



Bulletin de l'Institut français d'études andines

ISSN: 0303-7495

secretariat@ifea.org.pe

Institut Français d'Études Andines

Organismo Internacional

Sáenz Ruales, Nancy

Origen y dinámica del poblamiento autóctono del Ecuador: diversidad genética de poblaciones de los Andes y de la Amazonía

Bulletin de l'Institut français d'études andines, vol. 39, núm. 1, 2010, pp. 189-194

Institut Français d'Études Andines

Lima, Organismo Internacional

Disponible en: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=12616995010>

- Cómo citar el artículo
- Número completo
- Más información del artículo
- Página de la revista en redalyc.org

redalyc.org

Sistema de Información Científica

Red de Revistas Científicas de América Latina, el Caribe, España y Portugal

Proyecto académico sin fines de lucro, desarrollado bajo la iniciativa de acceso abierto

Origen y dinámica del poblamiento autóctono del Ecuador: diversidad genética de poblaciones de los Andes y de la Amazonía

Nancy Sáenz Ruales*

En los últimos 15 años, la genética ha sido una de las disciplinas determinantes en la investigación arqueológica y antropológica. Sus alcances y aportes han permitido abrir nuevas discusiones sobre el asentamiento del Hombre moderno en los distintos continentes.

La genética de poblaciones humanas está ligada a varias disciplinas científicas. Ella se apoya en datos y técnicas de análisis de la biología molecular y de la bioquímica, así como también en datos históricos para comprender el rol de la dinámica demográfica de una población al nivel de la evolución de frecuencias genéticas.

Gran parte de los estudios genéticos poblacionales se basan en la molécula de ADN. El polimorfismo del ADN permite caracterizar finamente a cada uno de los seres humanos, y a su vez encontrar las diferencias y/o similitudes que puedan existir entre poblaciones y así, trazar la historia genética de las poblaciones humanas.

Las hipótesis según las cuales América se pobló desde el continente asiático, a través del estrecho de Bering durante la última fase glacial, la cual bajó el nivel de los océanos y dejó esta zona libre de hielo (20 000 a 12 000 años), han sido ampliamente estudiadas y aceptadas por la comunidad científica (Bailliet *et al.*, 1994: 27-33; Ballinger *et al.*, 1991: 139-152; Bandelt *et al.*, 2003: 512-524; Horai *et al.*, 1993: 23-47; Kivisild *et al.*, 2002: 1737-1751; Schurr & Sherry, 2004: 420-439; Ward *et al.*, 1993: 10663-10667). Para ese entonces, América del Norte estaba ocupada por glaciares, por lo tanto se postulan dos hipótesis de vías de migración: la una,

* Antropobiologista, investigadora independiente asociada al Equipo de Investigación del Departamento de Desarrollo Comunitario Integral (DCI), Colegio de Ciencias de la Salud, Universidad San Francisco de Quito, Campus Cumbayá, Diego de Robles y Vía Interoceánica, P.O.BOX 17-1200-841, Quito-Ecuador. Becaria del IFEA, UMIFRE 17-CNRS en 2009. E-mail: nancysaenzr@gmail.com

entre los glaciares (hacia el interior del continente), y la otra, litoral, por zonas que se encuentran actualmente sumergidas (lo que explicaría la presencia de sitios más antiguos en América del Sur). El norte de Asia parece ser un verdadero cruce de vías migratorias hacia América. Esta región pudo haber acogido a los migrantes venidos del oeste, así como también del sur.

Si el número y las fechas de olas migratorias recientes, que dieron lugar a las poblaciones Inuitas y NaDenes son generalmente aceptados (Torroni *et al.*, 1992: 153-162) las migraciones más antiguas son todavía muy debatidas.

Entre los años 1950 y 1980, los datos biológicos recolectados en poblaciones amerindias confirman un origen asiático: **Sistema HLA** (*Human Leucocytes Antigens*) demuestra que las poblaciones amerindias más cercanas genéticamente a las poblaciones asiáticas son los esquimales; Grupo **Diego** se encuentra solo en América del Sur y en Asia; **Sistema Gm** presenta un gradiente desde el norte de América hacia el sur. El **Sistema ABO** es característico, ya que el tipo B, casi ausente en estas poblaciones, a excepción de los esquimales, es muy frecuente en Asia; la mayoría de poblaciones amerindias son de tipo O; el tipo A está presente en América del Norte (sobre todo al oeste); se ha evocado un proceso de selección para explicar la ausencia de tipo B en América.

Hoy en día los estudios sobre los **NRY del cromosoma Y** y el **ADN mitocondrial** permiten conocer las poblaciones asiáticas más cercanas a las poblaciones amerindias. Estas son, por el cromosoma Y, aquellas originarias del valle de Yenisei y del Altai; por el ADN mitocondrial las del Altai y la región peri-Baikal. Un microsatélite, DYS19 asociado al polimorfismo del centrómero del cromosoma Y, define el haplotipo IIA presente en el 90 % de poblaciones amerindias de la América del Sur. Esto indica que existe una homogeneidad en estas poblaciones. En América, el polimorfismo de la región hipervariable del ADN mitocondrial define 4 haplogrupos mayores A, B, C, D y un quinto, X, menos común, representado en poblaciones de la América del Norte y en poblaciones que habrían existido antiguamente en el Brasil. Cabe remarcar que el haplotipo C se encuentra también en poblaciones de Mongolia y el haplogrupo D en el Japón, Corea y en el grupo étnico de los ainus. La escasa variabilidad de estos dos marcadores sugiere un número limitado de fundadores tanto maternos como paternos. Estos datos coincidirían con los datos arqueológicos de la cultura Clovis (13 500 a. C., en América del Norte). A partir de estos datos ciertos investigadores proponen la hipótesis de una sola ola de migración poblacional limitada que habría entrado en el continente americano entre 21 000 a. C. y 12 000 a. C.

Sin embargo, los datos lingüísticos (al menos 3 grandes familias lingüísticas) y morfológicos (variabilidad importante de restos óseos) tienden a favorecer la hipótesis de que existieron varias olas migratorias. Pudiendo algunas de ellas no haber dejado o haber dejado muy pocas evidencias genéticas en las poblaciones contemporáneas, lo que explicaría las controversias actuales.

En el caso de la Andes septentrionales, los datos arqueológicos muestran una presencia del hombre hace unos 13 000 ó 14 000 años. Con el retiro del hielo al inicio del Holoceno (10 000 a 13 000 a. C.), se abrieron mejores rutas de comunicación hacia los Andes ecuatoriales. En la región amazónica, las evidencias arqueológicas son mal conservadas, ya que la selva no es propicia (suelos ácidos, derrumbes de tierra frecuentes, tapiz vegetal denso, relieve accidentado, etc.) para conservar y detectar las huellas de ocupación humana temprana.

Las poblaciones de la América del Sur han sido estudiadas con los diferentes marcadores genéticos, sobre todo el ADNmt (ADN mitocondrial), cromosoma Y, STR (*Short Tandem Repeat*), sistema HLA (*Human Leucocytes Antigens*). Se observa una diferencia importante entre las frecuencias de los alelos (HLA, grupos sanguíneos) o de los haplogrupos o linajes (ADN mitocondrial, Cromosoma Y), que sería atribuida al efecto fundador o a la deriva genética, lo que explicaría la difusión y conservación de polimorfismos «privados» por ciertos marcadores genéticos (HLA, ADN mitocondrial), en ciertas poblaciones amerindias.

Las regiones andinas y amazónicas representan no solo un medio ambiente excepcional al cual nuestros ancestros tuvieron que adaptarse, sino también, una barrera geográfica y sobre todo cultural entre poblaciones.

En el caso de las poblaciones autóctonas ecuatorianas de los Andes y de la Amazonía, se observa un mosaico de lenguas y culturas diferentes a pesar de su situación geográfica cercana. El Ecuador y todos los países que comparten la cordillera de los Andes y la región amazónica, a lo largo de su historia, han sido ocupados por pueblos que tuvieron que afrontar diferentes factores (climáticos y geográficos) que modelaron su modo de vida.

El estudio arqueológico en el sur oriente ecuatoriano ha sido tradicionalmente considerado como una actividad marginal en el quehacer investigativo de nuestra primera historia. La provincia de Zamora Chinchipe ha quedado en el olvido por diversas razones: conflicto armado con el Perú, falta de vías de comunicación y sobretudo el desinterés general de las autoridades competentes.

Un equipo de investigadores del *Institut de Recherche pour le Développement* (Instituto de Investigación Científica para el Desarrollo, organismo gubernamental francés, cuyas siglas son I.R.D.), propuso un proyecto de reconocimiento arqueológico general de esta provincia al Instituto Nacional de Patrimonio Cultural del Ecuador. Se firmó un convenio de cooperación científica y asistencia técnica entre ambas instituciones. Desde septiembre de 2001 hasta el año 2009, se desarrolló un proyecto de investigación arqueológica en dicha provincia. El objetivo general del Proyecto Zamora Chinchipe, en el Ecuador, era comprender el proceso de adaptación humana al medio ambiente tropical a través del estudio del registro arqueológico que se encuentra a lo largo y ancho del territorio de la provincia. El informe final de este estudio realizado por el Dr. Francisco Valdez, presentado al Ministerio de Cultura del Ecuador, se encuentra en la web (<http://www.arqueo-ecuatoriana.ec/es/informes-arqueologicos>).

En el marco de esta investigación se han descubierto más de 300 sitios arqueológicos precolombinos de distintas épocas. La cerámica detectada tiene por lo menos tres tipos bien diferenciados desde el punto de vista tecnológico y estilístico, que corresponden a grupos o a ocupaciones cronológicas distintas. Entre todas, la más generalizada es la que cae dentro de la tradición de la cerámica Corrugada, que por las fechas obtenidas podría bien corresponder a los grupos que los cronistas denominaron los yaguarsongos (para la región de la cuenca del Zamora) y los bracamoros (para la cuenca del Chinchipe en la zona sur de la provincia). La uniformidad de estos materiales hace suponer que los fabricantes de estos artefactos compartían un mismo universo cultural. La etnohistoriadora A. C. Taylor ha calificado a estos pueblos como pertenecientes a grupos de la familia lingüística Jíbaro y de hecho se los puede calificar como a los antecesores cronológicos del grupo Shuar (Valdez, 2009).

Entre todos los sitios registrados, sobresale un yacimiento denominado Santa Ana-La Florida (situado a 1 000 msnm, en la ceja de montaña de los Andes orientales, en la confluencia de los ríos Valladolid y Palanda), ubicado en la cuenca del Chinchipe, a 4,5 km de la cabecera cantonal Palanda. La importancia cultural del sitio radica, ante todo, en su antigüedad considerable, que atestigua la presencia de una sociedad compleja (importante conjunto arquitectónico de carácter ceremonial y funerario) en la ceja de montaña amazónica desde hace más de 4 500 años.

Este hecho nos permite ver que las sociedades agrícolas que se desarrollaron en las estribaciones orientales de los Andes, en un medio tropical húmedo, son más antiguas de lo que se pensaba hasta hoy, y nos hace pensar en una nueva historia del desarrollo cultural en esta zona y cuestiona las modalidades de surgimiento de las primeras grandes civilizaciones andinas.

Ciertos restos óseos encontrados en la zona de Santa Ana-La Florida fueron analizados y utilizados para la extracción de ADN antiguo. Los dientes de un cráneo fueron retirados, procurando no dañar las raíces (zona en la cual el ADN antiguo está mejor conservado) y evitando la contaminación de las muestras con ADN contemporáneo (fig. 1). Las muestras fueron enviadas en enero de 2009 al laboratorio de medicina legal en Estrasburgo, Francia. Este laboratorio está especializado en el análisis de ADN antiguo. Las primeras muestras fueron analizadas y se obtuvieron resultados negativos ya que no se pudo extraer ADN antiguo de dichas muestras. Sin embargo, se espera un segundo análisis sobre el resto de muestras enviadas.

Los antecedentes anteriormente citados nos muestran dos subconjuntos genéticos diferentes, el uno andino y el otro amazónico, que describen posiblemente dos historias evolutivas diferentes.



Figura 1 – G. Juillard. Extracción de dientes de un cráneo antiguo encontrado en la zona de Santa Ana-La Florida.

Durante esta extracción se tomó precauciones para evitar la contaminación de las muestras con ADN exógeno (campana de flujo laminar, guantes, máscaras, delantal de laboratorio, material esterilizado, etc.)

Cabe remarcar que ciertas poblaciones autóctonas ecuatorianas, estudiadas anteriormente con marcadores genéticos, poseen polimorfismos «privados» que serían restringidos a dichas poblaciones (por ejemplo mutaciones específicas a nivel del ADN mitocondrial, en la población Cayapas, provincia de Esmeraldas, y que no han sido encontradas en otras poblaciones).

Esto nos hace pensar en un relativo aislamiento genético de estas poblaciones. En las poblaciones aisladas geográficamente durante largo tiempo, la deriva genética y la selección natural entran en juego; estas explicarían la difusión y mantenimiento de polimorfismos «privados» por ciertos marcadores genéticos. Las fuerzas evolutivas (selección natural, deriva genética, efecto fundador) en esta parte del globo, actuaron fuertemente. En efecto, la llegada al continente americano es relativamente reciente, la adaptación al medio debió ser rápida y eficaz para la sobrevivencia de estos primeros hombres; el número de fundadores es reducido (disminución de la diversidad genética con relación a la(s) población(es) madre(s), fijación-supresión de ciertos alelos); las barreras geográficas (Estrecho de Panamá, Andes, Amazonía..) disminuyeron el flujo genético entre las poblaciones amerindias; la Conquista Europea provocó una disminución de la talla de las poblaciones (guerras, epidemias) y por ende una disminución de la diversidad genética existente.

El aislamiento genético entre poblaciones no niega un contacto entre ellas. En efecto, los registros arqueológicos en el Ecuador indican intercambios económicos y socio culturales entre poblaciones separadas geográficamente. Un ejemplo claro es el del sitio de Santa Ana-La Florida en la provincia amazónica de Zamora Chinchipe, donde se encontraron fragmentos de una concha marina: *Strombus sp.*, indicando así un contacto con poblaciones de la costa ecuatoriana.

La Historia poblacional de los Andes nos indica igualmente que dichos pueblos han mantenido contactos constantes entre sí. Un reflejo de estos contactos entre poblaciones es el de la expansión del Imperio Inca, que abarcó una vasta zona geográfica (del sur de Colombia hasta el norte de Chile), que utilizaba la mudanza con fines estratégicos (culturales y/o políticos), tanto de grupos étnicos de confianza como de antiguos rebeldes (mitmas), integrando así las numerosas etnias amerindias de los Andes.

Además estas poblaciones andinas, a nivel genético, presentan una relativa homogeneidad que nos indica no solo un intercambio cultural, económico y/o social, sino también genético, en esta zona.

El interés de este proyecto radica en el estudio de poblaciones autóctonas andinas y amazónicas ecuatorianas, que parecen ser relativamente diferentes a nivel lingüístico, cultural, arqueológico, biológico, a pesar de su situación geográfica cercana. Según el Codenpe (Consejo de Desarrollo de las Nacionalidades y Pueblos del Ecuador), 13 nacionalidades y 14 pueblos autóctonos se encuentran asentados en las tres regiones geográficas del Ecuador (Costa, Sierra y Amazonía).

Este proyecto nos ha permitido entrar en contacto con investigadores ecuatorianos de renombre, que respaldan intelectual y/o económicamente este estudio.

Se han encontrado varias dificultades para su realización, sobre todo a nivel del muestreo. Sin embargo, la continuación de este proyecto para los próximos años es de suma importancia ya que permitirá llenar el vacío de información a nivel genético sobre el origen y el asentamiento de las poblaciones autóctonas ecuatorianas.

Referencias citadas

- BAILLIET, G., ROTHHAMMER, F., CARNESE, F. R. & BRAVI, C. M., 1994 – Founder Mitochondrial Haplotypes in Amerindian Populations. *American Journal Human Genetics*, **vol. 55**: 27-33.
- BALLINGER, S., SCHURR, T. G., TORRONI, A., GAN, Y., HODGE, J. A., HASSAN, K., CHEN, K. H. & WALLACE, D. C., 1991 – Southeast Asian Mitochondrial DNA Analysis Reveals Genetic Continuity of Ancient Mongoloid Migrations. *Genetics*, **vol. 130**: 139-152.
- BANDELT, H. J., HERRNSTADT, C., YAO, Y. G., KONG, Q. P., KIVISILD, T., RENGO, C., SCOZZARI, R., RICHARDS, M., VILLEMS, R., MACAULAY, V., HOWELL, N., TORRONI, A. & ZHANG, Y. P., 2003 – Identification of Natives American Founder mtDNAs Through the Analysis of Complete mtDNA Sequences: Some Caveats. *Annals of Human Genetics*, **vol. 67**: 512-524.
- HORAI, S., KONDO, R., NAKAGAWA-HATTORI, Y., HAYASHI, S., SONODA, S. & TAJIMA, K., 1993 – Peopling of the Americas, Founded by Four Major Lineages of Mitochondrial DNA. *Molecular Biology and Evolution*, **vol. 10**: 23-47.
- KIVISILD, T., TOLK, H. V., PARIK, J., WANG, Y., PAPIHA, S. S., BANDELT, H. J. & VILLEMS, R., 2002 – The Emerging Limbs and Twigs of the East Asian mtDNA Tree. *Molecular Biology and Evolution*, **vol. 19**: 1737-1751.
- SCHURR, T. G., SHERRY, S., 2004 – Mitochondrial DNA and Y Chromosome Diversity and the Peopling of the Americas: Evolutionary and Demographic Evidence. *American Journal of Human Biology*, **vol. 16**: 420-439.
- TORRONI, A., SCHURR, T. G., YANG, C. C., SZATHMARY, E., WILLIAMS, R., SCHANFIELD, M., TROUP, G., KNOWLER, W., LAWRENCE, D., WEISS, K. & WALLACE, D.C., 1992 – Native American Mitochondrial DNA Analysis Indicates That the Amerind and the Nadene Population Were Founded by Two Independent Migrations. *Genetics*, **vol. 130**: 153-162.
- VALDEZ, F., 2009 – Informe final de los trabajos arqueológicos en el yacimiento Santa Ana-La Florida. Investigación y puesta en valor de los recursos patrimoniales en la Frontera Sur, Palanda, Zamora Chinchipe. Proyecto UTPLIRD/Ministerio de la Cultura. (<http://www.arqueo-ecuatoriana.ec/es/informes-arqueologicos>)
- WARD, R. H., REDD, A., VALENCIA, D., FRAZIER, B. & PÄÄBO, S., 1993 – Genetic and linguistic differentiation in the Americas. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, **vol. 90**: 10663-10667.