

CAPÍTULO XIII

El origen y la evolución de la población chilena desde un enfoque bioantropológico

GERMÁN MANRÍQUEZ, THOMAS PÜSCHEL, SERGIO FLORES, TOMÁS GONZÁLEZ,
MAURICIO MORAGA Y FRANCISCO ROTHHAMMER

1. Introducción

El conocimiento del origen y evolución de las poblaciones humanas se obtiene con el aporte de distintas áreas disciplinarias mediante enfoques metodológicos que pueden llegar a ser muy variados. No obstante, la Arqueología y la Antropología Física o Bioantropología reúnen la mayor cantidad de especialistas y herramientas que en la actualidad se ocupan de este problema. Sin este tipo de evidencias la reconstrucción del pasado sería imposible. Ciertamente que el estudio del poblamiento de América en general y de Chile en particular no escapa a este hecho. Como bien señalaba hace años Berdichewsky¹: “En el continente americano el trabajo es muy amplio y la reconstrucción histórica del pasado más remoto americano se realiza, especialmente, considerando los datos concretos aportados por la ciencia arqueológica, apoyándose además en todas las posibles fuentes que puedan ser clarificadas también por otras ciencias y disciplinas”. El gran desarrollo que, desde que fueron escritas estas palabras, han tenido las teorías y modelos sobre el poblamiento de América ilustra su vigencia y justifica el carácter interdisciplinario que deben tener estas investigaciones. Como se muestra en la Tabla 1, las teorías y modelos a los que nos hemos referido se basan en el uso de datos arqueológicos, los cuales entregan importante información sobre la cultura, la industria y el modo de vida de los primeros habitantes, en datos genéticos, como las secuencias de ADN para distintos genes marcadores de ancestría, así como en el uso de registros bioantropológicos (restos humanos, generalmente cráneos, y esqueletos), geológicos y datación radiocarbónica. En el presente capítulo revisaremos, a partir de este tipo de evidencias, el estado actual del conocimiento sobre las primeras etapas del poblamiento de Chile, y la posterior evolución que han tenido las poblaciones que han habitado dicho territorio.

2. Poblamiento temprano

La mayor parte de las evidencias científicas disponibles hasta ahora muestra que la ruta más probable del poblamiento temprano de América ocurrió desde Asia a través del actual Estrecho de Bering, frente a las costas de Alaska. Si bien esta ruta general no se pone en duda, la mayor discusión se centra en la antigüedad de los primeros yacimientos y en la existencia de vías alternativas, como, por ejemplo, a través de la costa (Figura 1a, ruta 2). Así es como evidencias arqueológicas, antropológicas y genéticas han criticado el supuesto de una ocupación tardía de América representada por el sitio de Clovis, de hace 11.500 años antes del presente.

* Las edades señaladas en este capítulo no están calibradas.

¹ Berdichewsky, 1998[1972].

te, con una ruta de poblamiento que habría ocurrido solo por vía terrestre. Un hallazgo fundamental que abrió esta discusión fue el sitio Monte Verde en el sur de Chile, fechado en 12.500 años a.p.² (Figura 1b).

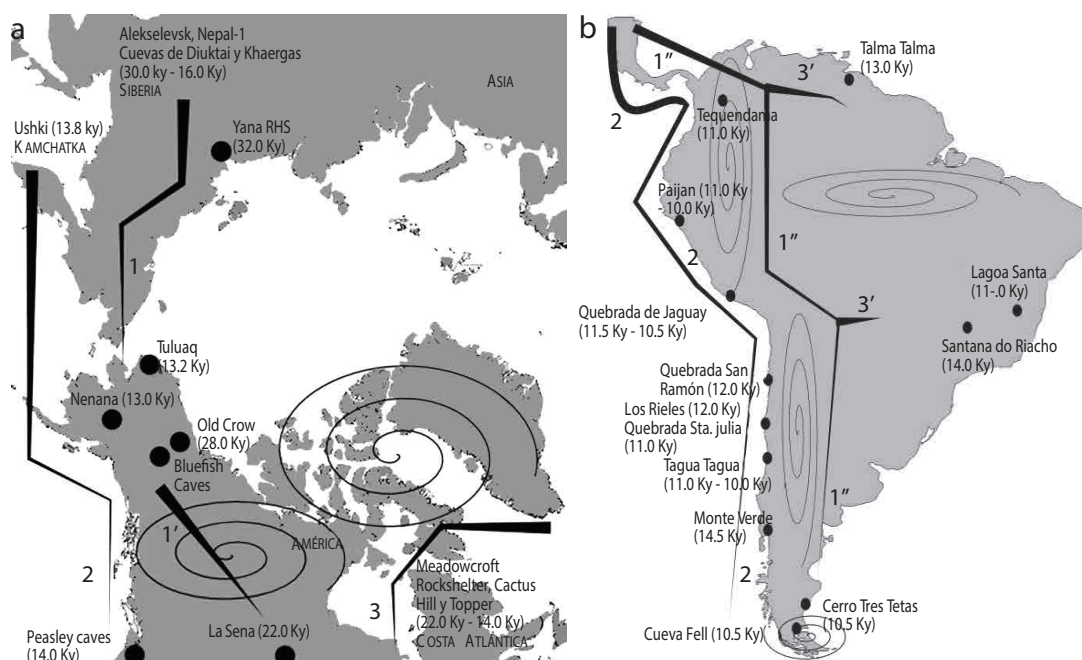


Figura 1. Modelos del poblamiento de Norteamérica (a) y Sudamérica (b) según la evidencia arqueológica y bioantropológica y/o genética disponible para los sitios señalados en el mapa. Se esquematizan con espiral las principales barreras naturales que enfrentaron las poblaciones prehistóricas migrantes (glaciares en (a) Andes, Amazonas y glaciares en (b) Descripción de los modelos en Tabla 1) (Esquemas modificados de Goebel et al. 2008; Rothhammer y Dillehay 2009) (sitios Peasley caves en Gilbert et al. 2008, Quebrada de San Ramón en Salazar et al. 2011, Quebrada Santa Julia y Los Rieles en Jackson et al. 2007, 2012).

En la actualidad el modelo de poblamiento americano más aceptado considera un origen único anterior a la datación de Clovis. Las dataciones de los sitios Quebrada San Ramón (ca 10.500 años a.p.)³, Los Rieles (ca 10.500 años a.p.) y Quebrada Santa Julia (ca 11.000 años a.p.)⁴, sugieren que la migración desde Asia en dirección al sur del continente podría haber ocurrido por la costa del Pacífico, no descartándose migraciones posteriores a las datadas como “pre-Clovis” (Tabla 1). Estos trabajos han confirmando, además, la importancia que tiene tomar en cuenta las barreras geológicas y geográficas para establecer las vías por las que los primeros pobladores habrían ocupado los nuevos territorios (espirales en Figuras 1a y 1b). Sobre la base de este modelo, a continuación se detallan las evidencias disponibles sobre el origen y evolución de las poblaciones que habitaron en tiempos tempranos el actual territorio de Chile.

² Dillehay 1989.

³ Salazar, Jackson, Guendon, Salinas, Morata, Figueroa, Manríquez y Castro 2011.

⁴ Jackson et al. 2007, 2012.

Tabla 1: Modelos de poblamiento de América en relación con la cronología del yacimiento de Clovis, rutas propuestas en cada modelo, tipo de evidencia y autores (detalles de las rutas en Figura 1).

MODELO DE POBLAMIENTO	CRONOLOGÍA	ruta	TIPO DE EVIDENCIA	AUTORES
Origen único	Clovis (11.000- 13.000 años a.p.)	Noreste de Asia, ruta terrestre por Beringia y corredor interglacial (1 y 1')	Arqueológica, zooarqueológica	Hardlika 1937; Haynes 2002.
	Pre Clovis (> 13.000 años a.p.)	Asia, ruta marina por costa de Alaska y California o terrestre, costa del Pacífico sur hasta Tierra del Fuego (2), segunda ruta terrestre por macizo andino hasta Patagonia (1"), y eventual tercera ruta hacia costa atlántica y cuenca del Amazonas (3')	Arqueológica, zooarqueológica, genética, geológica, bioantropológica.	Dillehay 1989, 1997, Dillehay et al. 2008; Gilbert et al. 2008; Goebel et al. 2008; Jackson et al. 1997; Rothhammer y Dillehay 2009.
Migración dual	Pre Clovis (ca 15.000 años a.p.), Post Clovis (4.000 años a.p.)	Sureste de Asia por vía terrestre (Paleoindios) y luego nueva oleada migratoria por ruta similar (Amerindios) (1)	Bioantropológica	Neves y Hubbe 2005; Neves y Puciacelli 1990.
Migración tripartita	Pre Clovis (> 13.000 años a.p.), Clovis (13.000 años a.p.), Post Clovis (< 13.000 años a.p.)	Noreste y sureste de Asia por vía terrestre (1), costas de Alaska, California y del Pacífico sur (2), Ártico y costa atlántica (3)	Lingüística, genética, bioantropológica	Greenberg et al. 1986; Turner 1987.

2.1. Evidencia lingüística

Un conjunto de información importante para el análisis de vías humanas de migración prehistórica se encuentra en las diferencias y similitudes lingüísticas, las cuales reflejan posibles relaciones culturales y genéticas que nos permiten enriquecer nuestros análisis. Varios especialistas han realizado esfuerzos para agrupar las lenguas de los pueblos originarios de América en familias y subfamilias ⁵. Por ejemplo, Greenberg ⁶ clasifica al quechua y al aymara dentro de la subfamilia andina de la familia andina-ecuatorial al igual que mapuche, puelche, tehuelche, alacalufe, ona y yagán. Mason ⁷ agrupa al aymara y quechua en un grupo que denomina kechumaran. Loukotka y Ruhlen ⁸ incluyen también mapuche, aymara y quechua en un grupo de lenguas andinas. Resulta evidente que los diferentes expertos comparten la opinión que mapuche junto con quechua y aymara comparten una subfamilia lingüística andina. Pero si estamos interesados en indagar respecto a las relaciones existentes entre los pueblos andinos debemos recurrir a clasificaciones más específicas, como, por ejemplo, la que propone el lingüista peruano Alfredo Torero ⁹. A partir de los porcentajes de comunidad tipológica, Torero establece que el mapuche se encuentra más cercano al huarpe (68,42% de comunidad tipológica), hablado en Argentina en la vertiente oriental de los Andes entre las regiones de San Juan y Mendoza. A su vez el huarpe se relaciona con el kunza hablado por los antiguos atacameños, el kunza y el uruquilla con aymara y quechua y, finalmente, con el puquina. Sorprende la cercanía toponímica del mapuche con el cholon, lengua clasificada también por Greenberg en la subfamilia andina, originaria del Ama-

⁵ Greenberg 1959, 1987; Loukotka 1968; Mason 1963; Ruhlen 1991.

⁶ Greenberg 1959, 1987.

⁷ Mason 1963.

⁸ Loukotka 1968; Ruhlen 1991.

⁹ Torero 2002.

zonas peruano. De acuerdo con Torero, la relación no es directa sino más bien indicaría un pasado amazónico común más bien remoto. Cabe destacar que la evidencia lingüística entrega información válida solo cuando los periodos involucrados son cercanos a los 8.000 años¹⁰ y siempre y cuando estos estudios estén asociados a análisis genéticos; tal como lo muestra el reciente trabajo de Ramallo ¹¹, en población actual Tupi-Guaraní de Paraguay y Bolivia, donde la evolución en el tiempo de la lengua ancestral sirve de marcador de las rutas de dispersión de estas poblaciones durante los últimos 5.000 años a partir de un centro único de origen en la selva amazónica de Brasil.

2.2. Evidencia craneométrica

El estudio de restos esqueléticos es clave para entender el origen y la evolución de las poblaciones humanas. Ellos constituyen evidencia directa no solo de la ocupación de una determinada región geográfica, sino que al relacionarlos con información paleoclimática y ecológica permiten muchas veces reconstruir el modo de vida y las estrategias de adaptación al medio. Adicionalmente, cuando se tiene la oportunidad de analizar el genoma de esos restos es posible conocer si los primeros pobladores poseen un origen común o provienen de poblaciones de distintos orígenes. A partir de este enfoque, el análisis morfológico y genético de restos esqueléticos de 9.000-4.000 años a.p., excavados de sitios arqueológicos del norte, centro y sur de Chile ¹² muestra que el material craneano arcaico del suroeste de América no se distingue desde el punto de vista genético, exhibiendo a la vez un amplio rango de variación de la forma de la bóveda, la cual es independiente de la cronología de los cráneos. Al comparar el material óseo con cráneos arcaicos de Brasil, estos tampoco muestran diferencias significativas, apoyando el modelo de poblamiento de origen único. Pero la información craneométrica de sitios arcaicos tempranos es escasa. Por este motivo, los bioantropólogos complementan esta información con la que se puede obtener de periodos más recientes, utilizando para ello modernas técnicas de análisis, como es el caso de la morfometría geométrica¹³ y el uso de datos virtuales en tres dimensiones¹⁴. El manejo de este tipo de datos ha generado un nuevo campo de estudio en bioantropología, el que se conoce bajo el nombre de Antropología Virtual. Debido al carácter multidimensional de sus datos primarios, el enfoque de la Antropología Virtual y las técnicas de morfometría geométrica permiten particionar y estudiar por separado los componentes morfológicos del objeto de estudio como la forma y el tamaño de un cráneo. Esta propiedad ayuda a comprender de manera más objetiva las relaciones de afinidad morfológica sin la influencia de factores distintos a la forma ¹⁵. La aplicación de este enfoque a cráneos representativos de poblaciones originarias del norte, centro y sur de Chile, ha permitido obtener un "árbol" o dendrograma de las distancias morfométricas entre las poblaciones originarias de Chile (Figura 2), que muestra dos grandes grupos: uno que reúne a las poblaciones del norte y centro de Chile y el segundo que agrupa a individuos de Tierra del Fuego y la Patagonia argentina (tehuelches). A su vez el primer grupo reúne a las po-

¹⁰ Goebel et al. 2008; Hill 2004.

¹¹ Ramallo et al. 2013.

¹² Manríquez et al. 2011.

¹³ Manríquez y Llop 2004.

¹⁴ Slice 2007; Weber y Bookstein 2011.

¹⁵ Manríquez et al. 2006, 2011; Toro et al. 2010.

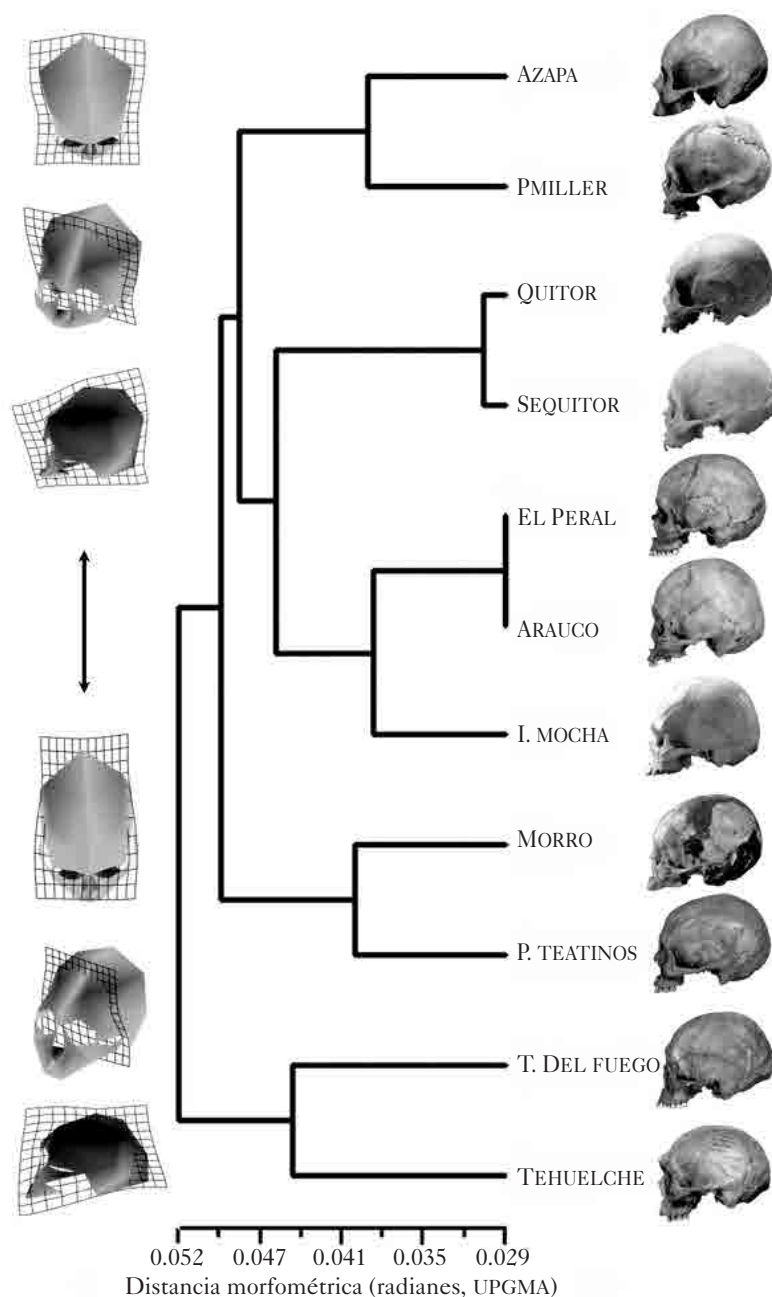


Figura 2. Distancias morfométricas entre muestras de poblaciones prehistóricas de Chile, obtenidas de datos de hitos discretos en 3D (*Microscribe*, 51 hitos, $N = 178$ cráneos) mediante algoritmo estándar de morfometría geométrica (Manríquez et al. 2006; Toro et al. 2010) (derecha) y patrón de variación de la forma del cráneo en los extremos del primer componente de la forma (PCA I=) (izquierda) (programa *Morphologika*; O'Higgins y Jones 1998). N Azapa= 14 (Az3, Az8, Llu13, Cam9), N Playa Miller= 5 (Plm3, Plm4, Plm7), N Morro= 16 (Morro-1), N Quito= 12 (Quitor 5), N Sequitor= 13, N Punta de Teatinos= 48, N El Peral= 10 (El Peral, Pangué, Horcón), N Arauco= 23 (Mapuche), N Isla Mocha= 7 (Huilliche), N Tierra del Fuego= 30 (Ona, Kaweskar, Yamana), N Tehuelche= 10 (Fuente: Proyecto PIA CONICYT Anillo ACT-96).

blaciones más tempranas del norte y centro de Chile (Morro de Arica y Punta de Teatinos) quedando separadas de las más tardías: Arica (valles interiores y costa), desierto de Atacama (oasis de Quitor y Sequitor), Chile Central (El Peral) y Región de la Araucanía (Isla Mocha y Arauco). Resulta interesante constatar que en el segundo grupo las poblaciones de Tierra del Fuego (onas, kaweskar y yámanas) conglomeran con poblaciones tehuelches y a su vez ona y kaweskar con yámana, sugiriendo que los grupos que ocuparon la Patagonia argentina y chilena podrían haber tenido contacto prolongado. En su conjunto, los resultados de este trabajo muestran que si bien en escalas geográficas pequeñas hay diferencias en la frecuencia relativa con que están representadas las distintas variantes morfológicas, a gran escala las poblaciones humanas que habitaron América durante la época arcaica no constituyen grupos morfológicos significativamente distintos (dolicocefalos vs. braquicefalos, por ejemplo) y son consistentes con los análisis de secuencias completas de ADN mt, como se verá más adelante.

Aunque no se trata de datos craneométricos directos, una reciente investigación en restos esqueléticos (poscráneo) del Holoceno Temprano en Norteamérica (sitios Spirit Cave y Kennewick)¹⁶, muestra un patrón de variación morfológica que se ha mantenido en las poblaciones de origen amerindio durante cerca de 9.000 años. Este patrón se caracteriza por constituciones corporales más anchas que lo observado en poblaciones no amerindias, reflejando muy probablemente el efecto de la adaptación a las alturas y al frío. Debe tenerse en cuenta, sin embargo, que estos patrones generales de evolución morfológica presentan variaciones que dependen del modo de vida de los individuos. Pej., al comparar la forma del cráneo de poblaciones fueguinas y mapuches se observan diferencias en los huesos de la cara y de las inserciones en la musculatura de la masticación que podrían haberse generado por factores climáticos y, eventualmente, por el tipo de dieta (Figura 3).

2.3. Evidencia genética

Resulta interesante constatar que las relaciones establecidas a partir de datos craneométricos son, en general, corroboradas a través de estudios de marcadores proteicos clásicos. En este contexto, es significativo el trabajo realizado en poblaciones de la costa chilena utilizando marcadores proteicos (sistema AB0, Rh, Duffy, proteínas séricas, enzimas eritrocitarias y sistema mayor de histocompatibilidad HLA)¹⁷. Al estudiar muestras de descendientes de chango, chono, cunco y yámana, se observa que comparten las características genéticas de sus ancestros. Quizás el hallazgo más importante de este estudio es que los yámanas de la localidad de Ukika están relacionados genéticamente de norte a sur con los changos, huilliches, cuncos y chonos, dando apoyo a la hipótesis de que la costa del Pacífico se pobló progresivamente en esa dirección.

Por otra parte, análisis que utilizan ADN mitocondrial como marcador de afinidad entre poblaciones humanas¹⁸ muestran la presencia en Chile de una gradiente de frecuencias de los cuatro haplogrupos fundadores desde los 9.000 años a.p. (A, B, C y D) en un gradiente de norte a sur. En el norte es más frecuente el haplogrupo A y sobre todo el B, y estos disminuyen en frecuencia hacia el sur para desaparecer y dejar solamente C y D al sur de la Isla de Chiloé hasta el Canal de Beagle.

¹⁶ Auerbach 2012.

¹⁷ Llop et al. 2002.

¹⁸ Moraga et al. 2000, 2004; García et al. 2006.

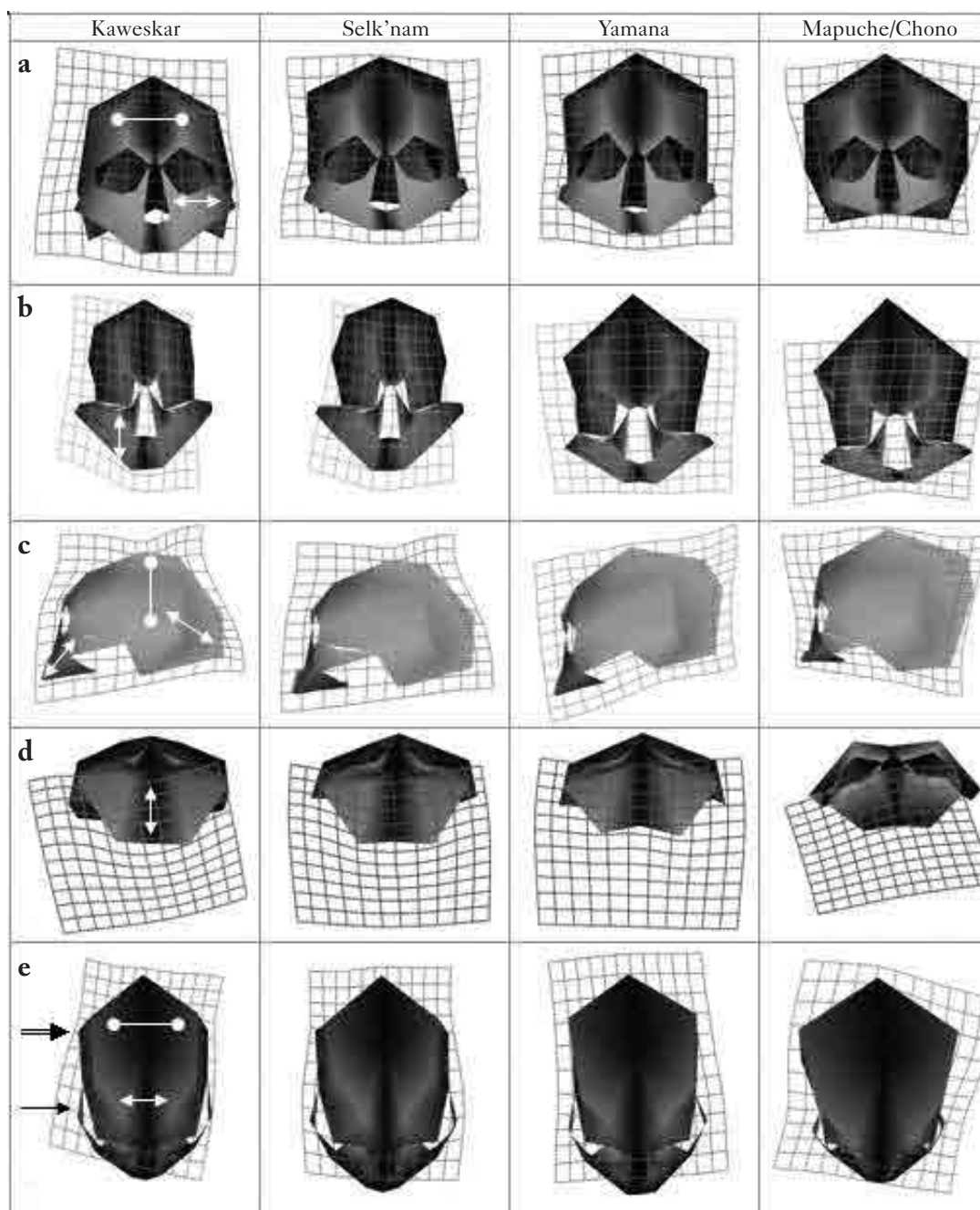


Figura 3. Cambios en el patrón de variación de la forma del cráneo en muestras de poblaciones del extremo sur y sur de Chile: a-b) En vistas frontal; c) Lateral; d) Basal; e) Superior. Se observa que los mayores cambios están asociados a zonas de inserción de los músculos de la masticación. Las comparaciones entre cada población fueguina y el grupo mapuche-chonos se hicieron por separado. Estos últimos se compararon con el total de la muestra de fueguinos (\leftrightarrow = expansión, $\circ\cdots\circ$ = contracción, \rightarrow = zona de inserción de los músculos masetero y temporal en el cráneo, \Rightarrow = línea temporal inferior) (Fuente: Proyecto FONDECYT 1050279, GM).

Esta gradiente coincide, a grandes rasgos, con la información obtenida del análisis de cráneos arqueológicos. Es importante el hecho de que las poblaciones argentinas presentan en forma paralela las mismas tendencias, sugiriendo una intensa mezcla poblacional a través de los pasos cordilleranos (paso Pehuenche, paso Puyehue, etc). Los llamados mapuches argentinos son genéticamente semejantes a los chilenos y, de acuerdo con información etnohistórica¹⁹, serían descendientes de estos. Los dos grupos son muy parecidos a los huilliches y estos a su vez a los grupos chilotes, chonos y yaganes.

Recientemente Reich y colaboradores²⁰ efectuaron el mapeo genómico de un conjunto cercano a 80 poblaciones aborígenes americanas con cerca de 350.000 marcadores para polimorfismo de nucleótidos únicos (single nucleotide polymorphism), distribuidos a lo largo de la totalidad de los cromosomas. Estos marcadores permiten reconocer diferencias imposibles de encontrar cuando se utilizan frecuencias de haplogrupos de ADNmt. Gracias a su aplicación, Reich y colaboradores²¹ encuentran una mayor proximidad genética de las poblaciones andinas y argentinas de la vertiente oriental de los Andes (aymara, quechua, diaguita) con el grupo representado por los huilliches y sus vecinos chonos, chilotes y yaganes, formando un subgrupo que se distingue claramente de otros grupos de poblaciones amerindias del Noroeste Argentino y del sur y norte de Brasil. Así, cuando se utilizan marcadores genéticos de mayor especificidad que el ADNmt, como es el caso de los microsatélites, se observan dos grandes grupos originarios en América: un grupo único proveniente desde el norte que habría ocupado Sudamérica por la vertiente pacífica diferenciándose de otro grupo que habría ocupado la vertiente atlántica del subcontinente. Esta información ya había sido parcialmente confirmada a través de trabajos previos²².

3. Origen de la población chilena actual

Tomando en cuenta los antecedentes disponibles sobre el origen de los grupos humanos que poblaron el actual territorio de Chile, tiene sentido preguntarse: ¿Existe una sola población chilena? ¿Qué poblaciones humanas están representadas en la actual población chilena? Estas preguntas tienen una relación directa con el origen y evolución de la población mestiza en nuestro país, historia que depende de factores sociales, culturales y biológicos. En Antropología este problema se ha estudiado principalmente desde los enfoques de la biología evolutiva y de la genética de poblaciones.

Cuando los individuos de una población presentan una probabilidad más o menos similar de dejar descendencia con cualquier otro individuo, la genética define a dichas poblaciones como unidades panmícticas. Esto significa que la probabilidad de dejar descendencia debería disminuir drásticamente al considerar individuos de diferentes poblaciones, las cuales formalmente son consideradas "no panmícticas". Así, las poblaciones pueden configurar "redes", entre las que existirán relaciones reproductivas de menor o mayor intensidad, es decir, con mayores o menores niveles de panmixia. A esta red la genética de poblaciones le llama "metapoblación".

Sobre la base de este conocimiento la pregunta sobre el origen de la población chilena se puede replantear como ¿somos los chilenos parte de una "metapoblación"? Para responder a

¹⁹ Porcel 2007.

²⁰ Reich et al. 2012.

²¹ Reich et al. 2012.

²² Rothhammer y Dillehay 2009; Wang et al. 2007; Yang et al. 2010.

esta pregunta se debe partir del supuesto de que hay panmixia, es decir, las relaciones reproductivas son igualmente probables entre todos los individuos de la población. La situación alternativa es que existan relaciones reproductivas que se dan con mayor frecuencia entre solo algunos de los miembros de la población. En este caso se habla de una población genéticamente estructurada, donde las relaciones reproductivas no son igualmente probables entre todos sus individuos. Además, en el caso de poblaciones humanas, la estructura genética depende en mayor o menor medida de factores culturales.

3.1. Modelos de cruzamiento y carácter híbrido de la población chilena actual

Existe consenso en que el proceso de mestizaje en Chile se inicia con cruzamientos asimétricos, donde la mujer es amerindia y el hombre europeo. Este modelo de reproducción no habría sido único en nuestro territorio, sino que reflejaría un patrón generalizado en Latinoamérica. Junto a este patrón de relaciones reproductivas entre hombres y mujeres, que habría caracterizado el proceso de mestizaje, hay que agregar un segundo componente: la estructuración de la población mestiza debido a factores sociales y culturales.

Desde la década de los años 1970 se han llevado a cabo en nuestro país estudios de marcadores genéticos en distintos segmentos y poblaciones, siendo el grupo sanguíneo ABO el marcador probablemente más estudiado. De acuerdo con estos estudios, la población chilena se caracteriza por distintos niveles de hibridación o “mezcla” de los genomas ancestrales de origen amerindio y español. Es importante hacer notar que las poblaciones originarias presentaban solamente el alelo 0 (100%), mientras los conquistadores europeos presentaban frecuencias para este alelo cercanas al 60%, siendo los demás de grupos A, B o AB. De acuerdo con Pinto-Cisternas y colaboradores²³ en la población urbana de Valparaíso se encuentran frecuencias del alelo 0 que van desde 71,4% a 81,1% estando asociadas con el estrato socioeconómico. Por su parte Valenzuela y colaboradores²⁴ encuentran en la población de Santiago valores entre 62,7% a 78% del mismo alelo, también dependiendo del estrato socioeconómico. Con el aporte de otras investigaciones se observa un patrón en varias ciudades de Chile, en donde los estratos socioeconómicos más altos presentan frecuencias del alelo 0 entre 60% y 72%, es decir, más cercanos a los españoles; y los más bajos entre 76% y 81% dependiendo de la ciudad, es decir, más cercanos a los indígenas²⁵. De acuerdo con la hipótesis planteada por Valenzuela²⁶, la segregación racial y socioeconómica habría configurado un alto nivel de estructuración en la población mestiza de Santiago, observándose un correlato entre grupos socioeconómicos y grupos genéticamente diferenciados (Figura 4).

3.2. Evidencias de ADN mitocondrial y del cromosoma Y

La constitución de la población mixta chilena, principalmente durante los siglos XVI y XVII, fue un proceso asociado directamente a la conquista y la consolidación del poder del conquistador europeo en América. Por lo mismo, los hombres nativos fueron sistemáticamente marginados de este proceso, y tal como lo dijimos la gran mayoría de las uniones fueron entre hombres europeos y mujeres indígenas. Contribuyó, además, el hecho que durante más de

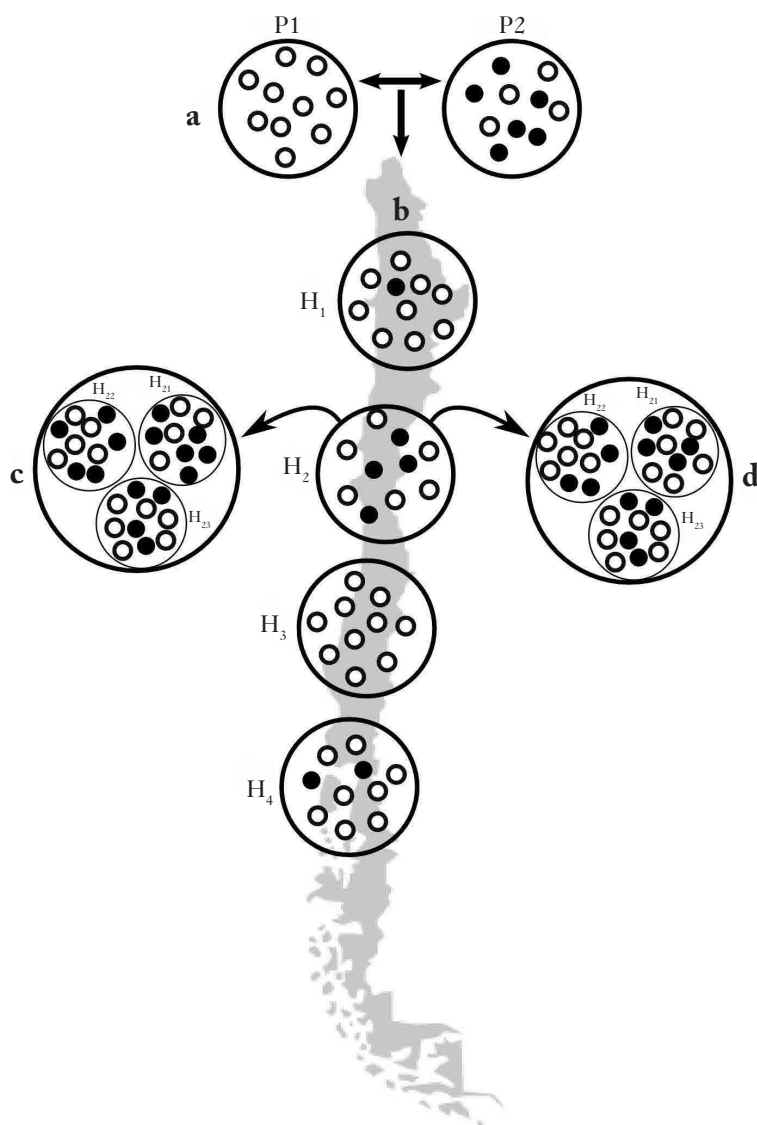
²³ Pinto-Cisternas et al. 1971.

²⁴ Valenzuela et al. 1987.

²⁵ Cohn 1983; Pinto et al. 1980; Pinto-Cisternas et al. 1971; Valenzuela et al. 1987; Valenzuela y Harb 1977.

²⁶ Valenzuela 2011.

medio siglo casi no llegaron mujeres españolas al territorio del actual Chile. De ser correcto lo antes planteado, el aporte paterno de nuestra población mixta es principalmente europeo (hasta el siglo XIX, básicamente español) y el aporte materno es fundamentalmente indígena (amerindio).



*Figura 4. Cambio de las frecuencias del alelo AB0*0 en el proceso de miscegenación que da origen a la población chilena actual. Círculos Blancos: alelos 0; Círculos Negros: alelos A y B. a) Frecuencias génicas de las poblaciones parentales P1 y P2, en este caso, amerindios (1.00) y europeos (0.65) respectivamente (Valenzuela et al. 1987); b) Frecuencias génicas en cuatro poblaciones chilenas actuales: H₁ Atacameño (0.98), H₂ Santiago (0.74), H₃ Mapuche (0.94) y H₄ Huilliche (0.9) (Harb 2004 y Valenzuela et al. 1987); c) Frecuencias fenotípicas de la variante AB0*0 dentro de Santiago agrupados por estrato socioeconómico alto (H₂₁, 0.39), medio (H₂₂, 0.51) y bajo (H₂₃, 0.62); d) Distribución de alelos esperadas bajo el supuesto de panmixia (población genéticamente no estructurada debido a que se espera una misma probabilidad de apareamiento para todos los individuos).*

Para analizar esta asimetría respecto del modo de formación de pareja resulta muy adecuado utilizar marcadores genéticos que presenten herencia uniparental ya sea paterna o materna. Es decir, que se hereden solamente de uno de los padres, siendo los más utilizados el ADN mitocondrial (presente en las mitocondrias y transmitido de madres a hijos e hijas, pero no de los padres a sus hijos); y el cromosoma Y que, como sabemos, solo lo portan los varones y, por lo tanto, es transmitido de padres a hijos varones solamente. Tanto para ADN mt como para cromosoma Y se han identificado múltiples variantes (haplogrupos) que se asocian a determinadas poblaciones a nivel mundial y continental. Por ejemplo en el caso de Sudamérica indígena se distinguen más de 12 haplogrupos de ADN mt derivados todos de los macrohaplogrupos A, B, C y D.

El análisis de las variantes de ADN mt y haplogrupos del cromosoma Y confirman el patrón de apareamiento asimétrico y evidencian lo intenso del proceso de exclusión de los varones indígenas en la formación de la población mixta²⁷. Esta asimetría es tan intensa en el primer siglo luego de la conquista, que en casi todos los niveles de la sociedad el porcentaje de linajes maternos indígenas (haplogrupos mitocondriales amerindios) supera el 80%. Respecto de las frecuencias de los principales haplogrupos mitocondriales amerindios (A2, B2, C1b, C1c, C1d, C4c, D1, D2A, D3 y D4h3a), en las poblaciones urbanas y rurales su distribución es consistente con el gradiente latitudinal descrito para las poblaciones originarias. Por ejemplo, la frecuencia del haplogrupo B2 es 47,5% en caleta Paposo en el norte de Chile, lo que es cercano a los valores descritos para poblaciones originarias de similar latitud (en torno al 60%); mientras que en localidades rurales de la Isla de Chiloé este haplogrupo no supera el 30%, siendo mayoritario el haplogrupo C1 con frecuencias cercanas al 40%, muy similar a lo observado en huilliche, mapuche y pehuenche.

Una asimetría cuantitativamente similar pero inversa a la mostrada por el ADN mt es la encontrada en estudios recientes del cromosoma Y en población de la comuna de Concepción. En ellos se observa que en un 84% los haplogrupos del cromosoma Y no son de origen amerindio, destacando la frecuencia del haplogrupo R (muy frecuente en España) igual a un 36%, mientras que el haplogrupo amerindio mayoritario (Q1a3a1) alcanza solo al 16%²⁸. Respecto del ADN mt para esta misma población el 89% de haplogrupos resultó ser amerindio, complementando los resultados obtenidos al utilizar como marcador el cromosoma Y. Por otra parte, resultados preliminares para las ciudades de San Felipe y Los Andes muestran para cromosoma Y frecuencias del haplogrupo amerindio Q1a3a1 de apenas un 4%, mientras que el haplogrupo R representa un 52% del total. Los datos de censos poblacionales por otra parte muestran que estas poblaciones han mantenido tamaños relativamente constantes durante al menos los últimos 100 años y su tasa de inmigración ha sido baja y en general con localidades vecinas. Por este motivo tales poblaciones estarían representando al Chile Central de la época colonial, sugiriendo la exclusión casi total de los hombres indígenas en el establecimiento de la población mestiza en la zona central. Por último, en comunidades rurales de la Isla de Chiloé la frecuencia de Q1a3a1 es en promedio algo superior al 38%, mientras que el haplogrupo R alcanza un 25%, es decir, desde el punto de vista paterno hay casi

²⁷ Roco et al. 2002. Además, el estudio de nuevas variantes de ADN mt realizado por Saint-Pierre et al. (2012a, 2012b), sugiere una historia microevolutiva propia de las poblaciones mapuches que ocupaban el centro de Chile al momento de la conquista, caracterizada por ser más reciente que la de las poblaciones amerindias del Centro-Sur Andino y coincidente con las poblaciones tehuelches de Argentina.

²⁸ Pezo P., comunicación personal.

un 40% de aporte indígena. Vale la pena hacer notar que para marcadores maternos son casi 100% indígenas.

Respecto del componente de origen africano presente en esta metapoblación, los estudios de ADN mt como los del cromosoma Y sugieren su presencia en la población chilena. Para el caso del ADN mt se ha encontrado individuos pertenecientes al macro haplogrupo L (L0, L1, L2 y L3) (africano) en la localidad de Paposo (un individuo) y en población general de Santiago (unos pocos individuos). Pero estos datos deben ser tomados con precaución, porque es difícil determinar si se trata de genomas mitocondriales llegados a Chile como parte del ingreso de esclavos africanos en los siglos XVI y XVII, o aportados por los propios colonizadores españoles debido al persistente flujo génico desde el norte de África a España previo al siglo XV. Para el cromosoma Y el haplotipo E (YAP) propio de poblaciones africanas no supera el 3% y al igual que para mitocondrial podría provenir de los esclavos o de los propios españoles.

Aun cuando no se discute la existencia de algunas comunidades de afrodescendientes en el norte de Chile, pareciera ser que el impacto de la presencia de individuos de origen africano en la composición genética de las poblaciones urbanas de Chile Centro-Sur no supera el 2 a 3%, al menos cuando se lo estudia desde el punto de vista de marcadores de herencia uniparental, sugiriendo que un modelo dihíbrido amerindio español podría ser aplicado a nuestra población mestiza. Los estudios de cementerios coloniales con uso de marcadores genéticos deberían ayudar a resolver este problema en el futuro.

3.3. Interacción entre genes y cultura: el caso de la intolerancia a la lactosa

Hemos visto cómo los marcadores genéticos permiten inferir procesos migratorios y de mestizaje experimentados por poblaciones en el pasado, los cuales van a tener a su vez un efecto sobre las poblaciones del presente. La intolerancia a la lactosa, por ejemplo, ofrece un excelente modelo para comprender cómo la ancestría u origen puede imponer diversas restricciones evolutivas (constraints) que las poblaciones humanas muchas veces superan por medio de prácticas culturales.

Mientras la mayor parte de la población de origen asiático en estado adulto ha perdido la capacidad de digerir el azúcar de la leche (lactosa), en población europea existe una frecuencia relativamente elevada de individuos que son capaces de realizar esta digestión durante la vida adulta. A estas condiciones se les suele conocer, respectivamente, como no-persistencia y persistencia de lactasa circulante. Generalmente los individuos no-persistentes son intolerantes a la lactosa, mientras que los persistentes son tolerantes a este disacárido.

Puesto que el gen que determina la producción de lactasa se encuentra en un cromosoma no sexual (autosoma), las frecuencias de individuos tolerantes e intolerantes en la población mestiza dependerán del aporte relativo de las poblaciones fundadoras, con independencia del sexo. Si consideramos que la frecuencia de intolerantes en América precolombina fue de 100% (debido a su origen asiático) y que la frecuencia de intolerantes europeos es de alrededor de 40% (datos actuales) el supuesto de panmixia arroja una frecuencia estimada de 60% de intolerantes para la población mestiza actual en Chile²⁹, que es la frecuencia observada en población general de Santiago de Chile. Asimismo, estudios preliminares realizados en población mapuche arrojan una estimación de 90% de intolerancia a la lactosa, resultado que se

²⁹ Hevia 2010; Lacassie et al. 1978

ajusta bastante bien a lo esperado según los datos disponibles sobre el origen de la población chilena. Un resultado similar es posible de predecir para poblaciones amerindias del extremo norte de Chile, o en general para cualquier grupo humano para el que se cuente con antecedentes de un componente de ancestría biológica amerindia relativamente alto.

El caso de la intolerancia a la lactosa muestra cómo las poblaciones ancestrales, los procesos de mestizaje y la subdivisión de la población a través de variables socioculturales pueden incidir en la salud de las poblaciones mestizas. Otras tolerancias e intolerancias alimentarias, predisposiciones, resistencias a toxinas y cualquier otra característica hereditaria polimórfica o de alta variabilidad que presente diferencias entre poblaciones ancestrales europea y asiática, pueden originar un patrón estructurado de variación fenotípica, cuyas características podrían ser relevantes para la salud de la población. Así, el estudio de la intolerancia a la lactosa nos ayuda a conocer el origen y la evolución de los procesos de mestizaje experimentados por la población chilena, donde los factores biológicos y culturales se entrecruzan y sobrepone en el tiempo.

4. Palabras finales

El estudio del origen y la evolución de la población chilena se ha abordado con ayuda de muy distintos enfoques disciplinarios que confluyen en dos grandes áreas del conocimiento: la Arqueología y la Antropología Física. Estas ciencias han contribuido a discutir y revisar los modelos clásicos de poblamiento (ver Tabla 1), así como proponer, sobre la base de nuevas evidencias, modelos e hipótesis. Los datos para entender cómo ocurrió el poblamiento temprano del territorio chileno se han obtenido principalmente con ayuda de herramientas de análisis genético (ADN de población actual y extinta) y morfológico (morfometría tradicional y geométrica en cráneos y otros restos esqueléticos). Así se ha logrado establecer como un hecho altamente probable que la ocupación del actual territorio de Chile habría ocurrido de norte a sur por vía costera, sin desmedro de la ocurrencia de otras rutas, como por ejemplo desde la Patagonia argentina hacia el sur de Chile. En lo que se refiere a la composición de la población chilena actual, las evidencias etnohistóricas, bioantropológicas y de la genética de poblaciones sugieren que los chilenos seríamos una metapoblación formada a partir de relaciones reproductivas asimétricas que ocurrieron entre un componente femenino amerindio y un componente masculino caucasoide, el cual se ve reflejado, en distintas proporciones y con distinto grado de intensidad, en las poblaciones que forman parte de la actual metapoblación chilena. Respecto del componente negroide o de origen africano, si bien no se discute la existencia de algunas comunidades de afrodescendientes en el norte de Chile, pareciera ser que el impacto de la presencia de esclavos de origen africano en la composición genética de las poblaciones urbanas de Chile Centro-Sur no supera el 2 a 3%. Incluso, tomando en cuenta esta cifra como cierta, es difícil determinar si se trata de genomas llegados a Chile como parte del ingreso de esclavos africanos en los siglos XVI y XVII, o fueron aportados por los propios colonizadores españoles debido al persistente flujo génico desde el norte de África a España desde la época del imperio romano en adelante. Por último, el caso de la intolerancia a la lactosa nos permite relacionar el conocimiento sobre el origen y la evolución de nuestra metapoblación con problemas cotidianos como el de la salud de las personas. En este caso particular, hemos visto que la ancestría u origen puede determinar la prevalencia de una enfermedad en particular.

Son tareas pendientes para las nuevas generaciones de investigadores continuar el desarrollo de las líneas de investigación mencionadas en este capítulo, y plantear otras nuevas. Las herramientas basadas en el uso de información virtual asociada a análisis numérico y las nuevas técnicas de análisis genómico, sin duda permitirán a los jóvenes arqueólogos y bioantropólogos llevar a cabo estas tareas para avanzar en el conocimiento sobre el origen y la evolución de las poblaciones chilenas.