grove M, Groucutt HS, Timmermann A, Rightmire GP, D'Errico F, Tryon CA, Drake NA, Brooks AS, Dennell RW, Durbin R, Henn BM, Lee-Thorp J, DeMenocal P, Petraglia MD, Thompson JC, Scally A, Chikhi L (2018): Did our species evolve in subdivided populations across Africa, and why does it matter? *Trends in Ecology & Evolution* 33: 582-594.
- Suzuki IK, Gacquer D, VanHeurck R, Kumar D, Wojno M, Bilheu A, Herpoel A, Lambert N, Cheron J, Polleux F, Detours V, Vanderhaeghen P (2018): Human-specific *NOTCH2NL* genes expand cortical neurogenesis through Delta/Notch Regulation. *Cell* 173: 1370-1384.

- Vernot B, Akey JM (2015): Complex history of admixture between modern humans and Neandertals. *Am J Hum Genet* 96: 448-453.
- Wales N (2012): Modeling Neanderthal clothing using ethnographic analogues. *J Hum Evol* 63: 781-795.
- Warren M (2018): Mum's a Neanderthal, dad's a Denisovan: First discovery of an ancient-human hybrid. *Nature* 560: 417-418.
- Wilkins J, Schoville BJ, Brown KS, Chazan M (2012): Evidence for early hafted hunting technology. *Science* 338: 942-946.
- Zhu Z, Dennell R, Huang W, Wu Y, Qiu S, Yang S, Rao Z, Hou Y, Xie J, Han J, Ouyang T (2018): Hominin occupation of the Chinese Loess Plateau since about 2.1 million years ago. *Nature* 559: 608-612.



Evolución desde los primeros homínidos a los humanos modernos: filosofía, bioarqueología y biología - Revisión

Gabriel Dorado ¹, Fernando Luque ², Plácido Pascual ³, Inmaculada Jiménez ⁴, Francisco Javier S. Sánchez-Cañete ⁵, Patricia Raya ⁶, Jesús Sáiz ⁷, Adela Sánchez ⁷, Teresa E. Rosales ⁸, Víctor F. Vásquez ⁹, Pilar Hernández ¹⁰

¹ Autor para correspondencia, Dep. Bioquímica y Biología Molecular, Campus Rabanales C6-1-E17, Campus de Excelencia Internacional Agroalimentario (ceiA3), Universidad de Córdoba, 14071 Córdoba (Spain), eMail: <bb1dopeg@uco.es>; ² Laboratorio de Producción y Sanidad Animal de Córdoba, Ctra. Madrid-Cádiz km 395, 14071 Córdoba; ³ Laboratorio Agroalimentario de Córdoba, Consejería de Agricultura y Pesca, Junta de Andalucía, 14004 Córdoba; ⁴ IES Puertas del Campo, Avda. San Juan de Dios 1, 51001 Ceuta; ⁵ EE.PP. Sagrada Familia de Baena, Avda. Padre Villoslada 22, 14850 Baena (Córdoba); ⁶ Dep. Radiología y Medicina Física, Unidad de Física Médica, Facultad de Medicina, Avda. Menéndez Pidal s/n, Universidad de Córdoba, 14071 Córdoba; ⁷ Dep. Farmacología, Toxicología y Medicina Legal y Forense, Facultad de Medicina, Avda. Menéndez Pidal, s/n, Universidad de Córdoba, 14071 Córdoba; ⁸ Co-Director, Centro de Investigaciones Arqueobiológicas y Paleoecológicas Andinas Arqueobios, Apartado Postal 595, Trujillo (Perú); ⁹ Director, Centro de Investigaciones Arqueobiológicas y Paleoecológicas Andinas Arqueobios, Apartado Postal 595, Trujillo (Perú); ¹⁰ Instituto de Agricultura Sostenible (IAS), Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Alameda del Obispo s/n, 14080 Córdoba

Resumen

¿Qué nos hizo humanos? La evolución desde los primeros homínidos (*Homo habilis*) a los humanos modernos (*Homo sapiens sapiens*) es un tema fascinante, por razones obvias. Ello está relacionado no solo con el uso de herramientas (que otros animales también pueden usar), sino –y más importante– con la consciencia (conciencia de sí mismo), para preguntarse las tres grandes cuestiones filosóficas de la vida. Así, en un momento de la evolución humana, comenzamos a preguntarnos sobre de dónde venimos, el sentido de la vida y qué hay tras la muerte. Se han usado diferentes aproximaciones para tratar de dar respuesta a dichas cuestiones, incluyendo religión (creencias), filosofía (ideas) y ciencia (experimentos). Afortunadamente, los recientes avances en tecnología permiten aplicar la ciencia, en general, y la biología molecular como la secuenciación de genomas de ADN antiguo (ADNa), en particular, para descifrar la base más fundamental de la evolución humana. La conclusión es apasionante, ya que parece que dichos cambios biológicos fueron debidos a la duplicación, reparación y conversión de genes homólogos de muesca 2 (NOTCH2; del inglés, “Notch Homolog 2”) en genes similares a N terminal de homólogos de muesca 2 (NOTCH2NL; del inglés, “Notch Homolog 2 N-terminal-Like”). Ello causó la expansión del córtex cerebral y nos hizo humanos. Pero, lamentablemente, ello está también relacionado con enfermedades recurrentes del desarrollo neurológico, a las que los humanos son especialmente propensos, en relación con otros animales.

Palabras clave: metafísica, Darwin, Australopithecus, Hominoidea, monos menores, gibones, grandes simios.

Abstract

What made us human? Evolution from first hominins (*Homo habilis*) to modern humans (*Homo sapiens sapiens*) is a fascinating subject, for obvious reasons. That is related not only to the use of tools (which other animals may also

handle), but –most importantly– to self-consciousness and, consequently, wondering about the three big philosophical questions of life. Thus, at a point in human evolution, we started to ask ourselves about where do we come from, what is our purpose in life and what comes after death. Different approaches have been taken to try to address such questions, including religion (beliefs), philosophy (thoughts) and science (experiments). Fortunately, recent breakthroughs in technology allow to apply science, in general, and molecular biology like sequencing of ancient DNA (aDNA) genomes, in particular, to decipher the most fundamental basis of human evolution. The conclusion is exciting, since it seems that such biological changes were due to duplication, repair and conversion of Notch Homolog 2 (*NOTCH2*) genes into Notch Homolog 2 N-terminal-Like (*NOTCH2NL*) ones. That caused the expansion of brain cortex and made us human. But, unfortunately, that is also related to recurrent neurodevelopmental diseases, to which humans are specially prone, in relation to other animals.

Key words: metaphysics, Darwin, Australopithecus, Hominoidea, lesser apes, gibbons, great apes.

Introducción

Los monos actuales incluyen los monos del Viejo Mundo (catarrinos) y los monos del Nuevo Mundo (platirrininos). Los primeros también incluyen los simios (superfamilia Hominoidea), con dos ramas actualmente existentes (vivientes): simios menores (gibones) y grandes simios u homínidos. Los últimos pertenecen a la familia de primates Hominidae, incluyendo cuatro géneros y ocho especies vivientes: i) orangutanes de Borneo, Sumatra y Tapanuli (*Pongo* spp.); ii) gorilas orientales y occidentales (*Gorilla* spp.); iii) chimpancé común y bonobo (*Pan* spp.); y iv) *Homo* spp., incluyendo los humanos modernos (*Homo sapiens sapiens*). Los simios aparecieron hace 10 millones de años (Ma) en África, estando representados por *Nakalipithecus nakayamai*, que evolucionó a *Ouranopithecus* spp. hace nueve Ma, siendo el Último Ancestro Común de Gorilas y Humanos (UACGH) o Ancestro Común Más Reciente de Gorilas y Humanos (ACMRGH), con posterior separación y evolución en Gorillini y Hominini. Este último evolucionó a *Sahelanthropus tchadensis*, probablemente siendo bípedo hace siete Ma. Este evolucionó a *Orrorin tugenensis* hace seis Ma, siendo el Último Ancestro Común de Chimpancés y Humanos (UACCH) o Último Ancestro Común Más Reciente de Chimpancés y Humanos (ACMRCH). Este último evolucionó a Hominini (homininis) hace 5'5 Ma, que incluye *Homo* spp. (pero no *Gorilla* spp.). No está claro si *Pan* spp. debe incluirse en el primero. Esto se debe a los complejos procesos de especiación y al desarrollo del bipedismo en protohumanos. Por otro lado, recientemente se ha propuesto que nuestra especie no evolucionó a partir de una sola población/región de África, sino a partir de varias relacionadas, a través de dicho continente (Scerri et al, 2018).

Posteriormente surgió *Ardipithecus* spp. hace 4'5 Ma, con características que reflejan la adaptación al bipedismo. Este evolucionó a *Australopithecus* spp. hace 3'5 Ma, que –curiosamente– usó herramientas de piedra para comer carne, trinchanto cadáveres de animales (McPherron et al, 2010). Sin

embargo, el uso de estas herramientas fue bastante simple, similar al observado en los simios africanos actuales, como los chimpancés y los gorilas. Así, manejaban herramientas simples como piedras para partir nueces, palos para capturar termitas de montículos y lanzas para cazar, aunque sin lanzarlas a distancia.

La evolución de los homínidos (*Australopithecus* spp.) a los primeros homínidos (*Homo habilis*) comenzó hace tres Ma. Continuó con *Homo ergaster* hace tres Ma. Curiosamente, recientemente se ha descubierto que emigraron a Asia (*Homo erectus*) hace 2'1 Ma en lugar de 1'85 Ma, como se pensaba anteriormente (Zhu et al, 2018). Se ha propuesto que los *Homo* africanos tempranos conocidos como *H. habilis*, *H. rudolfensis* y *H. erectus* fueron de hecho el mismo; las variaciones entre ellos simplemente reflejarían diversidad (Lordkipanidze et al, 2013). Más tarde, controlaron el fuego hace 1'5 Ma. Se consideran el comienzo de la evolución humana temprana, con innovaciones tecnológicas que incluyen herramientas como hachas de mano de piedra y cocinar con fuego, creando manifestaciones culturales específicas. Eso llevó a animales que pensaban y resolvían problemas de una manera sin precedentes. También se preguntaban sobre las grandes cuestiones relacionadas con el significado de la vida, incluyendo de dónde venimos, cuál es nuestro propósito en la vida y lo que viene después de la muerte.

De esta manera, *Homo heidelbergensis*, también conocido como *Homo rhodesiensis*, vivió hace 700.000 a. Representa las primeras especies de *Homo* que enterraron a sus muertos, encontrados dentro de un foso llamado "Sima de los Huesos" ubicado en la Sierra de Atapuerca, en el pueblo de Atapuerca (España) donde se encontraron 28 esqueletos de homínidos (Meyer et al, 2014, 2016). Curiosamente, estos humanos fueron de hecho neandertales tempranos (*Homo sapiens neanderthalensis*) de Eurasia Occidental, que se separó de la subespecie de los denisovanos del sur de Siberia (*Homo sapiens denisova*) hace 430.000 a (Meyer et al, 2016). De hecho, se encontraron con humanos modernos cuando emigraron de África y el Cercano Oriente hace 75.000 a. Los humanos modernos se separaron de la subespecie de neandertales hace 370.000 a, compartiendo un ancestro común que vivió hace 706.000 a (Noonan et al, 2006). Los humanos se cruzaron con denisovanos y neandertales (Dorado et al, 2010, 2013, 2015; Prüfer et al, 2014; Der Sarkissian et al, 2015; Ermini et al, 2015; Hofreiter et al, 2015; Knapp et al, 2015; Pääbo, 2015; Perry y Orlando, 2015; Vernot y Akey, 2015). Además, se ha descubierto recientemente que hubo mezclas genéticas ancestrales entre las subespecies de denisovanos y neandertales. Tales cruzamientos no deberían sorprender, ya que no eran especies diferentes, sino subespecies. Pero los denisovanos y neandertales eran menos diversos que los humanos modernos, y posiblemente ello fuera una de las causas de su extinción (Warren, 2018).

Curiosamente, *H. heidelbergensis* tenía una morfología similar de las estructuras esqueléticas y, por lo tanto, capacidades auditivas, a las del oído externo y medio de los humanos modernos. Ello permite una alta sensibilidad en el rango de 2 a 4 kHz, que es relevante para el lenguaje hablado. Sin embargo, la mayoría de los otros antropoides no tienen tal anatomía y capacidad. Por lo tanto, *H. heidelbergensis* y sus descendientes (denisovanos y

neandertales) probablemente se comunicaron usando algún tipo de lenguaje primitivo (Martínez et al, 2004; Mithen, 2007).

Además, *H. heidelbergensis* usó pigmentos como óxidos de hierro rojo (hematita). Más tarde, los neandertales también los utilizaron, al menos desde hace 250.000 a, junto con óxidos de manganeso rojos, como también se encuentran para los humanos africanos. Sin embargo, sus propósitos no son claros y, en cualquier caso, hasta ahora no se han encontrado obras de arte (Roebroeks et al, 2012). Curiosamente, *H. heidelbergensis* era diestro, como los humanos modernos, como se demuestra por los análisis del desgaste dental de 28 homínidos de Atapuerca que datan de hace 500.000 a. Ese no es un tema trivial, ya que la destreza es el resultado de la especialización cerebral. Además, esta última permite el desarrollo de capacidades cognitivas superiores, como las que se encuentran en los seres humanos, incluidos el lenguaje y la tecnología (Lozano et al, 2009). En relación con eso, se han encontrado lanzas y puntas de piedra en África (de hace 500.000 a) y Alemania (de hace 400.000 a). Cabe destacar que el uso de puntas de piedra para lanzas representa un logro tecnológico armamentístico importante. Ello puede ser relevante para la supervivencia, en general, y para la caza, en particular. Por lo tanto, parece que denisovanos, neandertales y humanos modernos no inventaron, sino que heredaron dicha tecnología de *H. heidelbergensis*, siendo su último antepasado común (Wilkins et al, 2012). Por otro lado, denisovanos y neandertales probablemente vestían ropas sencillas (tipo capa) no hechas a medida, mientras que los humanos modernos fabricaban ropas más sofisticadas y especializadas para protegerse mejor del clima frío (Wales, 2012; Collard et al, 2016). La llegada de los humanos modernos trajo impresionantes desarrollos culturales y tecnológicos hasta nuestros días.

Pero, ¿cómo responder a las tres grandes preguntas relacionadas con el significado de la vida previamente descritas (origen, vida y muerte)? Hay muchos enfoques posibles y, por lo tanto, respuestas a tales preguntas, incluyendo la religión (creencias), filosofía (pensamientos) y ciencia (experimentos). La religión se basa en dogmas y, por lo tanto, no puede cuestionarse, por definición. Por otro lado, la filosofía puede ser debatida, discutida y argumentada, pero en última instancia puede no ser demostrada. Afortunadamente, la ciencia usa el método científico, que se basa en el establecimiento de hipótesis, que pueden ser probadas experimentalmente, para ser refutadas o aceptadas para construir teorías. Eso le da a la ciencia un tremendo potencial de descubrimiento y desarrollo tecnológico. De hecho, dicho crecimiento ha sido exponencial desde que se implementó el método científico.

La época en que los homínidos se convirtieron también en humanos está representada por restos arqueológicos, incluidos los entierros ceremoniales. Usualmente contienen objetos arqueológicos. Algunas veces, los ácidos nucleicos de los restos biológicos de tales seres pueden ser analizados. Durante muchos años, esos restos fueron objeto de las ciencias sociales o las denominadas "letras" (incluidas las artes y las humanidades). Las metodologías modernas de biología molecular han permitido amplificar y secuenciar el ADN de tales restos, siendo por lo tanto también sujeto potencial de las ciencias

experimentales. Eso fue posible primero aplicando técnicas como la reacción en cadena de la polimerasa (PCR; del inglés, “Polymerase Chain-Reaction”), así como la secuenciación de ácidos nucleicos y péptidos. Ahora, es posible incluso secuenciar el ADN de dichos restos sin amplificación previa, utilizando la Secuenciación de Tercera Generación (TGS; del inglés, “Third-Generation Sequencing”). Eso, junto con los nuevos desarrollos en hardware (tecnología del proceso litográfico de semiconductores para nodos más pequeños y microprocesadores de muchos núcleos) y paralelización de software (bioinformática), ha permitido el desarrollo de una nueva y revolucionaria bioarqueología (Dorado et al, 2007-2017).

Evolución de las especies a través de la lucha por recursos limitados y selección reproductiva

Charles Darwin suspendió su formación académica médica –a pesar de la oposición de su padre– por su verdadera pasión: las ciencias naturales. Se embarcó en el barco *Beagle* de Su Majestad (HMS; del inglés, “His Majesty’s Ship”) el 27 de diciembre de 1831, como un joven graduado de 22 años. El 30 de diciembre de 1831, estaba a bordo en el golfo de Vizcaya (España) “profundamente desanimado y muy mareado”. De hecho, tuvo la tentación de regresar a casa, debido dicho mareo tan severo. Afortunadamente, continuó, aunque estando tanto tiempo como podía en tierra, en lugar de en el barco, debido a tan “afortunada” enfermedad, mientras viajaba alrededor del mundo durante casi cinco años (hasta el 2 de octubre de 1836). Por lo tanto, tal problema le ayudó a recopilar más datos, muestras de fósiles, plantas y animales, de forma metódica y laboriosa, durante tan largo viaje que si hubiera permanecido a bordo.

Lo más interesante es que Darwin se sorprendió al descubrir que algunas especies como los cenizos comunes (o sinsontes) y pinzones de las islas Galápagos se parecían a las que vivían en tierra continental, y que también diferían de una isla a otra. Además, se inspiró en 1838 al leer la sexta edición de “Ensayo sobre el principio de la población” (título corto) o “Ensayo sobre el principio de la población, tal como afecta a la futura mejora de la sociedad. Con observaciones sobre las especulaciones de Godwin, Condorcet y otros escritores” (título largo), por Thomas Robert Malthus, que fue publicado anónimamente por primera vez 40 años antes (Malthus, 1798). El 28 de septiembre de 1838, Darwin advirtió el hecho sorprendente de que los recursos naturales crecen aritméticamente o linealmente (eg., $2n$, siendo n el número de generaciones, suponiendo un escenario simplificado de dos descendientes por genitor, para simplificar el razonamiento), pero las poblaciones biológicas crecen de forma exponencial o logarítmica (eg., 2^n , en el ejemplo simplificado anterior). Así, las poblaciones humanas se duplican cada 25 años cuando hay recursos disponibles y no se ejerce control reproductivo. La consecuencia es la superpoblación, hambre, inanición y muertes (catástrofe maltusiana), a menos que se implemente el control de la natalidad.

Darwin también era consciente de la interesante idea de la “beligerancia de las especies” o “guerra de la naturaleza”, del botánico suizo Agustín Pyramus (o Pyrame) de Candolle, que describía las plantas como “en guerra

unas con otras”, por espacio y recursos. Del mismo modo, dicho investigador reconoció que las características nuevas y similares (más tarde nombradas como analogía) pueden surgir en diferentes especies, sin estar presentes en un ancestro evolutivo común. De hecho, Darwin lo invitó a cenar cuando visitó Gran Bretaña en 1839.

El estudio de todas estas pruebas hizo que Darwin concibiera su teoría de la selección natural en la lucha por la supervivencia en 1838. Después de 12 años escribiendo el manuscrito del libro sobre tales ideas científicas, se sorprendió al recibir un ensayo de 20 páginas de Alfred Russel Wallace, describiendo ideas similares para su publicación, si se consideraba que valía la pena, el 18 de junio de 1858. Tal investigador se encontraba en las Islas Maluku (archipiélago de las Molucas, en el mar de Banda, Indonesia). Como dicen, “las grandes mentes piensan igual” o “las mentes inteligentes piensan igual”. Las nuevas ideas surgen generalmente debido a la influencia de otras circundantes. De hecho, nuestro cerebro generalmente funciona por asociación de ideas, saltando de una a otra, comenzando por las conocidas y llegando a veces a escenarios sorprendentes.

Darwin envió el manuscrito de Wallace a dos científicos amigos (Joseph Dalton Hooker y Charles Lyell). Organizaron la presentación conjunta de dos artículos científicos, titulados “Sobre la tendencia de las especies para formar variedades; y sobre la perpetuación de las variedades y especies por medio de la selección”, en la Sociedad Linneana de Londres, el 1 de julio de 1858. De esta manera, el trabajo de Wallace (“Sobre la tendencia de las variedades para alejarse indefinidamente del tipo original”), con extractos de un ensayo inédito de Darwin (1844) y un resumen de una carta al científico Asa Gray (1857), se presentaron en dicha reunión científica. Los artículos “Sobre la tendencia de las especies para formar variedades” (Wallace) y “Sobre la perpetuación de las variedades y las especies por los medios naturales de selección natural” (Darwin) fueron leídos e impresos el 20 de agosto de 1858, pero pasaron casi desapercibidos en la comunidad científica.

El manuscrito de Wallace animó a Darwin a terminar su libro, aunque como una versión reducida de su antigua intención. Tal teoría revolucionaria fue titulada “El origen de las especies” (título corto) o “El origen de las especies por medio de la selección natural, o la preservación de las razas preferidas en la lucha por la vida” (título largo), siendo publicado el 24 de noviembre de 1859. Más tarde, publicó más artículos científicos y libros, incluyendo “El origen del hombre y la selección en relación al sexo” (1871), “La expresión de las emociones en los animales y en el hombre” (1872) y “La formación del manto vegetal por la acción de las lombrices” (1881).

Debe señalarse que Darwin consideró que las ideas de Wallace eran similares a las suyas en relación con la selección natural. Sin embargo, algunos estudiosos han destacado que el primero consideraba que la selección natural tenía efectos similares a los de la selección artificial (llevada a cabo por humanos usando la reproducción selectiva), enfatizando la selección natural a través de la competencia. Por otro lado, Wallace no mencionó la reproducción artificial de variedades o especies. Por el contrario, se centró en la selección de

grupos a través de presiones ecológicas, para adaptarse a entornos específicos, en lugar de selección sobre la variación individual. Además, el trabajo de Darwin fue mucho más completo, siendo de hecho un libro, además de otras publicaciones científicas, como se describió anteriormente.

Tales descubrimientos cambiaron nuestro conocimiento sobre el origen de las especies en general, y los humanos en particular. Establecieron el concepto de selección y evolución natural. De esta manera, abrieron la puerta a nuevas investigaciones sobre la evolución desde los primeros homínidos a los humanos modernos, relacionados con el desarrollo del cerebro, la cultura y la tecnología de nuestra especie.

Desde los primeros homínidos hasta los humanos modernos

Los estudios arqueológicos pueden ser fascinantes. Esto, junto con la biología molecular, ha permitido que la bioarqueología produzca resultados científicos sin precedentes (Dorado et al, 2007-2017; Reich, 2018). De hecho, los estudios arqueológicos han encontrado que, en un punto de la evolución biológica de los primeros homínidos a los humanos modernos, se construyeron sepulturas ceremoniales, incluyendo utensilios que apuntan a creencias religiosas en vida más allá de la muerte. Además, se desarrolló el lenguaje y todo eso generó un crecimiento exponencial de logros culturales y tecnológicos. No es sorprendente que ello esté relacionado con algunos cambios repentinamente generados en la naturaleza humana (genoma humano y cerebro), que permitieron tales logros. Fueron además potenciados por el desarrollo de la agricultura en sentido amplio, mediante la reproducción (domesticación y mejora) de microorganismos, plantas y animales. De esta manera, los humanos podrían establecerse, en lugar de ser nómadas en busca de comida. A su vez, eso trajo una nueva ola de desarrollos culturales y tecnológicos.

Curiosamente, inicialmente se pensó que los humanos se reunieron primero en las comunidades, apoyados por la agricultura, y luego desarrollaron creencias religiosas, representadas por la construcción de templos. Sin embargo, los sorprendentes descubrimientos en el templo religioso más antiguo conocido hasta la fecha en Gobekli Tepe (Turquía) probaron lo contrario. Como su principal arqueólogo (Klaus Schmidt) dijo: “primero llegó el templo, después la ciudad” (Dietrich et al, 2012). En otras palabras, –y bastante sorprendentemente–, la religión y la construcción de templos existieron antes de la agricultura, cuando los humanos todavía eran nómadas (recolectores y cazadores). Todo esto también demuestra la base profunda de la religión dentro de la naturaleza humana (Dorado et al, 2014).

Desarrollo del cerebro y secuenciación del genomas antiguos

Actualmente, no hay probablemente ninguna tarea científica más compleja e interesante que la investigación del cerebro. La base molecular de los cambios biológicos –primero en el genoma, y luego en el cerebro, como consecuencia de la primera–, desde los primeros homínidos hasta los humanos modernos ha permanecido esquivada durante muchos años. Afortunadamente,

dos nuevos y asombrosos artículos, de dos equipos independientes de investigación, han arrojado luz sobre los genes relacionados con el desarrollo cerebral en el genoma, en relación con tales cambios evolutivos. Tales hallazgos se han publicado recientemente en *Cell*, que es una de las revistas científicas más prestigiosas (Fiddes et al, 2018; Suzuki et al, 2018). Describen que la familia de genes derivados de homólogos de muesca 2 (*NOTCH2*; del inglés, “Notch Homolog 2”), denominados genes similares a N terminal de homólogos de muesca 2 (*NOTCH2NL*; del inglés, “Notch Homolog 2 N-terminal-Like”), se generaron a partir de la duplicación parcial, reparación y conversión de *NOTCH2*. Dichos parálogos incluyen los genes *NOTCH2NLA*, *NOTCH2NLB* y *NOTCH2NLC*, que están implicados en el desarrollo cortical del cerebro humano, siendo una fuerza impulsora de su evolución desde los primeros homínidos hasta los humanos modernos. Los recientes desarrollos en biología molecular han permitido secuenciar, alinear y comparar genomas de denisovanos (Meyer et al, 2012) y neandertales (Pr fer et al, 2014, 2017), así como humanos arcaicos y modernos (Lazaridis et al, 2014). De esta forma, se ha generado un dendrograma o árbol filogenético de la familia de genes *NOTCH2* a *NOTCH2NL* (Fig. 1).

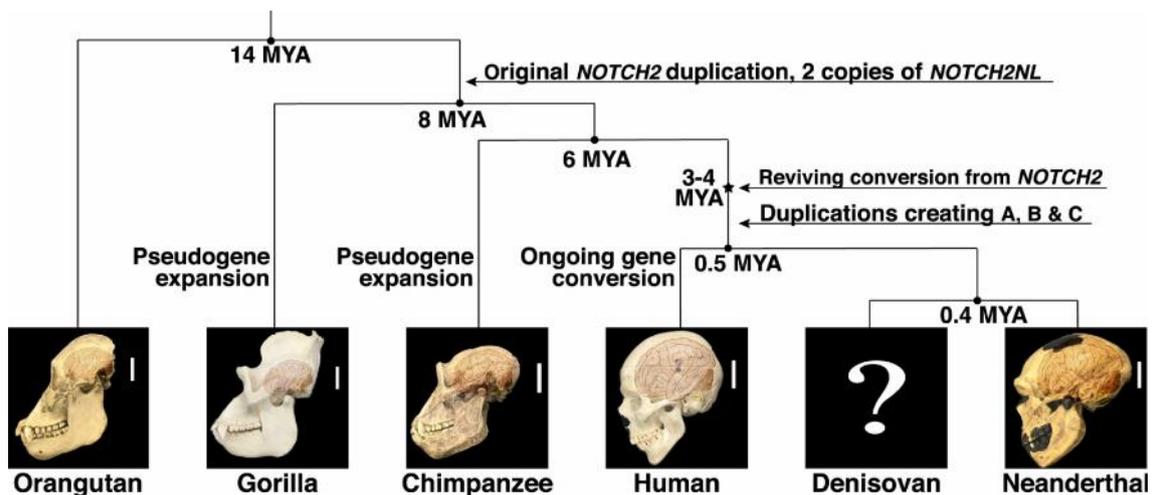


Figura 1. Dendrograma de grandes simios en relación con *NOTCH2NL*. El árbol filogenético incluye orangután, gorila, chimpancé, humano, denisovano y neandertal. © 2018 Elsevier (Fiddes et al, 2018).

Algunas personas (86%) también tienen el denominado gen relacionado con *NOTCH2NL* (*NOTCH2NLR*; del inglés, “*NOTCH2NL*-Related”), que por lo tanto está ausente en el 14% de la población sana, lo que sugiere que es un pseudogén no funcional (Mallick et al, 2016). *NOTCH2NLA*, *NOTCH2NLB* y *NOTCH2NLC* se encuentran en el locus 1q21.1, mientras que *NOTCH2NLR* está en el brazo p del cromosoma 1, cerca de *NOTCH2*. Los genes *NOTCH2NL* codifican las proteínas *NOTCH2NL*, que están relacionadas con varias funciones biológicas. Estas incluyen la unión de iones de calcio y proteínas. Curiosamente, contienen dominios similares al Factor de Crecimiento Epidérmico (FCE). Su participación en el desarrollo del cerebro proviene del hecho de que mejoran la diferenciación de las células madre corticales en neuronas. Eso aumenta la cantidad de neuronas generadas

durante el desarrollo del cerebro, expandiendo aún más ciertas áreas funcionales en la corteza cerebral. A su vez, eso aumenta el tamaño de la corteza y, por lo tanto, el tamaño general del cerebro. Así, los cerebros humanos son tres veces más grandes que los de otros homínidos, debido a la corteza cerebral más grande. Curiosamente, dichos genes funcionales son exclusivos de los humanos. De hecho, no están presentes en otros primates (como los macacos) o incluso en los grandes simios, como los orangutanes, estando truncados e inactivos en nuestros parientes más cercanos (gorilas y chimpancés). Sorprendentemente, parece que la duplicación génica, reparación, conversión y activación de la señalización de Muesca, a través de la sobreexpresión de estos genes, permitió la expansión de la corteza cerebral humana y, por lo tanto, la evolución de los primeros homínidos a los humanos modernos. En particular, *NOTCH2NLB* activa la señalización de Muesca y su sobreexpresión produce la expansión clonal de progenitores corticales y neuronas (Fig. 2).

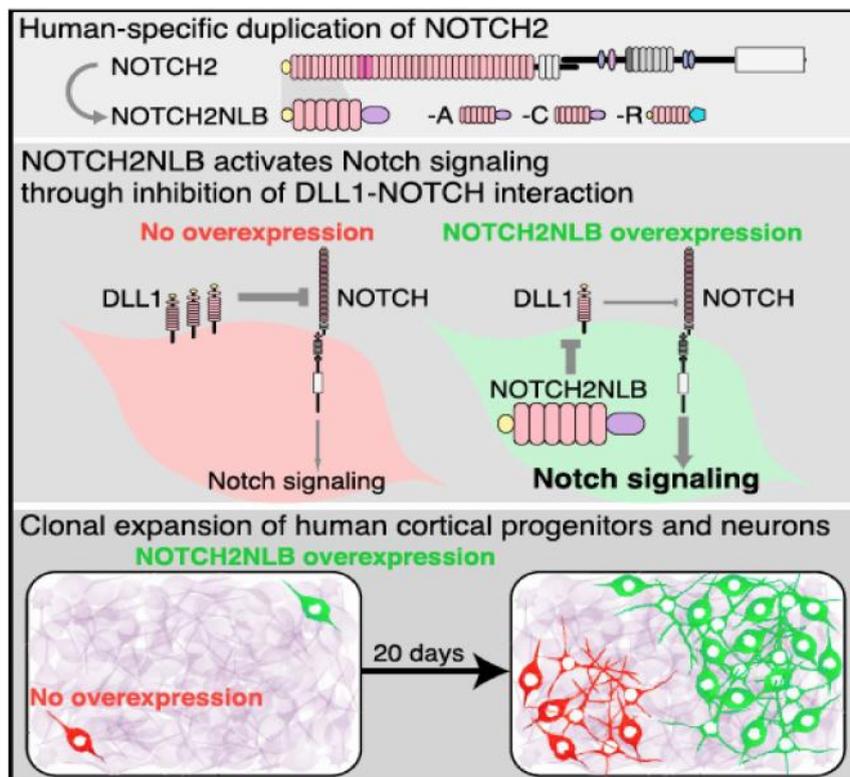


Figura 2. Contribución de *NOTCH2NL* a la expansión de la corteza cerebral humana. Arriba) duplicación de *NOTCH2*; Medio) activación de la ruta de señalización Muesca por *NOTCH2NLB*; y Bajo) expansión clonal de progenitores corticales y neuronas por sobreexpresión de *NOTCH2NLB*. © 2018 Elsevier (Suzuki et al, 2018).

Por otro lado, la sobreexpresión de *NOTCH2NL* retrasa la diferenciación neuronal, mientras que su eliminación lo acelera. Y, desafortunadamente, hay un inconveniente: curiosamente, los genes *NOTCH2NLA* y *NOTCH2NLB* se encuentran en regiones cromosómicas asociadas a trastornos del neurodesarrollo. Así, las duplicaciones, reparaciones y conversiones de uno o ambos genes *NOTCH2NLA* y *NOTCH2NLB* pueden estar relacionados con

macrocefalia, mientras que las deleciones de uno o ambos se han asociado a microcefalia (Fig. 3).

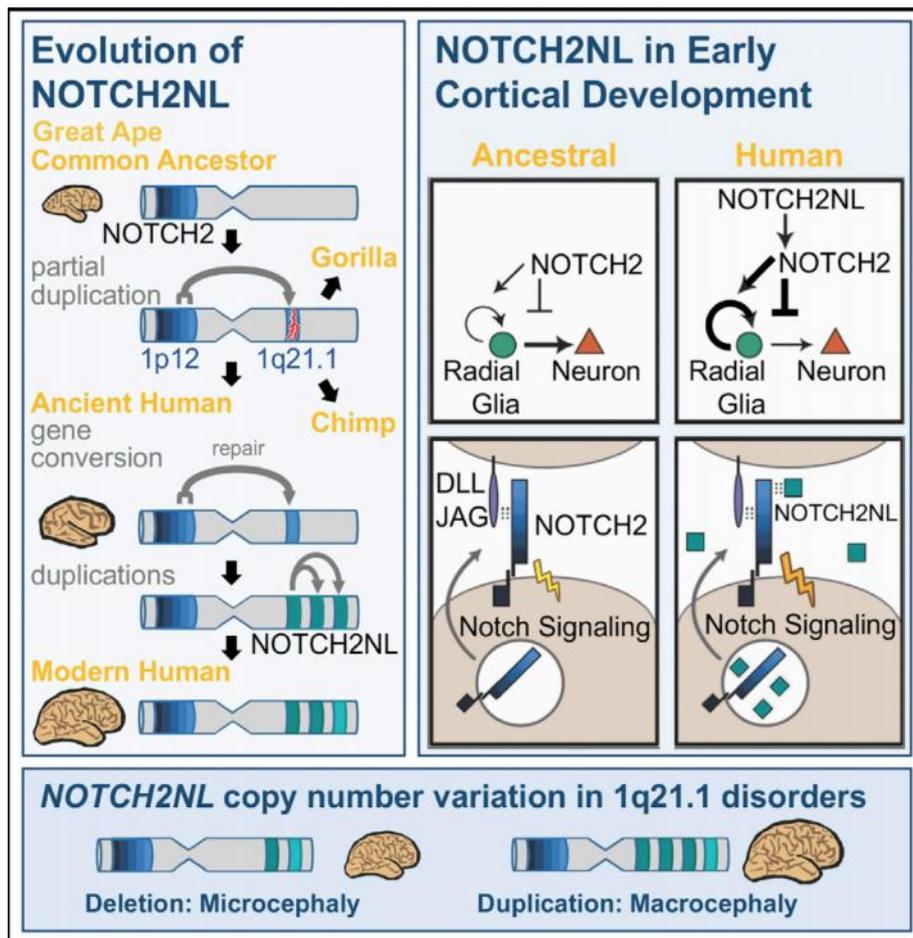


Figura 3. Evolución de NOTCH2NL. **Izquierda)** Del ancestro común de grandes simios al humano antiguo y moderno; **Derecha)** NOTCH2NL en el desarrollo cortical temprano, comparando ancestral con humano; y **Abajo)** las duplicaciones de NOTCH2NL pueden estar asociadas con macrocefalia y autismo, mientras que las deleciones pueden estar relacionadas con microcefalia y esquizofrenia. © 2018 Elsevier (Fiddes et al, 2018).

Observaciones finales y perspectivas de futuro

El potencial del descubrimiento de la participación de la familia de genes NOTCH2NL en el desarrollo cerebral y las enfermedades recurrentes del neurodesarrollo es impresionante. Por primera vez, la evolución de los primeros homínidos a los humanos modernos se ha explicado con una sólida base científica. Ello implica genes que desencadenan el desarrollo y crecimiento de la corteza cerebral. Además, se ha llevado a cabo una comparación de dicha familia de genes entre seres humanos extintos y modernos a nivel genómico. Esto destaca la relevancia y el potencial de la bioarqueología moderna para explicar la evolución biológica, en general, y la evolución humana, en particular. Pero las perspectivas futuras son aún más asombrosas. No solo para curar los desórdenes neurológicos a través de técnicas como repeticiones palindrómicas

cortas, agrupadas y regularmente interespaciadas (CRISPR; del inglés, “Clustered Regularly-Interspaced Short-Palindromic Repeats”), sino incluso para generar superhumanos y otros animales inteligentes. Obviamente, esto tiene implicaciones éticas críticamente importantes, que deben considerarse adecuadamente (Dorado et al, 2017). La biología, en general, y la bioarqueología, en particular, nunca han sido tan interesantes, gracias a la biología molecular.

Agradecimientos. Financiado por Ministerio de Economía y Competitividad (proyecto MINECO BIO2015-64737-R) e Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (MINECO e INIA RF2012-00002-C02-02); Consejería de Agricultura y Pesca (041/C/2007, 75/C/2009 y 56/C/2010), Consejería de Economía, Innovación y Ciencia (P11-AGR-7322 y P12-AGR-0482) y Grupo PAI (AGR-248) de Junta de Andalucía; y Universidad de Córdoba (Ayuda a Grupos), España.

Referencias bibliográficas

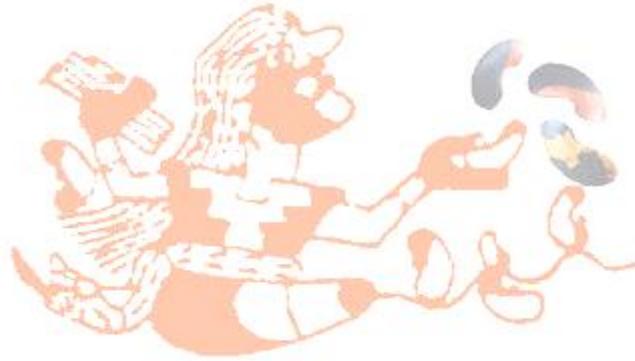
- Collard M, Tarle L, Sandgathe D, Allan A (2016): Faunal evidence for a difference in clothing use between Neanderthals and early modern humans in Europe. *Journal of Anthropological Archaeology* 44: 235-246.
- Darwin C (1859): “*On the Origin of Species by Means of Natural Selection, or the Preservation of Favoured Races in the Struggle for Life*”. John Murray (London).
- DerSarkissian C, Allentoft ME, Ávila-Arcos MC, Barnett R, Campos PF, Cappellini E, Ermini L, Fernández R, da Fonseca R, Ginolhac A, Hansen AJ, Jónsson H, Korneliussen T, Margaryan A, Martin MD, Moreno-Mayar JV, Raghavan M, Rasmussen M, Velasco MS, Schroeder H, Schubert M, Seguin-Orlando A, Wales N, Gilbert MT, Willerslev E, Orlando L (2015): Ancient genomics. *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci* 370: 20130387 (12 pp).
- Dietrich O, Heun M, Notroff J, Schmidt K, Zarnkow M (2012): The role of cult and feasting in the emergence of Neolithic communities. New evidence from Gobekli Tepe, south-eastern Turkey. *Antiquity* 86: 674-695.
- Dorado G, Jiménez I, Rey I, Sánchez-Cañete FJS, Luque F, Morales A, Gálvez M, Sáiz J, Sánchez A, Rosales TE, Vásquez VF, Hernández P (2013): Genomics and proteomics in bioarchaeology - Review. *Archaeobios* 7: 47-63.
- Dorado G, Luque F, Pascual P, Jiménez I, Sánchez-Cañete FJS, Pérez-Jiménez M, Raya P, Gálvez M, Sáiz J, Sánchez A, Rosales TE, Vásquez VF, Hernández P (2015): Second-generation nucleic-acid sequencing and bioarchaeology - Review. *Archaeobios* 9: 216-230.
- Dorado G, Luque F, Pascual P, Jiménez I, Sánchez-Cañete FJS, Pérez-Jiménez M, Raya P, Sáiz J, Sánchez A, Martín J, Rosales TE, Vásquez VF, Hernández P (2016): Sequencing ancient RNA in bioarchaeology - Review. *Archaeobios* 10: 103-111.
- Dorado G, Luque F, Pascual P, Jiménez I, Sánchez-Cañete FJS, Raya P, Sáiz J, Sánchez A, Rosales TE, Vásquez VF (2017): Clustered Regularly-Interspaced Short-Palindromic Repeats (CRISPR) in bioarchaeology - Review. *Archaeobios* 11: 179-188.
- Dorado G, Rey I, Rosales TE, Sánchez-Cañete FJS, Luque F, Jiménez I, Gálvez M, Sáiz J, Sánchez A, Vásquez VF (2009): Ancient DNA to decipher the domestication of dog - Review. *Archaeobios* 3: 127-132.

- Dorado G, Rey I, Rosales TE, Sánchez-Cañete FJS, Luque F, Jiménez I, Morales A, Gálvez M, Sáiz J, Sánchez A, Hernández P, Vásquez VF (2010): Biological mass extinctions on planet Earth – Review. *Archaeobios* 4: 53-64.
- Dorado G, Rosales TE, Luque F, Sánchez-Cañete FJS, Rey I, Jiménez I, Morales A, Gálvez M, Sáiz J, Sánchez A, Vásquez VF, Hernández P (2011): Ancient nucleic acids from maize - Review. *Archaeobios* 5: 21-28.
- Dorado G, Rosales TE, Luque F, Sánchez-Cañete FJS, Rey I, Jiménez I, Morales A, Gálvez M, Sáiz J, Sánchez A, Vásquez VF, Hernández P (2012): Isotopes in bioarchaeology - Review. *Archaeobios* 6: 79-91.
- Dorado G, Sánchez-Cañete FJS, Pascual P, Jiménez I, Luque F, Pérez-Jiménez M, Raya P, Gálvez M, Sáiz J, Sánchez A, Rosales TE, Vásquez VF, Hernández P (2014): Starch genomics and bioarchaeology - Review. *Archaeobios* 8: 41-50.
- Dorado G, Vásquez V, Rey I, Luque F, Jiménez I, Morales A, Gálvez M, Sáiz J, Sánchez A, Hernández P (2008): Sequencing ancient and modern genomes - Review. *Archaeobios* 2: 75-80.
- Dorado G, Vásquez V, Rey I, Vega JL (2007): Archaeology meets Molecular Biology - Review. *Archaeobios* 1: 1-2.
- Ermini L, DerSarkissian C, Willerslev E, Orlando L (2015): Major transitions in human evolution revisited: a tribute to ancient DNA. *J Hum Evol* 79: 4-20.
- Fiddes IT, Lodewijk GA, Mooring M, Bosworth CM, Ewing AD, Mantalas GL, Novak AM, VanDenBout A, Bishara A, Rosenkrantz JL, Lorig-Roach R, Field AR, Haeussler M, Russo L, Bhaduri A, Nowakowski TJ, Pollen AA, Dougherty ML, Nuttle X, Addor MC, Zwolinski S, Katzman S, Kriegstein A, Eichler EE, Salama SR, Jacobs FMJ, Haussler D (2018): Human-specific *NOTCH2NL* genes affect Notch signaling and cortical neurogenesis. *Cell* 173: 1356-1369.
- Hofreiter M, Paijmans JL, Goodchild H, Speller CF, Barlow A, Fortes GG, Thomas JA, Ludwig A, Collins MJ (2015): The future of ancient DNA: Technical advances and conceptual shifts. *Bioessays* 37: 284-293.
- Knapp M, Lalueza-Fox C, Hofreiter M (2015): Re-inventing ancient human DNA. *Investig Genet* 6: 4 (11 pp)
- Lazaridis I, Patterson N, Mittnik A, Renaud G, Mallick S, Kirsanow K, Sudmant PH, Schraiber JG, Castellano S, Lipson M, Berger B, Economou C, Bollongino R, Fu Q, Bos KI, Nordenfelt S, Li H, de Filippo C, Prifer K, Sawyer S, Posth C, Haak W, Hallgren F, Fornander E, Rohland N, Delsate D, Francken M, Guinet JM, Wahl J, Ayodo G, Babiker HA, Bailliet G, Balanovska E, Balanovsky O, Barrantes R, Bedoya G, Ben-Ami H, Bene J, Berrada F, Bravi CM, Brisighelli F, Busby GB, Cali F, Churnosov M, Cole DE, Corach D, Damba L, VanDriem G, Dryomov S, Dugoujon JM, Fedorova SA, Gallego Romero I, Gubina M, Hammer M, Henn BM, Hervig T, Hodoglugil U, Jha AR, Karachanak-Yankova S, Khusainova R, Khusnutdinova E, Kittles R, Kivisild T, Klitz W, Kucinskas V, Kushniarevich A, Laredj L, Litvinov S, Loukidis T, Mahley RW, Melegh B, Metspalu E, Molina J, Mountain J, Nakkalajarvi K, Nesheva D, Nyambo T, Osipova L, Parik J, Platonov F, Posukh O, Romano V, Rothhammer F, Rudan I, Ruizbakiev R, Sahakyan H, Sajantila A, Salas A, Starikovskaya EB, Tarekegn A, Toncheva D, Turdikulova S, Uktveryte I, Utevska O, Vasquez R, Villena M, Voevoda M, Winkler CA, Yepiskoposyan L, Zalloua P, Zemunik T, Cooper A, Capelli C, Thomas MG, Ruiz-Linares A, Tishkoff SA, Singh L, Thangaraj K, Vilems R, Comas D, Sukernik R, Metspalu M, Meyer M, Eichler EE, Burger J, Slatkin M, Pääbo S, Kelso J, Reich D, Krause J (2014): Ancient

- human genomes suggest three ancestral populations for present-day Europeans. *Nature* 513: 409-413.
- Lordkipanidze D, Ponce de León MS, Margvelashvili A, Rak Y, Rightmire GP, Vekua A, Zollikofer CP (2013): A complete skull from Dmanisi, Georgia, and the evolutionary biology of early Homo. *Science* 342: 326-331.
- Lozano M, Mosquera M, Bermúdez de Castro JM, Arsuaga JL, Carbonell E (2009): Right handedness of *Homo heidelbergensis* from Sima de los Huesos (Atapuerca, Spain) 500,000 years ago. *Evolution and Human Behavior* 30: 369-376.
- Mallick S, Li H, Lipson M, Mathieson I, Gymrek M, Racimo F, Zhao M, Chennagiri N, Nordenfelt S, Tandon A, Skoglund P, Lazaridis I, Sankararaman S, Fu Q, Rohland N, Renaud G, Erlich Y, Willems T, Gallo C, Spence JP, Song YS, Poletti G, Balloux F, VanDriem G, de Knijff P, Romero IG, Jha AR, Behar DM, Bravi CM, Capelli C, Hervig T, Moreno-Estrada A, Posukh OL, Balanovska E, Balanovsky O, Karachanak-Yankova S, Sahakyan H, Toncheva D, Yepiskoposyan L, Tyler-Smith C, Xue Y, Abdullah MS, Ruiz-Linares A, Beall CM, Di Rienzo A, Jeong C, Starikovskaya EB, Metspalu E, Parik J, Villems R, Henn BM, Hodoglugil U, Mahley R, Sajantila A, Stamatoyannopoulos G, Wee JT, Khusainova R, Khusnutdinova E, Litvinov S, Ayodo G, Comas D, Hammer MF, Kivisild T, Klitz W, Winkler CA, Labuda D, Bamshad M, Jorde LB, Tishkoff SA, Watkins WS, Metspalu M, Dryomov S, Sukernik R, Singh L, Thangaraj K, Pääbo S, Kelso J, Patterson N, Reich D (2016): The Simons Genome Diversity Project: 300 genomes from 142 diverse populations. *Nature* 538: 201-206.
- Malthus TR (1798): "An Essay on the Principle of Population, as it Affects the Future Improvement of Society. With Remarks on the Speculations of Mr. Godwin, M. Condorcet and Other Writers" (Johnson, London).
- Martínez I, Rosa M, Arsuaga JL, Jarabo P, Quam R, Lorenzo C, Gracia A, Carretero JM, Bermúdez de Castro JM, Carbonell E (2004): Auditory capacities in Middle Pleistocene humans from the Sierra de Atapuerca in Spain. *Proc Natl Acad Sci USA* 101: 9976-9981.
- McPherron SP, Alemseged Z, Marean CW, Wynn JG, Reed D, Geraads D, Bobe R, Bearat HA (2010): Evidence for stone-tool-assisted consumption of animal tissues before 3.39 million years ago at Dikika, Ethiopia. *Nature* 466: 857-860.
- Meyer M, Arsuaga JL, De Filippo C, Nagel S, Aximu-Petri A, Nickel B, Martínez I, Gracia A, Bermúdez de Castro JM, Carbonell E, Viola B, Kelso J, Prufer K, Pääbo S (2016): Nuclear DNA sequences from the Middle Pleistocene Sima de los Huesos hominins. *Nature* 531: 504-507.
- Meyer M, Fu Q, Aximu-Petri A, Glocke I, Nickel B, Arsuaga JL, Martínez I, Gracia A, De Castro JM, Carbonell E, Pääbo S (2014): A mitochondrial genome sequence of a hominin from Sima de los Huesos. *Nature* 505: 403-406.
- Meyer M, Kircher M, Gansauge MT, Li H, Racimo F, Mallick S, Schraiber JG, Jay F, Prufer K, de Filippo C, Sudmant PH, Alkan C, Fu Q, Do R, Rohland N, Tandon A, Siebauer M, Green RE, Bryc K, Briggs AW, Stenzel U, Dabney J, Shendure J, Kitman J, Hammer MF, Shunkov MV, Derevianko AP, Patterson N, Andrés AM, Eichler EE, Slatkin M, Reich D, Kelso J, Pääbo S (2012): A high-coverage genome sequence from an archaic Denisovan individual. *Science* 338: 222-226.

- Mithen M (2007): “*The Singing Neanderthals - The Origins of Music, Language, Mind, and Body*”. Harvard University Press (Cambridge, Massachusetts, USA).
- Noonan JP, Coop G, Kudaravalli S, Smith D, Krause J, Alessi J, Chen F, Platt D, Pääbo S, Pritchard JK, Rubin EM (2006): Sequencing and analysis of Neanderthal genomic DNA. *Science* 314: 1113-1118.
- Pääbo S (2015): The diverse origins of the human gene pool. *Nat Rev Genet* 16: 313-314.
- Perry GH, Orlando L (2015): Ancient DNA and human evolution. *J Hum Evol* 79: 1-3.
- Prüfer K, de Filippo C, Grote S, Mafessoni F, Korlevic P, Hajdinjak M, Vernot B, Skov L, Hsieh P, Peyregne S, Reher D, Hopfe C, Nagel S, Maricic T, Fu Q, Theunert C, Rogers R, Skoglund P, Chintalapati M, Dannemann M, Nelson BJ, Key FM, Rudan P, Kucan Ž, Gusic I, Golovanova LV, Doronichev VB, Patterson N, Reich D, Eichler EE, Slatkin M, Schierup MH, Andrés AM, Kelso J, Meyer M, Pääbo S (2017): A high-coverage Neandertal genome from Vindija Cave in Croatia. *Science* 358: 655-658.
- Prüfer K, Racimo F, Patterson N, Jay F, Sankararaman S, Sawyer S, Heinze A, Renaud G, Sudmant PH, de Filippo C, Li H, Mallick S, Dannemann M, Fu Q, Kircher M, Kuhlwilm M, Lachmann M, Meyer M, Ongyerth M, Siebauer M, Theunert C, Tandon A, Moorjani P, Pickrell J, Mullikin JC, Vohr SH, Green RE, Hellmann I, Johnson PL, Blanche H, Cann H, Kitzman JO, Shendure J, Eichler EE, Lein ES, Bakken TE, Golovanova LV, Doronichev VB, Shunkov MV, Derevianko AP, Viola B, Slatkin M, Reich D, Kelso J, Pääbo S (2014): The complete genome sequence of a Neanderthal from the Altai Mountains. *Nature* 505:43-49.
- Reich D (2018): “*Who We Are and How We Got Here - Ancient DNA and the New Science of the Human Past*”. Pantheon Books (New York, NY, USA).
- Roebroeks W, Sier MJ, Nielsen TK, De Loecker D, Parés JM, Arps CE, Mocher HJ (2012): Use of red ochre by early Neanderthals. *Proc Natl Acad Sci USA* 109: 1889-1894.
- Scerri EML, Thomas MG, Manica A, Gunz P, Stock JT, Stringer C, Grove M, Groucutt HS, Timmermann A, Rightmire GP, D’Errico F, Tryon CA, Drake NA, Brooks AS, Dennell RW, Durbin R, Henn BM, Lee-Thorp J, DeMenocal P, Petraglia MD, Thompson JC, Scally A, Chikhi L (2018): Did our species evolve in subdivided populations across Africa, and why does it matter? *Trends in Ecology & Evolution* 33: 582-594.
- Suzuki IK, Gacquer D, VanHeurck R, Kumar D, Wojno M, Bilheu A, Herpoel A, Lambert N, Cheron J, Polleux F, Detours V, Vanderhaeghen P (2018): Human-specific *NOTCH2NL* genes expand cortical neurogenesis through Delta/Notch Regulation. *Cell* 173: 1370-1384.
- Vernot B, Akey JM (2015): Complex history of admixture between modern humans and Neanderthals. *Am J Hum Genet* 96: 448-453.
- Wales N (2012): Modeling Neanderthal clothing using ethnographic analogues. *J Hum Evol* 63: 781-795.
- Warren M (2018): Mum’s a Neanderthal, dad’s a Denisovan: First discovery of an ancient-human hybrid. *Nature* 560: 417-418.
- Wilkins J, Schoville BJ, Brown KS, Chazan M (2012): Evidence for early hafted hunting technology. *Science* 338: 942-946.

Zhu Z, Dennell R, Huang W, Wu Y, Qiu S, Yang S, Rao Z, Hou Y, Xie J, Han J, Ouyang T (2018): Hominin occupation of the Chinese Loess Plateau since about 2.1 million years ago. *Nature* 559: 608-612.



FOTOGALERÍA DE BIOARQUEOLOGÍA

Anatomía vascular de la madera de *Ochroma lagopus* Sw. “palo de balsa” utilizada por los pescadores Chimú de la costa norte del Perú

Víctor F. Vásquez¹ y Teresa E. Rosales²

¹Biólogo, Centro de Investigaciones Arqueobiológicas y Paleoecológicas Andinas "ARQUEOBIOS", Apartado Postal 595, Trujillo-Perú, eMail: vivasa2401@yahoo.com;

²Arqueólogo, Centro de Investigaciones Arqueobiológicas y Paleoecológicas Andinas "ARQUEOBIOS", Apartado Postal 595, Trujillo-Perú, eMail: teresa1905@hotmail.com

Nota.- Las imágenes de este apartado no pueden ser utilizadas o reproducidas sin permiso de los autores y de ARQUEOBIOS, caso contrario se hará las denuncias de ley respectivas

Ochroma lagopus Sw, conocido comúnmente como “palo de balsa”, “cola de gato”, “corcho”, “jonote”, “jonote real”, “majagua”, “palo de corcho”, “pata de liebre”, “pochote”, “árbol de algodón”, “topa”, “shintipa”, “huambuna”, “huambo”, es un árbol de hasta 30 m de alto, con un tronco de 25 a 90 cm de diámetro, algunas veces 180 cm, esta distribuida en bosques primarios desde México hasta el Perú, en toda la Amazonia peruana, principalmente en la Ceja de Selva.

La madera de este árbol tiene una resistencia mecánica relativamente alta, la cual aumenta a medida que baja la temperatura. Por esta razón, es un buen material aislante y de empaque; fue utilizada como material aislante en naves espaciales que fabricó los Estados Unidos. Es moderadamente fácil de secar al aire libre con moderadas torceduras y rajaduras. En cámaras de secado, la madera tiende a rajarse y torcerse, o endurecerse superficialmente. Los usos de la madera indican fabricación de tableros, juguetes, artículos deportivos, modelos de aviones, embalaje, flotadores de redes, botes salvavidas, canoas y boyas indicadoras. Su fibra es muy larga y produce una pulpa muy valiosa, de alto rendimiento. La celulosa es fácil de blanquear, y las fibras lanosas y sedosas de la semilla se utilizan en sombreros y para relleno de colchones, finalmente la corteza se utiliza para hacer sogas.

Restos de su madera se han encontrado en Manchán, en forma de flotadores, de forma cuadrangular y perforaciones circulares en las esquinas de estos artefactos, seguramente para pasar las cuerdas y quedar suspendidos y listos para acoplarlos a las redes de pesca. Otras evidencias en sitios Chimú, han reportado de manera informal sus restos, sin identificaciones precisas de la madera, por ejemplo con histología de su madera, indicándose que se había utilizado para la fabricación de balsas de navegación marítima. Las balsas más grandes de troncos de madera de balsa (*Ochroma lagopus*) sirvieron principalmente para el transporte de mercancías y pasajeros, pero también se utilizaron para la pesca con líneas y redes en los tiempos prehispánicos, este escaso conocimiento se debe porque se han subestimado sus restos y solo se mencionan con su nombre común.

En este apartado, presentamos la anatomía vascular de su madera observada con microscopía electrónica de barrido, que por su resolución muestra las características diagnósticas de su anatomía interior y certifica su identidad.

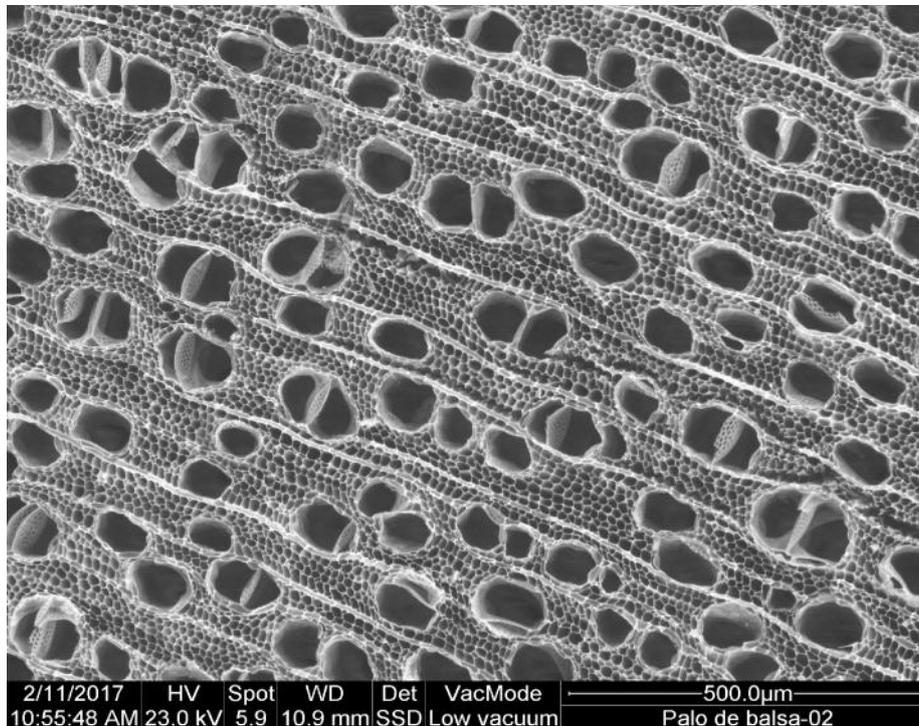


Figura 1. Sección transversal de una muestra de madera de *Ochroma lagopus* “palo de balsa” con parénquima axial difuso, captura con MEB a 100X

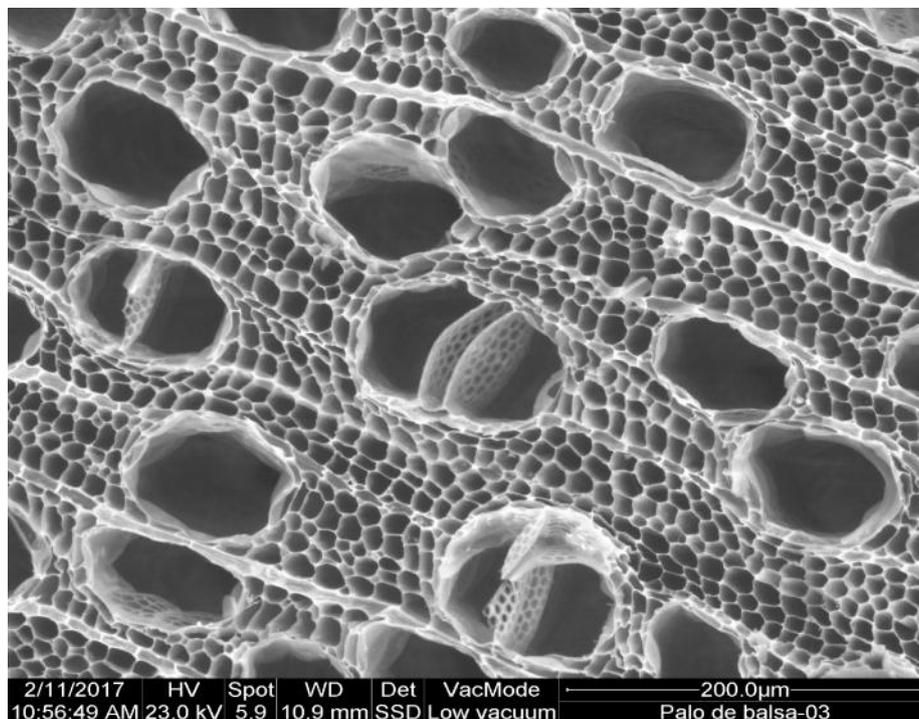
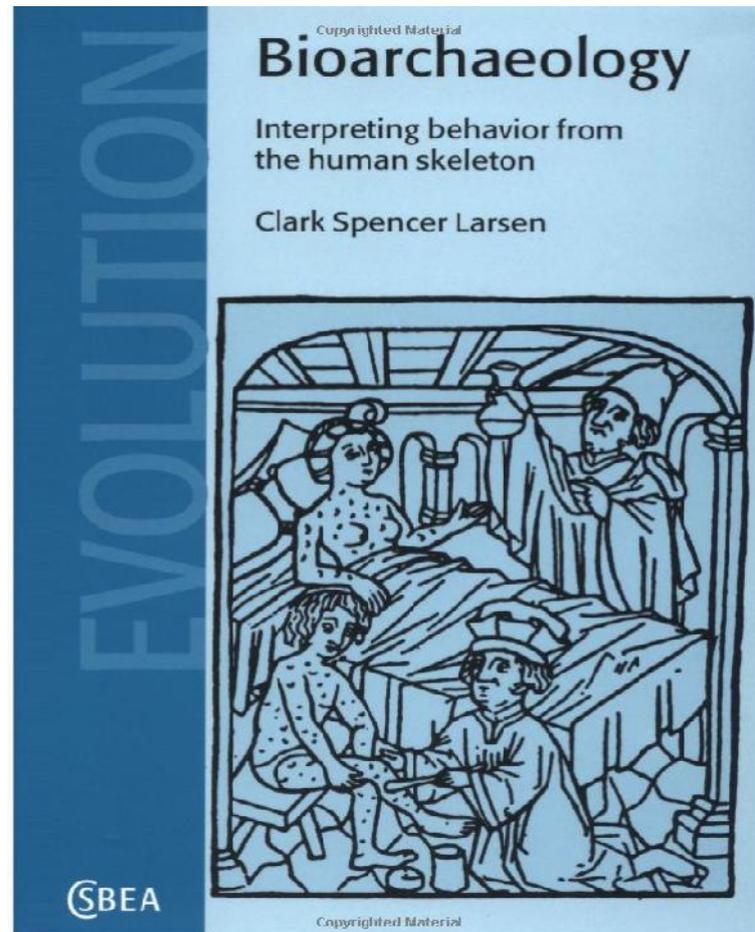


Figura 2. Captura con MEB de 150X, con vasos mostrando los característicos septos punteados dentro de los vasos.

LIBROS PUBLICADOS



Este libro es la primera síntesis completa del campo emergente de la bioarqueología y trata sobre el estudio de los restos humanos recuperados de los sitios arqueológicos y que pueden ayudarnos a interpretar eventos de toda la vida, como enfermedades, estrés fisiológico, lesiones, muerte violenta, actividad física, uso de los dientes, dieta y antecedentes demográficos de poblaciones que vivieron en el pasado. Un tema central del libro es la interacción entre la biología y el comportamiento, subrayando la naturaleza dinámica de los tejidos esqueléticos y dentales, y las influencias del medio ambiente y la cultura en la variación biológica humana. En este libro se enfatiza los resultados de la investigación y su interpretación, cubriendo la paleopatología, el estrés fisiológico, el crecimiento y la estructura esquelética y dental, y los procesos del envejecimiento y la biodistancia. Será un recurso único para estudiantes e investigadores interesados en antropología o arqueología biológica y física. El libro puede ser obtenido desde www.amazon.com

POLÍTICA EDITORIAL

La revista "ARCHAEOBIOS" tiene como meta realizar una publicación anual, en español e inglés y será un medio de difusión masivo donde especialistas nacionales y extranjeros puedan enviar manuscritos producto de sus investigaciones en Bioarqueología. La revista tendrá arbitraje, lo que implica que todos los artículos de investigación, artículos de revisión y notas técnicas remitidos al editor serán revisados por un equipo de expertos que conforman el comité editorial, los cuales después de una evaluación cuidadosa nos permitirá otorgar la aceptación para su publicación en la misma.

SECCIONES:

Los artículos de investigación, artículos de revisión y notas técnicas deben enviarse en soporte informático (CD) al responsable de la edición de la revista, por correo o por correo electrónico (<vivasa2401@yahoo.com>).

1.- Artículos de Investigación:

Los artículos deben ser redactados en español e inglés. No deben exceder de 25 páginas de 3000 caracteres cada una (incluyendo bibliografía, ilustraciones y notas). Los artículos deben estar acompañados del nombre, apellido, función, dirección de la institución y correo electrónico del o de los autores; del resumen del artículo en los dos idiomas, aproximadamente 700 caracteres cada uno; de un máximo de seis palabras claves (descriptores) en los dos idiomas; de la traducción del título a los dos idiomas, y de un contenido con: Introducción, Materiales y Métodos, Resultados, Discusión, Conclusiones y Referencias Bibliográficas".

2.- Artículos de Revisión:

Un artículo de revisión tiene como finalidad examinar la bibliografía publicada sobre un tema especializado y/o polémico, y situarla en una perspectiva adecuada para que su utilización en las interpretaciones bioarqueológicas sea adecuada. La revisión se puede reconocer como un estudio en sí mismo, en el cual el revisor tiene un interrogante, recoge datos, los analiza y extrae una conclusión.

Estos artículos deben ser redactados en español e inglés. No deben exceder de 25 páginas de 3000 caracteres cada una (incluyendo bibliografía, ilustraciones y notas). Los artículos deben estar acompañados del nombre, apellido, función, dirección de la institución y correo electrónico del o de los autores; del resumen del artículo en los dos idiomas, aproximadamente 700 caracteres cada uno; de un máximo de seis palabras claves (descriptores) en los dos idiomas; de la traducción del título a los dos idiomas, y el contenido del mismo es de formato libre.

3.- Notas Técnicas:

Las notas técnicas deben ser redactadas en español e inglés. No deben de exceder de 4 páginas a espacio simple con 3000 caracteres cada una (incluye la bibliografía e ilustraciones). Deben estar acompañados del nombre, apellido, función, dirección de la institución y correo electrónico del o de los autores. Las notas técnicas deben estar referidas a temas nuevos donde se resaltan

metodología y tecnologías que se aplican en las investigaciones bioarqueológicas, o comentarios técnicos sobre algún tema relevante en bioarqueología.

4.- Ilustraciones (mapas, figuras, cuadros, fotos, etc.):

Todas las ilustraciones, numeradas y señaladas en el texto, deben ser entregadas en su forma definitiva, en soporte informático y con la indicación del programa utilizado (mapas y figuras en formato vectorial).

Cada ilustración debe identificarse con un número y acompañarse por: el apellido de su autor, de un título; de las fuentes; de una leyenda explicativa de hasta 150 caracteres.

Las fotos en lo posible deben ser de formato digital, aunque pueden ser escaneadas en alta resolución o entregadas en papel de buena calidad (formato 15 cm x 10 cm). Los mapas, planos, esquemas vienen acompañados de una escala gráfica, de la orientación y de una leyenda.

4.- Referencias Bibliográficas:

La bibliografía debe incluir todas las referencias citadas en el texto y sólo éstas. Las referencias bibliográficas se presentan al final del artículo, en una lista ordenada alfabéticamente. Los títulos de las revistas y los nombres de los organismos se indicarán completos (no están permitidas las siglas). Las referencias se presentarán bajo el formato indicado a continuación:

Referencias para Libros:

Estenssoro JC (2003): Del paganismo a la santidad. La incorporación de los indios del Perú al catolicismo 1532-1750, 586 p.; Lima: Instituto Francés de Estudios Andinos (IFEA) - Pontificia Universidad Católica del Perú (PUCP) Fondo Editorial.

Referencias para Artículos en Libros:

Barton H, Fullagar R (2006): Microscopy. In: Ancient Starch Research Edited by Robin Torrence and Huw Barton, Chapter 3, Pp. 47-52.

Referencias para Artículos de Revistas:

Han XZ, Hamaker BR (2002): Location of Starch Granule-associated Proteins Revealed by Confocal Laser Scanning Microscopy. Journal of Cereal Science 35:109–116.

5.- Evaluación:

El manuscrito será evaluado por el comité editorial de la Revista ARCHAEOBIOS. Los informes cuyo responsable puede quedarse en el anonimato, serán enviados a los autores. Si las correcciones solicitadas son de importancia menor, el manuscrito será aceptado para su publicación sin ser enviado de nuevo al evaluador. Si las correcciones son mayores, el manuscrito será mandado nuevamente al evaluador. En caso de una segunda evaluación negativa, el artículo será definitivamente rechazado. Cualquier manuscrito que no respete estas instrucciones (extensión, ilustraciones no conformes a la calidad requerida por la Revista ARCHAEOBIOS) será devuelto a lo autores para su corrección sin ser evaluada.