

# Teoría del Poblamiento Humano

JOSÉ CARLOS SOLER GÓMEZ\*

## Sumario

La teoría que explica la dispersión global de una especie de origen tropical, claramente social y con un fuerte carácter territorial como la especie humana: el Origen Africano Reciente, no explica la motivación, el porqué emigran las sociedades humanas cuando la presión demográfica es muy baja. En este artículo revisamos la ruta que desde Yemen (trópico de Cáncer) se dirige hacia la tundra americana (círculo Polar Ártico) y desde allí en no más de 300 generaciones se dispersa por el inmenso y diverso doble continente americano.

## Abstract: Human Peopling theory

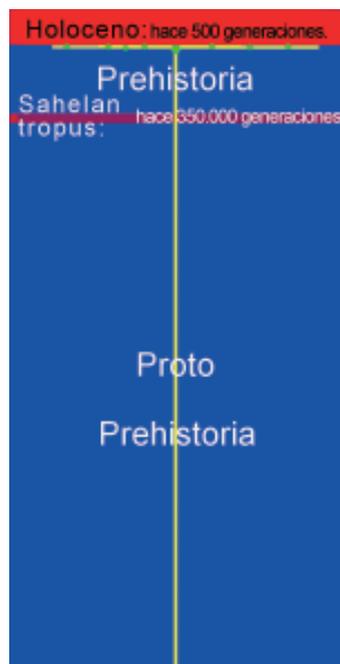
The theory that explains the global dispersion of a species of tropical origin, clearly social and with a strong territorial character as the human species: the Recent African Origin, does not explain the motivation, why human societies migrate when demographic pressure is very low. In this article we review the route that from Yemen (Tropic of Cancer) is directed towards the American tundra (Arctic Circle) and from there in no more than 300 generations it is dispersed by the immense and diverse double American continent.

## 1. TEORÍA DEL POBLAMIENTO HUMANO

### 1.1. Velocidad de propagación lenta más territorialidad, igual a ¿cosmopolitismo?

Somos una especie *cosmopolita* como ninguna otra, y lo somos desde los primeros recuerdos de nuestra evolución. Los yacimientos arqueológicos más antiguos clasificados dentro del género Homo se encontraron dispersos por un territorio muchas veces más grande y, sobre todo, más biodiverso que la selva tropical húmeda en la que habitan nuestros parientes bioquímicos más próximos, los géneros Gorilla, Pongo y Pan, con los que formamos la *familia Hominidae*.

Aunque no podemos estar completamente seguros del carácter de nuestros ancestros, los que nos donaron genes y cultura, sabemos que las sociedades actuales e históricas, independientemente de su complejidad social (bandas, jefaturas, estados...) «siempre se han mostrado [...] poco dispuestas a interrumpir las *relaciones estables* que pudieran haber establecido con el *medio físico*» (Pounds: 2000).



\* José Carlos Soler Gómez, natural de Betanzos, es licenciado en Geografía e Historia, especialidad Prehistoria por la universidad de Santiago de Compostela. Tras diez años investigando el primer poblamiento americano, se ha cuestionado el modelo actual, conocido como *Out of Africa* (el origen africano reciente). Trabajos suyos críticos con el modelo dominante fueron publicados en revistas norteamericanas (*Center for the Study of the First Americans, Proceedings Actes ISA 2006*), México, Brasil, Suecia y España.

Cavalli-Sforza, uno de los pioneros de la genética aplicada al estudio de la genealogía humana, estudió a los pigmeos africanos en su juventud y, en cierto modo, llegó a la misma conclusión que Pounds: «A los pigmeos les gusta mucho su vida. Es difícil desarraigarles, sólo se puede hacer *destruyendo* la selva» (Cavalli-Sforza: 1987); el de los *pigmeos* es un ejemplo concreto de la voluntad de las sociedades a permanecer en su *terra patria*.

Entonces, ¿cómo una especie con un fuerte carácter social y territorial ha llegado a poblar todas las grandes ecorregiones del planeta cuando su economía se basaba en la *recolección* y su conocimiento se transmitía a través de la *tradición oral*?

La explicación más sencilla sería la *presión demográfica*, si a finales del Pleistoceno sospechásemos que una población multimillonaria desbordaba crecimiento por todos los costados, pero no es el caso. Según la demografía histórica, como máximo, hace unas 500 generaciones (10.000 años) el tamaño de la población humana no superaba los 4 millones<sup>1</sup> de individuos.

El *relato* más autorizado sobre nuestros orígenes y el poblamiento prehistórico se conoce como *Origen Africano Reciente* (OAR), del cual Cavalli-Sforza es un firme partidario. Según este modelo, la única especie viva del género Homo son los HAM (Hombres Anatómicamente Modernos). Una especie que *surgió* en algún lugar del África subsahariana hace 10.000 generaciones, o 15.000<sup>2</sup>, más o menos por la misma época en que comienzan a asomar los primeros fósiles clasificados como Homo sapiens.

El OAR también sostiene que la nueva especie Homo reemplazó a las otras especies Homo sin mezclarse con ellas. Por tanto, la Humanidad sólo pudo alcanzar el *cosmopolitismo global* que la caracteriza mediante *procesos migratorios recientes*, aunque el OAR no deja muy claro cual pudo ser la *necesidad* que cubrió la *diáspora prehistórica* (*diáspora* a partir de ahora), es decir, ¿qué fuerza poderosa hizo que sociedades humanas prehistóricas se adaptasen a la noche polar?

Para una buena parte de los partidarios del OAR, la *diáspora* fuera de África comenzó hace unas 3.000 generaciones (60.000 años) cuando una pequeña población de HAM atravesó el Mar Rojo para establecerse en alguna ecorregión de la península arábiga, y habría concluido hace unas 550<sup>3</sup> generaciones (11.000 años) cuando ya hay constancia de presencia humana en Tierra de Fuego. Por lo tanto, podemos convenir que los descendientes de la población HAM que atravesó el Mar Rojo invirtieron, como máximo, unas 2.450 generaciones en jalonar y completar la *diáspora* fuera de África, desde el sur de la península arábiga hasta Tierra de Fuego, unos 27.000<sup>4</sup> km de punto a punto, lo que

<sup>1</sup> Las primeras estimaciones son para hace 10.000 años AP. Varían entre los 2 millones de HYDE (History Database of the Global Environment) y los 4 de McEvedy y Jones.

<sup>2</sup> Recientemente ha salido a la luz la datación de un cráneo hallado en Marruecos al norte de la cordillera del Atlas que cifra su antigüedad en 15.000 generaciones (300.000 años). El fósil de JebelIrhoud (31°51'N, 8°32'W) casi duplica en antigüedad al Homo sapiens Idaltu (Etiopia, 11°06'N, 40°43'E) y triplica la de los HAM de Qafzeh (Israel, 32°41'N; 35°19'E), pero la antigüedad del cráneo de JebelIrhoud no afecta, al menos significativamente, a nuestro objetivo: el poblamiento HAM fuera de África.

<sup>3</sup> 11.000 años AP. NAMI, H. and HEUSSE, C., 2015:»Cueva del Medio: A Paleoindian Site and Its Environmental Setting in Southern South America«. En: *Archaeological Discovery*, 3, 62-71.

<sup>4</sup> Aunque entre los partidarios del OAR no hay unanimidad sobre la ruta por la cual los HAM salieron de África, nuestro cálculo lo realizamos desde Bab el-Mandeb (Mar Rojo) hasta Tierra de Fuego pasando por Alaska: 26.700 km. Pero al mismo tiempo otros dos vectores migratorios más están abiertos, uno hacia Australia, unos 17.000 km y otro hacia Europa, unos 7.000 km.

implica una *velocidad de propagación natural o vegetativa* verdaderamente alta, sobre todo, porque según el relato del OAR, la población inicial fuera de África se reducía a un grupo poco numeroso. Es decir, según el relato del OAR, toda la población no subsahariana desciende, y se diversificó a partir de un *clan* de HAMs que salió de África hace 3.000 generaciones. Sin embargo, aún aceptando los presupuestos más extremos del OAR para calcular la tasa de crecimiento demográfico, la que obtenemos no se aproxima, ni siquiera se acerca a la *velocidad de propagación* que el OAR le exige a nuestra especie. La tasa de crecimiento más rápida que podemos estimar a partir de los presupuestos del OAR, la obtenemos si consideramos como población inicial la *población efectiva* (*Ne*) mitocondrial, un único individuo (Eva Mitocondrial) que habría vivido hace unas 10.000 generaciones. Con estas cifras, la población inicial (=1) tiene que duplicarse 22 veces para alcanzar los 4 millones<sup>5</sup> de personas que habitaban la Tierra hace 500 generaciones (10.000 años), lo que supone una duplicación de tamaño cada 433 generaciones (8.663 años,  $r=0,00008$ ).

Si traducimos esa tasa de crecimiento demográfico a ocupación del territorio, es decir, al territorio que *necesita* la población final para sostenerse, resulta lo siguiente: que a 433 generaciones del salto fuera de África, casi 9.000 años, los descendientes solo necesitarían el doble de espacio que los ancestros que protagonizaron dicho salto.

Dibujemos la *diáspora* y sus jalones con las fechas que propone el relato del OAR. Supongamos que el salto alfa implicó a una red matrimonial, un *clan* de unas 20 bandas, unos 500 individuos, 2.450 generaciones después, cuando los HAM ya están establecidos en la Patagonia, y después de haber duplicado 6 veces el tamaño inicial, fuera de África apenas habría 64 clanes, 1.280 bandas, o 32.000 HAM; a razón de un generoso promedio de 20 km<sup>2</sup> per cápita, toda la población descendiente del salto alfa necesitaría para sobrevivir un espacio de 640.000 km<sup>2</sup>, un territorio algo mayor que la Península Ibérica.

El modelo de poblamiento que plantea el OAR sigue un patrón que podríamos denominar: brote-propagación-brote. Los HAMs brotan en alguna localidad de África Subsahariana (o africana) hace 10.000, o 15.000 generaciones; desde allí se propagan a través de *procesos migratorios* por diferentes *ecorregiones*<sup>6</sup> subsaharianas hasta que muchas generaciones después una *semilla* HAM (una población inicial pequeña, un *clan*) brota en Asia y comienza a propagarse por ese continente. Generaciones más tarde, *semillas* de origen asiático brotarán en otros continentes donde comenzará un nuevo ciclo de propagación.

Si utilizamos el calendario más divulgado para ilustrar con números esta *diáspora*, obtenemos el siguiente dibujo: El *brote alfa* ocurre en África hace 10.000 generaciones; la nueva especie se propaga por ese continente durante las primeras 7.000 antes de que una *semilla* HAM brote en la Península Arábiga; los HAM se propaga por el continente asiático durante 500 generaciones hasta que una *semilla asiática* brota en Oceanía, a más de 7.000 kilómetros en línea recta del punto alfa; 500 generaciones después del evento australiano otra *semilla* brota en Europa y unas 1.100 generaciones más tarde otra lo hace en Beringia.

<sup>5</sup> 21 duplicaciones de 1 es igual a 2.097.152, una cantidad que supera los 2 millones de personas que HYDE (History Database of the Global Environment) estima para toda la población la Tierra a inicios del Holoceno, la siguiente duplicación, la 22 es de 4.194.304, supera las estimaciones de población más altas para inicios del Holoceno, los 4 de McEvedy y Jones.

<sup>6</sup> Para este trabajo utilizaremos ecorregión como un territorio amplio con una comunidad biótica y un biotopo particulares.

Traducido a *necesidad-ocupación* de territorio resulta el siguiente dibujo: Eva Mitocondrial necesitaría 20 km<sup>2</sup> para sostenerse, 16 duplicaciones más tarde, las que caben en las 7.000 generaciones que el OAR estima para la dispersión exclusiva por África, los 65.500 descendientes de Eva necesitarían algo más de 1,3 millones km<sup>2</sup> para sostenerse en África, su patria original, y unos 10.000 km<sup>2</sup> en la Península Arábiga para que el primer grupo humano que salió fuera de África se sostenga.

500 generaciones más tarde, el calendario del OAR considera que una semilla HAM ya ha brotado en Australia, sin embargo, a la velocidad de crecimiento demográfico más alta que se puede estimar a partir del relato del OAR, el *clan inicial asiático* apenas habría tenido tiempo para duplicar una vez su tamaño, por lo que *necesitaría* un territorio de algo más de 20.000 km<sup>2</sup> para sostenerse.

Dada la escasa población HAM de la que disponemos para nuestro dibujo, algo más de 2 clanes, supongamos que la semilla australiana se limitó a brotar de una banda, de tal modo que los dos clanes asiáticos sigan dispersándose por ese continente. 500 generaciones después del evento australiano, cuando los HAM *entran* en Europa, los dos clanes asiáticos solo han tenido tiempo para duplicar su tamaño una sola vez, a las puertas de la colonización de Europa y el reemplazo neandertal, puesto que el relato del OAR no acepta el mestizaje entre fenotipos del género Homo, ese habrían convertido en algo más de 4 clanes y tendrían una *necesidad* de territorio de algo más de 40.000 km<sup>2</sup> para sostenerse.

La *presión demográfica* tampoco es mucho mayor cuando los HAM brotan en Beringia, apenas 16 clanes, 320 bandas, algo más de 8.000 individuos que tendrían suficiente con un territorio promedio de 160.000 km<sup>2</sup> para sostenerse.

Las cifras demográficas que se desprenden del relato del OAR, aunque solo son una aproximación, determinan la tendencia de ese modelo de poblamiento, por lo que, de acuerdo con su relato tendríamos que sospechar una especie de *diáspora* voluntaria. Una migración que llevó al género Homo a adaptarse «voluntariamente» a la noche polar después de haber atravesado en plena era glacial no solo el nordeste de Siberia, uno de los territorios más inhóspito de la Tierra como pone de manifiesto el escaso, y poco *conectado*, poblamiento que hay incluso en la superpoblada actualidad, sino también una buena parte del Asia nor-Himalayas, sin lugar a dudas la región de su tamaño más despoblada de la Tierra, después de la Antártida.

Además, el modelo brote-propagación-brote que implica el relato del Origen Africano Reciente impone una *velocidad de propagación* diferente para cada continente, la más lenta en África y significativamente más rápida en Las Américas, sin que los postulantes del OAR ofrezcan una explicación para esta anomalía demográfica más allá de la que encontramos en Liu et al.<sup>7</sup> 2006.

Conscientes de los problemas que plantea la dinámica demográfica a la hipótesis del Origen Africano Reciente, el equipo encabezado por Liu aplicó al poblamiento humano el modelo logístico de crecimiento. Este modelo, en lugar de una curva plana, produce una curva en forma de S con un crecimiento inicial muy alto que cifran en una duplicación cada 4 generaciones (81 años) y que posteriormente va disminuyendo hasta que el ecosistema alcanza su capacidad de carga. La tasa de crecimiento propuesta por Liu et al. ha sido

<sup>7</sup>Liu, H., Grugnonne, F., Manica, A., y Balloux, F., 2006: A Geographically Explicit Genetic Model of Worldwide. The American Journal of Human Genetics, vol 79: 230–237

observada entre los cazadores recolectores actuales, y es cierto que una tasa como esa permitiría a una red matrimonial inicial, por más pequeña que fuese, convertirse en una población millonaria en menos de un milenio.

El modelo logístico explica a la perfección la velocidad de propagación de los organismos con estrategia r. Las especies que utilizan esta estrategia suelen estar formadas por individuos pequeños, débiles y de vida corta que se reproducen a temprana edad y procrean muchos descendientes que no requieren cuidados especiales tras su nacimiento. Sin embargo el modelo no funciona bien con los organismos K, de los cuales el hombre es uno de los más paradigmáticos. Los organismos K son más grandes e inteligentes, se reproducen tardíamente y lo hacen a través de descendencia poco numerosa que precisa un cuidado esmerado y prolongado.

Por otro lado, no debemos olvidar que la demografía histórica estima que al inicio del Holoceno la población humana absoluta no superaba los 4 millones de individuos, y la arqueología no ha detectado que algún continente hubiera alcanzado su capacidad de carga antes de esa fecha. En cualquier caso, la estimación de la demografía histórica implica necesariamente tasas de crecimiento sumamente lentas hasta el Holoceno. Pero, ¿por qué le cuesta tanto trabajo crecer a las poblaciones recolectoras?

#### *1.1.1. Estrés reproductivo de las poblaciones recolectoras*

Más arriba etiquetamos la tasa de **crecimiento demográfico** con el concepto **Velocidad de Propagación** de la especie humana, porque es un concepto central de nuestros argumentos. Creemos que merece la pena analizar el esfuerzo reproductivo que realizan las sociedades recolectoras simplemente para mantener el equilibrio demográfico, y tal vez así podamos comprender por qué a pesar de poder alcanzar picos temporales de crecimiento tan elevado como el sugerido por Liu et al. a medio y largo plazo las poblaciones recolectoras tienden al equilibrio (Boone, 2002; Gurven y Kaplan, 2006; y Hill y Hurtado, 2007).

Partamos de una cohorte de referencia de 10 mujeres con una esperanza de vida al nacer de 35 años (E35), una cohorte de mujeres de este tamaño es la base de una pirámide de población de unos 700 individuos<sup>8</sup>, casi un clan y medio. En conjunto, la cohorte de referencia vivirá 351 años frente a los 850 que viviría en una sociedad actual como la española, p.e. Pero, desde el punto de vista de la supervivencia es mucho más significativa la reducción que experimenta el **Tiempo Fértil Efectivo** del que dispone cada generación como consecuencia del efecto mortalidad.

Por **Tiempo Fértil Efectivo** de una población nos referimos al tiempo del que dispone una cohorte para *criar a su descendencia* y conducirla hasta el relevo generacional. Aunque existe cierta divergencia entre el tiempo del que disponen cada sexo, el **Tiempo Fértil Efectivo** de una sociedad se reduce al tiempo que sus mujeres viven en fertilidad. En una sociedad E35, en lugar de los 250 años potenciales que podría durar la **Tiempo Fértil** de toda la cohorte (10 mujeres por 25 años) durará justo la mitad: 125,58 años.

El **Tiempo Fértil** de las recolectoras transcurre entre los 20 y los 45 años. En una población E35 solo 6 de cada 10 mujeres cumplen los 20 y solo 4<sup>9</sup> alcanzan los 45, es decir,

<sup>8</sup> En una tabla e vida con una esperanza de vida al nacer de 35 años, una cohorte de nacimiento de 20 individuos (10 niñas y 10 niños) nos devuelve un tamaño de población de 701,51 individuos.

<sup>9</sup> La tabla de vida que utilizamos nos devuelve números racionales (5,93 para los 20 años, 4,46 para los 40).

en una población con una esperanza de vida al nacer de 35 años más de la mitad de la cohorte de nacimiento no completa su *Vida Fértil* potencial.

20 años como promedio para que una recolectora tenga su primer hijo puede parecer exagerado, pero además de ser un hecho documentado por la antropología, también tiene explicación médica. Tanto el retraso de la menarquía como la estabilización de los ciclos ovulatorios necesarios para que se produzca un embarazo se relacionan con un alto nivel de ejercicio físico y con un bajo contenido en lípidos. Se estima que el nivel óptimo para estabilizar la ovulación debe situarse entorno al 20% - 22% de lípidos en relación a la masa corporal. Esta podría ser la razón por la cual las mujeres recolectoras, sometidas a un trabajo físico importante y cuya dieta, además de irregular, es baja en grasas, tienen una pubertad tardía y una esterilidad posterior tan prolongada que les lleva a tener su primer hijo entorno a los 20 años.

La esterilidad es otro factor que acorta el *Tiempo Fértil Efectivo* del que dispone una sociedad. Tanto la esterilidad primaria, aquella que impide la fertilidad durante toda la vida, como la secundaria, causada por infecciones, problemas postparto, malformaciones... son difíciles de cuantificar en cualquier sociedad, y mucho más entre las poblaciones recolectoras.

Sin embargo la esterilidad causada por el envejecimiento de los óvulos, al menos en las sociedades actuales, sí está cuantificada. Si le aplicamos el índice de fecundidad al *Tiempo Fértil* del que dispone nuestra cohorte, los 125,58 años se quedan reducidos a 80,34 años.

Durante ese tiempo, y a razón de un hijo cada cuatro años, el conjunto de la cohorte solo podría tener un máximo de 20,08 hijos, 2,008 hijos promedio por mujer, una cifra muy cercana a la tasa de reemplazo generacional y por tanto al equilibrio demográfico.

Un apunte: Los cálculos que venimos haciendo prescinden de algunas variables con el objetivo de simplificar la visión del asunto, y en este caso dejan fuera de campo algo sumamente importante: la altísima mortalidad infantil en nuestra especie hasta hace muy pocas generaciones. Obviamente, una cohorte de 10 recolectoras tendrá más de los 20,08 hijos, sino la supervivencia del grupo sería imposible. Los 20,08 hijos es una cantidad abstracta que deja fuera toda la mortalidad que se produce durante la vida de la cohorte, incluida la mortalidad infantil, que entre poblaciones de nuestra especie puede superar fácilmente los 200, y en algunos casos rebasar los 300 bebés muertos por cada 1.000 nacidos, es decir, nuestros cálculos ya descuentan toda esa mortalidad.

El intervalo intergenésico de 4 años que he utilizado para estos cálculos es el promedio observado entre los recolectores actuales. Según la antropología, el estilo de vida de estas poblaciones está detrás de un intervalo tan largo: mucha actividad física, gran temporalidad en la dieta, necesidad de amamantar al bebé hasta los 4 años por falta de alimentos sustitutivos de la leche materna, amenorrea por lactancia... pero lo cierto es que los intervalos tan largos son una constante en toda la familia Hominidae, de hecho entre las otras especies de la familia los intervalos son todavía más largos. Sin embargo, el *mayor estrés reproductivo* lo experimenta el género Homo porque nuestros parientes aumentan su *Tiempo Fértil* alcanzando la madurez sexual a una edad mucho más temprana, y sobre todo porque la mortalidad infantil es mucho menor que en nuestra especie.

Obviamente reduciendo el intervalo intergenésico, la tasa de reproducción potencial se dispara. Por ejemplo, si lo bajamos a 40 meses, la tasa promedio se va a los 2,4 hijos por mujer, lo que permitiría a una población crecer sustancialmente. El intervalo intergenésico es uno de los mecanismos que las poblaciones recolectoras tienen para regular su

crecimiento, y sin duda lo han empleado, acortándolo, cuando sintieron que la supervivencia del grupo estaba amenazada, pero en situación de equilibrio ¿por qué habría de interesarles tener más descendencia de la estrictamente necesaria?

Más de la tercera parte (4,48) de los 12,85 individuos que integran el grupo de *contribuyentes netos* (entre los 20 y los 60 años) de una banda son madres con bebés, mujeres que han de realizar su *contribución* a la *economía* del grupo cuidando al hijo que llevan colgado de su espalda.

Las poblaciones con baja esperanza de vida se caracterizan por una elevada mortalidad infantil, por lo tanto necesitan traer a la vida muchos niños para que al menos unos pocos alcancen la edad fértil y dejen descendencia. Cuantos más niños no autónomos (menores de 4 años) haya en una banda, la contribución *económica* que las madres con bebés puedan hacer será menor. La disminución de su contribución, además, coincidirá con un incremento en la carga de trabajo, porque en el grupo hay más *contribuyentes deficitarios* que alimentar. Si una banda de 25 individuos agota los recursos de un campamento en  $x$  días, 26, 27 o más individuos los agotará antes, por lo tanto, una banda en crecimiento tendrá que utilizar más campamentos por año para obtener el mismo rendimiento, los *contribuyentes netos* tendrán que trabajar más en forma de kilómetros recorridos por año, simplemente para obtener el mismo rendimiento.

Adam Smith explicaba el espectacular crecimiento de la población norteamericana por el trabajo tan bien remunerado que había en su época, lo que originaba que un número abundante de hijos en lugar de ser una carga fuera «fuente de prosperidad y opulencia para sus progenitores». Pero aquí nos encontramos en el caso opuesto: un número mayor de hijos supone mayor esfuerzo, rendimientos decrecientes... en fin, mayor *inseguridad* para la supervivencia de la banda. En esta situación ¿por qué las poblaciones recolectoras habrían de forzar la máquina reproductiva más allá del reemplazo generacional?

### 1.1.2. Demografía: Recolectores vs Productores

Podemos convenir que en la historia evolutiva de la especie, la frontera entre la recolección y la producción de alimentos supuso un *punto de inflexión* en la historia de nuestra especie. Más adelante veremos que la humanidad durante el Pleistoceno, como máximo, solo habría duplicado 5 veces su tamaño en las 9.500 generaciones que van entre los 200.000 y 10.000 años atrás, a razón de una duplicación cada 1.785 generaciones. Sin embargo, a principios del siglo XXI la humanidad ya sobrepasaba los 6.000 millones, lo que supone algo más de 10 duplicaciones en las últimas 500 generaciones, una duplicación cada 47<sup>10</sup>. Estos números estimativos nos dicen que como mínimo, la humanidad creció diez veces más rápido desde que aprendió a producir alimentos que durante la etapa recolectora.

Hemos tomado 10.000 años como punto de inflexión aunque esa fecha no se ajusta demasiado bien a nada, ni al final de Pleistoceno (11.750 años) ni al inicio de la agricultura, pero es una frontera fácil de recordar y simplifica los cálculos. Durante las últimas 500 generaciones, la permanente actualización de la *cultura humana* ha permitido la existencia al 99,9% de la población actual. Utilizando con mucha libertad las cifras de F.A. Hassan

<sup>10</sup> La tasa de crecimiento para estos números (población inicial=4.000.000; población final=6.000.000.000; tiempo=10.000 años) es  $r=0,001$ ; a esa tasa una población duplica su tamaño cada 948 años)

(1981) sobre la capacidad de carga de los ecosistemas, si los 6.000 millones de habitantes nos dedicásemos a la recolección necesitaríamos, más o menos, 24 planetas del tamaño de la Tierra, para sostenernos.

La evolución de la tasa de crecimiento demográfico representa de un modo gráfico como el género Homo se ha ido liberando progresivamente de los rigores que le imponía la *selección natural*, a cambio, esos sí, de someterse a una ***selección cultural progresiva*** que implica, entre otras cosas, la permanente actualización y diversificación de la ***cultura***, el conjunto de comportamientos, técnicas, costumbres... rutinas que las sociedades emplean que su descendencia tenga acomodo en la tierra de sus ancestros.

Durante los primeros 7.600 años, los que separan el ***punto de inflexión*** hace 500 generaciones, de la Grecia Clásica hace 120 generaciones, la ***cultura*** acumulada por la humanidad le permitió duplicar su tamaño más de 5 veces, hasta alcanzar los 153 millones, lo que implica una duplicación cada 72 generaciones ( $r=0,0005$ ;  $DT=1.446$  años). En las primeras 380 generaciones tras cruzar el punto de inflexión, la humanidad duplicó su tamaño tantas veces como lo había hecho desde la generación de Eva. En las 105 siguientes, los 21 siglos que separan la Grecia Clásica de los albores de la Revolución Industrial, la actualización y diversificación de la cultura humana permitió duplicar algo menos de dos veces su tamaño, a razón de una duplicación cada 53 generaciones ( $r=0,0007$ ;  $DT=1.065$  años) hasta situar la población mundial entorno a los 600 millones. Sin embargo, tras las últimas actualizaciones de nuestro sistema cultural, en solo 15 generaciones (300 años), la humanidad duplicó su tamaño casi 4 veces, una vez cada 4,5 generaciones ( $r=0,008$ ;  $DT=90$  años).

Nuestra intención con este resumen es resaltar dos ideas, primera, la trascendencia que supuso para la humanidad traspasar el punto de inflexión entre la *recolección* y la *producción* de alimentos, entre el *nomadismo* al *sedentarismo*, entre *formar parte del paisaje* y *ser capaz de transformarlo*, entre almacenar los conocimientos mediante ***tradición oral*** a hacerlo en ***formato electrónico***; y la segunda, que las poblaciones humanas actualizan su sistema cultural para poder permanecer, y ampliar si es necesario, la *tierra de los ancestros*. En cualquier caso, para la etapa de la historia humana que nos atañe, la cultura que el Hombre había acumulado solo le permitió crecer a tasas muy próximas al equilibrio demográfico.

El poblamiento cosmopolita que caracteriza al género Homo, por tanto, ha superado dos factores críticos: un *Tiempo Fértil* poco productivo como consecuencia de la larga crianza de la descendencia y una mortalidad infantil muy alta por la inmadurez de las crías; lo que otorga a cada cría humana *un alto valor* para la supervivencia de la especie, posiblemente el más alto de toda la familia Hominidae.

La lucha por conservar y criar a la prole obliga a toda la tribu a cooperar, a comprometerse con ese objetivo como garantía de supervivencia de la especie, o si se quiere variar el punto de vista, como garantía de la supervivencia de aquellos individuos que han perdido la condición de proveedores netos, los ancianos.

## 1.2. Carrera genética

La *diáspora reciente* que plantea el OAR se apoya en el seguimiento que la paleoantropología hace de los ***apellidos genéticos***: el ADN mitocondrial (ADNmt), que sería el equivalente al apellido matrilineal, y la parte no recombinante del cromosoma Y (ADNcrY), el equivalente al apellido patrilineal. Si nos referimos a estas moléculas como ***apellidos genéticos*** es porque su mecánica hereditaria funciona de forma similar a los

apellidos de familia. Tanto el genoma mitocondrial como el cromosoma Y (parte no recombinante) se heredan íntegramente de uno solo de los progenitores sin la recombinación que caracteriza al resto del genoma. Al mismo tiempo, esa característica los convierte en unos excelentes marcadores para rastrear el movimiento de las poblaciones, sobre todo en aquellas generaciones próximas a la actual donde la población efectiva mitocondrial representa porcentajes cercanos al 100% de la población absoluta, pero al igual que los apellidos de familia, los genéticos desaparecen cuando la descendencia no tiene el sexo adecuado para su transmisión, hembras en el caso del ADNmt y machos en el del ADNCrY. Por tanto ese marcador genético (ADNmt) y su historial de mutaciones solo pasa a la siguiente generación si la portadora de ese genoma tiene una hija fértil. A medida que remontamos generaciones, que profundizamos en el tiempo, el número de marcadores se va reduciendo significativamente en relación al tamaño de la población absoluta, hasta tal punto que no podemos tomar el tamaño de la población efectiva mitocondrial, ni siquiera, como indicio del tamaño de la población absoluta.

Aunque se emplean otras moléculas para la reconstrucción de la genealogía humana, el ADN de las mitocondrias es con diferencia la más utilizada para el estudio de los movimientos migratorios de *masas*. Esas pequeñas organelas citoplasmáticas son las encargadas de la respiración de las células eucariotas que están presentes en todos los individuos del dominio eukaryota que abarca desde organismos unicelulares hasta organismos complejos como los humanos.

Según la teoría endosimbiótica (Konstantín Merezhkovski, 1909 y Lynn Margulis a partir de 1966), las mitocondrias fueron bacterias simbiotes, organismos diferentes a la célula con la que están integrados íntimamente; durante mucho tiempo células procariotas y bacterias mitocondrias vivieron en simbiosis hasta que hace millones de años se integraron tan íntimamente que intercambiaron genes entre sí para dar origen a las células eucariotas, poblaciones novedosas, diferentes a las poblaciones procariotas y bacterianas de las que procedían.

Según la simbiogenesis, la *novedad evolutiva* no surge de la acumulación de errores (mutaciones) en un individuo catalizador como propone el neodarwinismo, sino que la *novedad evolutiva*, la aparición de nuevas especies, es el resultado del intercambio de genes entre dos especies precedentes que tras vivir mucho tiempo en simbiosis van un paso más allá y se integran *orgánicamente* para producir un *individuo novedoso*.

El rastro que llevó a los investigadores a sospechar que las mitocondrias son organismos de origen bacteriano que viven *incrustados* en todas y cada una de nuestras células, fue precisamente la forma circular de su ADN, similar al bacteriano.

Si la acumulación de *mutaciones* ortográficas en los apellidos de familia (Abraham, Abrahams, Abrahamson, Abram, Abrams, Abramson, p.e.) nos hablan de la historia de un linaje masculino y nos permite deducir la *ortografía original*, las mutaciones mitocondriales, una especie de errores en la ortografía genómica, nos permite deducir la ortografía original del genoma de Eva. Sin embargo, que generaciones después del *evento origen* sobreviva un solo apellido, no se puede interpretar como que ese fuera el único apellido en origen. Los apellidos de los amotinados de la HSM Bounty que poblaron la isla Pitcairn en 1789 se quedaron reducidos a Flecher, del mismo modo todos los apellidos mitocondriales actuales se quedan reducidos a diferentes *ortografías* del genoma de Eva. Por lo tanto la *población efectiva mitocondrial*, como población representativa de la

**población absoluta** de cada época, se va reduciendo hasta quedar convertida en una sola hembra, aquella en la que coalescen los dos linajes mitocondriales más largos.

La **población efectiva** del evento origen explica la deriva mitocondrial actual. Mientras que la población absoluta en el momento del evento origen, además de estar compuesta por la población efectiva de todos los demás genes humanos y sus polimorfismos, también está compuesta por la **población sin descendencia** (sin descendencia en la actualidad, ya que pudo haber dejado de tenerla en generaciones pretéritas), pero poblaciones que al fin al cabo fueron depositarios, transmisores y por tanto potenciales modificadores del patrimonio inmaterial de la humanidad: la cultura.

El mecanismo por el cual se va reduciendo la proporción de **población efectiva** es la herencia. En las generaciones más próximas a la de **generación de control**<sup>11</sup> es más probable encontrar hermanas que reciben su apellido mitocondrial de una misma madre, por eso cuantas más generaciones remontemos hacia el **origen** el número de ancestros mitocondriales es cada vez menor. Lo que no quiere decir que en Eva se terminen las madres mitocondriales, detrás de ella, y llevando la hipótesis de la coalescencia a sus últimas consecuencias, podemos imaginar un linaje sostenido por una única cadena madre-hija que conecta a Eva con la bacteria que se integró íntimamente en las células eucariotas que acabaron conformando los individuos de nuestra especie.

Imaginemos el poblamiento humano como una carrera de relevos que dura miles de vueltas, tantas como generaciones estimemos entre el **origen y control**, una carrera en la cual los progenitores ceden el **testigo** genómico a su descendencia.

Desde este punto de vista, la carrera mitocondrial se inició hace 8.775 generaciones<sup>12</sup>; siempre y cuando entendamos por iniciar el momento en que hubo más de una corredora sobre la pista. Al menos desde un punto de vista teórico, la **población efectiva mitocondrial** se redujo a una corredora por vuelta durante millones de generaciones.

La humanidad comparte casi el 100% del genoma mitocondrial, las mutaciones solo afectan a una pequeña parte de los 16.500 nucleótidos que como promedio conforman el genoma mitocondrial de cada individuo. La ortografía mitocondrial coincide casi en su totalidad en todos los humanos, pero de esa inmensa parte coincidente no podemos deducir que el genoma mitocondrial haya permanecido inmutable en el tiempo, sin duda en el trayecto entre la mitocondrial simbiote y la generación de Eva ha experimentado muchas mutaciones pero por ser único, sin posibilidades de compararlo con otro genoma diferente, no podemos conocer la temporalidad de las mutaciones que experimentó antes de de la generación de Eva. Por eso se considera que el **origen** de la carrera mitocondrial está cuando saltan a la pista dos corredoras por vuelta, algo que ocurre hace 171.500 años según Ingman et. al.

En la carrera mitocondrial, la generación Eva es el **origen** porque una de las mujeres de esa generación experimentó un **Evento duplicador** por el cual dos de los testigos mitocondriales que ella cedió a sus hijas estuvieron activos durante 8.775 vueltas, y que

<sup>11</sup> Generación de control es una etiqueta funcional, hace referencia a aquella generación que investiga su genealogía, en este caso a través del ADNmt.

<sup>12</sup> Existe una gran diversidad de fechas sobre la época en la que vivió el MRCAMt (Ancestro mitocondrial común más reciente) y no solo en función del método empleado para calcular la coalescencia, incluso dentro del método filogenético, el más utilizado, existen diferencias de muchos milenios en función de la antigüedad que cada equipo investigador asigne al ancestro común del género Pan y el género Homo. Para este escrito utilizaremos la estimación de Ingman et al., (2000) de 171.500 años; 8.755 generaciones de 20 años.

con ligeras variaciones ortográficas, son las dos raíces (parte variable) del apellido mitocondrial que porta toda la humanidad actual.

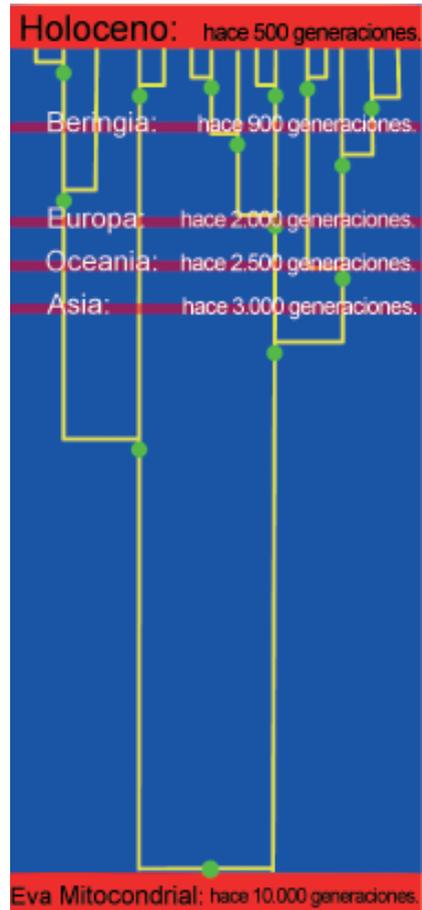
A partir del *evento duplicador* cada uno de los dos testigos, inicialmente iguales, comienza a divergir, a acumular las mutaciones que experimenta la corredora que lo porta. Durante un número indefinido de generaciones se van formando en cada uno de los testigos las dos raíces ortográficas de todos los apellidos mitocondriales que se observan en *control*.

Un evento de estas características significa que la madre que lo experimenta tendrá en todas y cada una de las vueltas que faltan hasta control dos testigos activos, como mínimo. Las probabilidades de que un *evento duplicador* suceda a miles de generaciones de control son verdaderamente escasas y, en mi opinión, nos hablan del tamaño probable de la población absoluta, y desde luego no es uno, tal y como estimamos para calcular la tasa crecimiento durante el Pleistoceno.

Durante un número indefinido de generaciones, hasta que se produzca el segundo *evento duplicador* en una de las dos cadenas madre-hija que se originaron en la generación de *Eva*, solo estarán activos dos testigos; solo dos mujeres por generación fijarán a su genoma las mutaciones mitocondriales que llegarán a control, solo dos marcadores como representación de una población absoluta que ni siquiera podemos estimar. Todas las demás mujeres de la época de Eva solo tuvieron varones o estériles como descendencia en alguna de las generaciones que separa origen de control.

Tras el *segundo evento duplicador* los testigos activos pasan a ser tres, a partir del *tercero* pasan a ser cuatro y así progresivamente hasta los millones de testigos activos que hay en la actualidad.

Desde un punto de vista matemático, las probabilidades de que se produzcan *eventos duplicadores* se disparan cuanto más nos aproximamos a la generación de control, hasta tal punto que en las últimas vueltas está el *origen* de la inmensa mayoría de las tipos mitocondriales



La imagen nº 1 representa la carrera mitocondrial desde la generación de Eva hace 10.000 generaciones hasta inicios del Holoceno hace 500.

El campo azul representa el tamaño de la población efectiva de los genes DRB1 del sistema inmunológico humano durante la carrera mitocondrial (más de 100.000 individuos).

Las líneas amarillas representan las cadenas madre-hija activas que van fijando las mutaciones que finalmente llegarán hasta la generación de control y el ritmo (hipotético) al que se van incorporando a la carrera.

Cada línea amarilla representa una cadena solamente, mientras que los puntos verdes marcan la generación (hipotéticamente) en las que se duplica alguna de las cadenas activas.

actuales, es decir en las últimas vueltas se incorporan a la carrera mitocondrial la inmensa mayoría de las *corredoras* (población efectiva).

Ante este plan de carrera cabe preguntarse si realmente podemos determinar la ubicación y los movimientos migratorios de la población prehistórica a partir de la distribución actual de los *apellidos mitocondriales* que durante la mayor parte del tiempo prehistórico portaron menos de tres mujeres por generación.

Sin duda, los marcadores mitocondriales que llegan hasta *control* pueden servir para rastrear movimientos de población durante los tiempos históricos, e incluso con dificultades, tal y como puso en evidencia una investigación genética sobre la población islandesa publicado en 2003. Helgason *et al.* (2003) realizaron un estudio demográficamente amplio sobre la coalescencia de los linajes mitocondriales y cromosómicos (CrY) de toda la población islandesa nacida después de 1972. En trabajos previos ya se había identificado que los espectros de las frecuencias de los haplotipos mitocondriales y cromosómicos islandeses indicaban una divergencia genética con las poblaciones originarias.

Islandia fue poblada hace más de 1000 años (50 generaciones) por poblaciones británicas y escandinavas, la explicación a esa divergencia parecía obvia: la pequeña población fundadora islandesa no tenían porque ser una representación proporcional de los haplotipos de la metrópoli, pero el asunto es que aunque lo fuera, nada garantizaría que las poquísimas abuelas que colocaron su apellido mitocondrial en la generación de Helgason, aquellas mujeres que durante 50 generaciones seguidas tuvieron descendencia femenina, portaran el mismo linaje mitocondrial que las abuelas que dejaron el suyo en la metrópoli.

El estudio incluye a 131.060 islandeses y certificó una divergencia notable: 11 de los 29 haplotipos observados con mayor frecuencia entre la población islandesa no fueron encontrados ni entre las poblaciones británica ni escandinava. Mientras que 5 de los 18 haplotipos más numerosos entre las poblaciones de la metrópoli no fueron encontrados entre la población islandesa. Y estamos hablando de la evolución de una población HAM que brotó hace 50 generaciones solamente.

En tiempos prehistóricos, a miles de generaciones, cuando la *población efectiva mitocondrial* representa una proporción insignificante de la *población absoluta*, la información de los apellidos genéticos no debería ser tomada como indicador de movimientos migratorios de masas, como hace el OAR, en todo caso, como resultado de la patrilocalidad<sup>13</sup> o algún otro mecanismo de intercambio matrimonial.

Con mucha diferencia, el poblamiento mitocondrial es del que se disponen más datos. La inmensa mayoría de mapas y cronologías con las que el OAR ilustra y *jalona* la *diáspora* prehistórica narran la evolución de la carrera mitocondrial. Pero esa *carrera genética*, además de sus problemas de representatividad de la población absoluta, no explica el poblamiento de todo el genoma humano. Otros genes, como los del sistema inmunológico, requieren una carrera de relevos mucho más larga y con muchos más corredores sobre la pista, desde el *origen*.

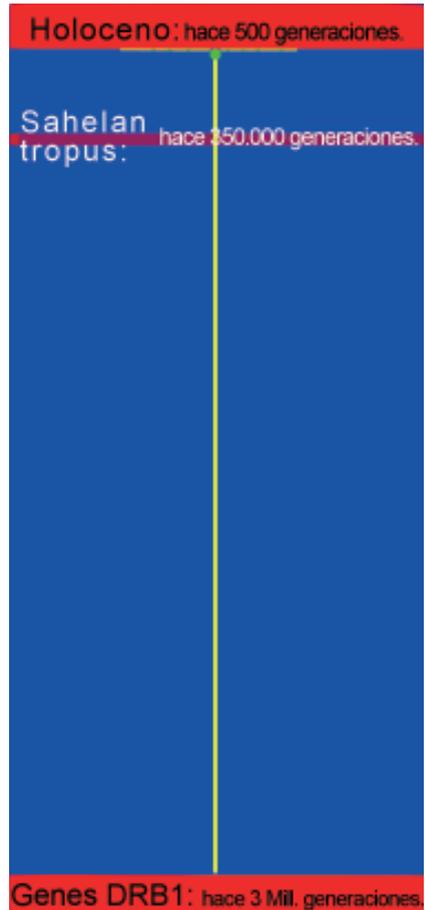
Según el profesor Francisco Ayala (1995), quien investiga los genes del sistema inmunológico humano, en la generación de Eva, por lo menos había 49.999 mujeres más. Los genes DRB1, especialmente polimórficos, coalescen en una población efectiva de

<sup>13</sup> La patrilocalidad era una costumbre muy extendida entre las poblaciones humanas por la cual la esposa se integraba en la *patria* de su futuro marido.

más de 100.000 individuos hace más de 3 millones de generaciones (60 millones de años). Este nuevo tamaño de población inicial ralentiza sustancialmente la *velocidad de propagación vegetativa* durante el Pleistoceno, puesto que para alcanzar los 4 millones de individuos solo se necesitan algo más de 5 duplicaciones, a razón de una cada 1.785 generaciones, aproximadamente<sup>14</sup>, si ubicamos el *origen* de la carrera en la generación de Eva mitocondrial, ya que muchos investigadores estiman que entorno a esa época surge el *comportamiento humano moderno*.

La *población efectiva* de un gen es un número teórico, es el tamaño de la población mínima que tuvo que existir en un tiempo pasado para que se observe la deriva actual de ese gen. Por tanto, el tamaño de la *población efectiva* siempre será menor que el tamaño de la *población absoluta* aunque solo sea porque en esta conviven al menos tres relevos generacionales: hijos, padres y abuelos, pero también porque la integra un grupo de tamaño indefinido pero que puede ser bastante numeroso: la *población sin descendencia*, aquellos individuos que pese a haber podido tener descendencia en generaciones pretéritas dejaron de tenerla antes de la *de control*, pero que contribuyeron a crear el patrimonio cultural que hemos heredado de un modo similar al que lo hicieron los ancestros genéticos.

Creemos que multiplicar por 3 la población efectiva del sistema inmunológico, o incluso por 4 o 5, nos daría una aproximación conservadora del tamaño de la *población absoluta ancestral*, a pesar de ello, para los cálculos que utilizaremos a partir de ahora consideraremos que la *población absoluta inicial*, como mínimo, ha de ser igual al de la *población efectiva* del sistema inmunológico humano ( $N_e=100.000$ ). En cualquier caso, los genes solo son el instrumento que nos permite investigar nuestra genealogía, pero el objetivo último debería ser comprender como sucedió el proceso por el cual una especie de la biosfera



La imagen nº 2 representa la carrera de los genes DRB1 del sistema inmunológico humano desde hace 3 millones de generaciones (60 millones de años) hasta inicios del Holoceno hace 500 generaciones (10.000 años). El campo azul representa el tamaño de la población efectiva de esos genes (más de 100.000 individuos). La línea amarilla representa la única cadena mitocondrial madre-hija que se mantiene activa desde la coalescencia de los genes DRB1 hasta la generación de Eva, representada por un punto verde. El jalón Sahelantropus marca el inicio del registro fósil humano.

<sup>14</sup> La tasa de crecimiento para estos números (población inicial=100.000; población final=4.000.000; tiempo=190.000 años) es  $r=0,00002$ ; a esa tasa una población duplica su tamaño cada 35.701 años (1.785 generaciones)

terrestre acumuló tal colección de pautas de comportamiento, diversidad no observada en ninguna otra, y que hasta la invención de la escritura, esas pautas hubieron de ser transmitidas por imitación y tradición oral, fundamentalmente.

### 1.3. Migraciones modernas vs migraciones ancestrales

La gente migra, ese es un hecho. Pero podemos diferenciar dos tipos de procesos migratorios, las *migraciones modernas*, aquellas que transcurren por la *terra patria* de una sociedad diferente a la que instruyó al migrante, y *migraciones ancestrales* o *primipoblamiento*, aquellas en la que la población migrante ha de *entablar relaciones* con la *terra ignota* a la que entra, y que en algunos casos cultivará hasta convertirá en su *terra patria*.

Aunque hay eventos de *primipoblamiento* en época histórica, estos ocurren en territorios mucho más angostos, más *humanizados*, y protagonizados por una población con un *equipamiento* superior, en todos los sentidos, al de las poblaciones del Pleistoceno.

Diferenciamos entre *migraciones* y *primipoblamiento*, entre otras cosas, por la diferencia de velocidad de propagación que se produce en ambos procesos. Los *bienes sociales*, incluidos genes e ideas, viajan mucho más rápido a través de las redes culturales que conectan diferentes *terra patria* que a través de *terra ignota*. Para ilustrar esta diferencia utilizaré un ejemplo de época histórica; convengamos que el arte románico se *dispersó* desde Cluny por toda Europa en unas 10 generaciones (200 años) como resultado de un proceso de *migración cultural moderna*.

Entre otros factores, la técnica constructiva se propagó en un tiempo relativamente *breve* porque la migración se produjo a través de sociedades diferentes pero que llevaban muchas generaciones conectadas a una misma red cultural previa: Roma, el cristianismo.... De haberse dispersado mediante *primipoblamiento*, los borgoñones del siglo X, además de la idea constructiva, tendrían que haber aportado la población que localizara las canteras locales y posteriormente construyera cada uno de los templos románicos que se encuentran dispersos por Europa, pero al ritmo de crecimiento demográfico del Medioevo (*velocidad de propagación*), en los dos siglos que duró la expansión del románico, los descendientes de los borgoñones apenas habrían tenido gente suficiente para poblar una pequeña aldea vecina.

Cuanto más nos acercamos a los tiempos recientes, y por tanto a densidades demográficas más altas y redes más dinámicas, la *velocidad de propagación cultural* aumenta significativamente. Sin embargo, durante el Pleistoceno esa *velocidad* podía ser sumamente baja, incapaz de cubrir los jalones que marca el OAR, como veremos en el caso del poblamiento americano.

## 2. POBLAMIENTO AMERICANO

Sin duda, la mayor *velocidad de propagación vegetativa* que demanda el cronograma del OAR se la exige a los Paleoamericanos.

En su libro sobre «Los Estragos de la Conquista» (2005), Livi Bacci, un demógrafo italiano, explica el poblamiento del Hemisferio Occidental como el resultado de tres viajes. El primero de ellos (el que nos atañe a nosotros) «*es el más antiguo, es el que emprendió quince o veinte mil años ha un cazador siberiano (...) abriendo el camino a una lenta migración (a través de Beringia) que, a la vuelta de mil o dos mil años, determinó el disperso asentamiento de todo el continente, hasta la Patagonia. Un viaje de veinte mil kilómetros, a la no despreciable velocidad de diez o más kilómetros al año, hacia territorios desconocidos y no siempre hospitalarios.*»

El resumen de Livi Bacci nos ofrece la síntesis del relato oficial sobre el Primer Poblamiento Americano, y si lo escuchamos bien, viene a decirnos que los descendientes de una pequeña población adaptada a ecosistemas árticos empleó entre 50 y 100 generaciones (el doble de tiempo que la semilla islandesa, pero muchos miles de años antes) para crecer, poblar y adaptarse a la mayor colección de ecorregiones de todos los continentes.

Las Américas son dos grandes masas de tierra que arrancan en los 70° N y se clavan en el Hemisferio Sur más allá que ninguna otra tierra habitada. En conjunto casi son un tercio más grandes que África, y también más biodiversa, a pesar de lo cual, el OAR estima que los HAM emplearon 70 veces más tiempo en el proceso e dispersión por África que por el Hemisferio Occidental.

El resumen de Livi Bacci también determina dos momentos claves del modelo de poblamiento americano, el primero cuando los HAM solo tienen presencia en la Beringia americana, algo que ocurre, según el Nuevo Consenso, entre 26.000 y 18.000 años, esta última fecha coincide con el *momento deglaciación*, cuando los masivos inlandsis que cubren casi todo el norte de América del Norte comienzan a retroceder, y el segundo momento hace 12.000 años, por poner una fecha redonda a lo que Livi Bacci llama «disperso asentamiento», cuando hacia *finales de la etapa paleoindia* el rastro humano ya está documentado en casi todas las grandes ecorregiones del Hemisferio Occidental, desde Alaska a La Patagonia, desde el Atlántico hasta el Pacífico y desde las tierras altas de los Andes a la Amazonia.

#### 1.4. Poblaciones Ocultas

Hace 3,7 millones de años, 3 individuos de la subtribu Australopithecina caminaron sobre las cenizas volcánicas del Sadiman en Laetoli. Tras un cúmulo infinito de circunstancias afortunadas, una pequeña parte de aquel paseo fue recuperado para la memoria humana. Aunque lo más probable es que a 185.000 generaciones de aquel suceso, las de Laetoli sean huellas de *individuos sin descendencia*, los caminantes solo supondrían, como máximo, un 0,003% de la población efectiva del sistema inmunológico. Los más de 99.997 individuos *off the record* de esa generación son **Poblaciones Ocultas (PO)**.

A ciencia cierta no podemos conocer su ubicación geográfica porque el rastro fósil se ha perdido, pero si podemos estar seguros de su existencia porque dejaron una descendencia de más de 7.000 millones de individuos y la más increíble diversidad cultural de una especie de la biosfera.

Con la etiqueta *PO* queremos reivindicar en primer lugar el carácter continuo del poblamiento humano, una carrera de relevos muy larga que implicó a una población considerable: más de 300.000 millones de relevos generacionales ( $N_e > 100.000$ ; tiempo=3.000.000 generaciones), un tamaño de población infra-representado por el registro fósil arqueológico.

Imaginemos las *Poblaciones Ocultas* como una simple *retícula* que colocamos sobre un mapa, compuesta de *nodos primarios* que representan *bandas* de 25 individuos y *nodos secundarios* que representan *clanes* o redes matrimoniales de 500 individuos. Los nodos PO cambian de color en función de la ecorregión sobre la que están situados: tonos azul en las ecorregiones árticas, tundras o taigas; tonos verde oscuro en las ecorregiones boscosas o praderas; tonos amarillo y marrón para ecorregiones mediterráneas, sierras templadas, terrenos áridos o desérticos; y verdes brillantes para las ecorregiones húmedo-

cálidas. El color nos sirve para representar el *sistema lógico*, las rutinas con las que se conduce cada banda, cada clan... en la ecorregión que habita.

Cada nodo primario representa un grupo teórico de 25 individuos con una esperanza de vida al nacer de 35 años, distribuidos por edades del siguiente modo: 10 de ellos están por debajo de los 20 años, 12 entre 20 y 60; y por encima de esa edad solamente 3 individuos *ancianos*.

Según Kaplan (2000, 1996), el grupo entre 20 y 60 años es el único que aporta más de lo que consume, son los *contribuidores netos*. Dentro de la lógica simplificadora de las retículas PO, convengamos que este grupo está compuesto por los individuos que aplican con mayor eficiencia el *sistema lógico* con el que se conduce esa banda, que el grupo sub 20 lo integran individuos en diferentes fases de aprendizaje del sistema lógico y que los tres *ancianos* son los instructores y *depositarios* de la *memoria social* de la banda.

Los *nodos primarios* funcionan como *células*, aunque puedan sobrevivir independientes, encuentran seguridad y alcanzan su verdadero potencial cuando están integradas en un *órgano* (clan, red social, red cultural...). En primer lugar por cuestiones relacionadas con la supervivencia de la propia *banda*, dejando a un lado los problemas de consanguinidad, un grupo tan reducido necesita integrarse en una red matrimonial (red genética) simplemente para emparejar a sus jóvenes. La cohorte anual de nacimientos necesarios para sostener una pirámide demográfica de 25 individuos es un número racional: 0,7 hijos por año, lo que implica que en esa pirámide, entre 15 y 20 años, y tras el efecto mortandad, haya 1,02 mujeres y 1,03 hombres. Es evidente que existen muchas probabilidades que esos 2,05 individuos que están en el escalón anterior a convertirse en progenitores y *proveedores netos* sean del mismo sexo.

En un *clan*, una pirámide demográfica de 500 individuos, la cohorte anual ronda 14,25 nacimientos, lo que permite que entre 15 y 20 años haya 22 parejas, en cualquier caso sigue siendo un número pequeño para que el equilibrio del sex ratio se mantenga estable durante muchas generaciones seguidas. A largo plazo, incluso el clan necesitará extender sus redes para buscar pareja para algunos de sus hijos.

Durante la etapa recolectora, las sociedades humanas, sometidas a estrés reproductivo, solo pudieron asegurar su pervivencia empleando todos los recursos de fertilidad disponible. Dado que la recolección obliga a las sociedades humanas a organizarse en unidades de población poco numerosas, en función de la capacidad de producción de biomasa de la ecorregión que habiten, la estrategia de recolección puede implicar una *ocupación* de varios cientos de kilómetros cuadrados. Por tanto, la *red genética* es la primera red social que conecta bandas, clanes... poblaciones diferentes. La existencia de una *red genética humana global* está confirmada por la coalescencia de toda la variedad mitocondrial actual en el haplotipo de *Eva Mitocondrial*. Si el cosmopolitismo humano, caracterizado por sociedades adaptadas e instaladas en una inmensa diversidad de ecorregiones, ha llegado a formar una *red genética global* es porque, o bien, lo fue desde el inicio (mito de Adán de Eva), en cuyo caso además de haber heredado los *apellidos* genéticos de la pareja primigenia, también habríamos heredado todo el genoma humano y la mayor parte de todos sus polimorfismos, o bien porque el *apellido* mitocondrial de Eva se fue imponiendo al de las otras madres con las que compartió generación, al menos al de las 49.999 madres ancestrales que necesita la deriva genética actual de los genes DRB1.

Se trata de dos escenarios muy diferentes. El relato *oficial* del poblamiento humano se ha construido teniendo en mente el primer escenario, la *premisa*, según la cual todos provenimos *exclusivamente* de un Adán y una Eva, aunque en realidad sabemos que el

escenario correcto es segundo: genéticamente somos herederos de una población de al menos 100.000 individuos, aunque, en mi opinión, la colección de sistemas lógicos que exhibe el género *Homo* necesitan una capacidad de memoria oral todavía mayor. En cualquier caso, y en el estado actual de nuestros conocimientos, todos los *clanes* actuales llevan un apellido mitocondrial con la raíz del de Eva: yanomamis, bereberes... escoceses, inuits, kung... aunque ignoren la existencia de los *otros*, están conectados entre ellos a través de sus genes: Como especie «tenemos una diferenciación genética interpoblacional más parecida a una bacteria que a [...] un organismo superior<sup>15</sup>». (Fontdevilla y Moyá, 1999).

Y en segundo lugar, por la significativa ampliación de la **capacidad de memoria** de esa sociedad al pasar de los 2,68 *ancianos* de una banda a los 54,63 de un clan, algo que se relaciona de forma directa con el tejido social que pueden establecer; ya que en mi opinión, la capacidad de memoria de una sociedad está relacionada la capacidad para almacenar y acceder a una mayor diversidad de **sistemas lógicos**.

Las **Poblaciones Ocultas** también permiten que nos hagamos una idea aproximada del territorio que podrían ocupar siguiendo los cálculos de F.A Hassan (1981). Según sus estimaciones, la producción de biomasa de la sabana permitiría que dos núcleos móviles, dos bandas vecinas, disten entre sí un mínimo de 8,6 km, mientras que un clan (20 bandas, 500 individuos) ocuparía un área de casi 1.200 km<sup>2</sup>. En la estepa estas cifras aumentan a 13,7 km y 3.000 km<sup>2</sup>; en bosque xerófilo a 30 km y 14.300 km<sup>2</sup>; mientras que en el ártico la distancia entre bandas llegaría a los 61 km y el territorio de un clan rondaría los 60.000 km<sup>2</sup>.

### 1.5. Origen Beringia

Desde principios del siglo XX el problema del poblamiento americano se redujo a determinar el momento exacto en el que el Hombre **entró** en Beringia. La puerta de acceso, el estrecho de Bering, en si misma nunca fue cuestionada<sup>16</sup> a pesar de que impone severos condicionantes a la rápida *diáspora paleoamericana* que plantea el OAR: una ubicación ultra periférica y una población inicial pequeña que Hey (2005) estima en 80 individuos.

El *Consenso Clovis* que duró buena parte del siglo XX consideraba que la **entrada** se había producido hacia unas 675 generaciones (13.500 años) y que 25 generaciones después (una cuarta parte del tiempo que emplearon los islandeses en poblar su *terra patria*), los descendientes de los 80 paleoamericanos se habían dispersado desde el Ártico hasta la Patagonia por decenas de millones de km<sup>2</sup> dejando su rastro en una gran variedad de ecorregiones diferentes: árticas, bosques de montaña, praderas, xerófilas, alta montaña....

Merece la pena reflexionar sobre lo que significa dentro del esquema general de la **diáspora humana** situar la entrada al Hemisferio Occidental en un punto tan periférico como Alaska. En líneas generales podríamos describir el **viaje del Hombre** como un viaje hacia el **equipamiento**, entendiendo esta etiqueta como el resultado de adaptaciones tanto somáticas como instrumentales y culturales a las diferentes ecorregiones que el

<sup>15</sup> Aunque también es cierto que existe tanta diversidad dentro de los grupos como entre las «razas: «En estudios realizados agrupando los individuos que tradicionalmente asignamos a una de las tres grandes razas humanas (mongoloide, negroide y caucasoide) los valores  $F_{IT}$  demuestran que hay tanta diversidad entre razas humanas como entre tribus Yanomamos». Fontdevilla y Moya (99, 217) Fontdevilla y Moyá (1999, Pág. 218).

<sup>16</sup> Florentino Ameghino, un eminente científico autodidacta argentino consideraba que el hombre era originario de La Plata y que habría poblado el resto del planeta saliendo a través de Beringia. Para el geólogo argentino, Bering no era la puerta de entrada, sino la salida.

género *Homo va cultivando*. Un viaje que llevará a una especie de origen tropical a sobrevivir, con el equipamiento adecuado, en la tundra ártica. Sin embargo, en el caso americano el punto de entrada ultra periférico obliga a las poblaciones recolectoras de Beringia a realizar un viaje doble, primero hacia el **des-equipamiento** en el proceso de **primipoblamiento** que los conducirá hacia la selva húmedo-cálida de América Central, y de nuevo un viaje de **re-equipamiento** instrumental y somático (adaptaciones a la altitud: aimaras, urus, quechuas y kallawayas; y adaptaciones al fenotipo pigmeo: yanomamos y hiwi) en su viaje hasta Tierra de Fuego.

Pero lo cierto es que las poblaciones adaptadas al ártico nunca se han mostrado proclives a abandonar el **equipamiento** que han adquirido. Los inuits, por ejemplo, se han extendido por el vasto norte americano ocupando aquellas ecorregiones donde su **sistema lógico** y su **equipamiento** eran más eficientes, y hasta donde se sabe jamás han mostrado el más mínimo interés por meter familias y equipamiento en sus trineos y dirigirse hacia el sur.

A inicios del siglo XXI la **entrada** a las Américas tuvo que ser aumentada desde 675 generaciones de Clovis First hasta las 900 del **Nuevo Consenso**. La actualización de la fecha de entrada vino impuesta por la existencia, sin ningún género de dudas, de rastro humano pre-Clovis en las colinas y montañas boscosas de Valdivia, en el Sur de los Andes (Monteverde II) a más de 14.000 km en línea recta del estrecho de Bering y a unas 250 generaciones de distancia (5.000 años<sup>17</sup>) del horizonte Clovis, que hasta ese momento se consideraban los primeros rastros humanos en Las Américas.

El **Nuevo Consenso** (NC) acepta el poblamiento de *Beringia* durante el último máximo glacial, entre 26.000 - 18.000<sup>18</sup> años atrás, y hace coincidir el inicio de la **diáspora paleoamericana** (18.000 años) con el inicio de la deglaciación.

En realidad los reclamos pre-Clovis no se ciñeron a un horizonte más o menos cercano a la cultura de las puntas acanaladas, en los años 70 Louis Leakey reclamaba un horizonte del Paleolítico Inferior para Calico Site, en California, a cuya investigación dedicó los últimos años de su vida. El equipo que investiga más de 800 yacimientos en la Serra da Capivara bajo la dirección de Niede Guidon asegura que el rastro humano en esa zona de la Caatinga brasileña tiene más de 2.500 generaciones frente a las 675 del rastro Clovis más antiguo, pero ni el Consenso Clovis en su día, ni el Nuevo Consenso consideran rastro humano los vestigios más antiguos de esos yacimientos.

## 1.6. Dos distribuciones PO, dos momentos del poblamiento americano

Tanto para el OAR como para NC, la **1ª distribución PO** en el Hemisferio Occidental durante el **momento deglaciación** (hace 900 generaciones) se reduce a una única y pequeña retícula de nodos azules situada sobre la Gran Beringia con su epicentro demográfico sobre **Alaska Central**.

La Gran Beringia es un subcontinente intermitente en función del nivel que alcancen las aguas oceánicas, cuando están en su nivel más bajo lo conforman las regiones montañosas que se extienden a ambos lados del estrecho de Bering, desde los montes Verjoyansk, la vertiente este del río Lena (entorno a 140°E) hasta Territorio Yukon en Canadá (en torno a los 130°W), un inhóspito territorio montañoso de unos 4.000 km de

<sup>17</sup> Monte Verde II: 18.500 años AP (Dillehay et.al.: 2015)

<sup>18</sup> Se estima que el pico del Último Máximo Glacial ocurrió hace 24.500 años y que la deglaciación comenzó hace unos 18.000 años.



ancho. La mayor parte de la Beringia emergida se encuentra sobre el continente asiático (Siberia Oriental). El rastro humano anterior al horizonte Clovis (13.500 años) presente en esta zona de Beringia se reduce a unos pocos yacimientos muy dispersos entre si y más próximos a Alaska que a ningún otro rastro humano de la vasta Siberia.

*Ushki Lake* en el centro de la Península de Kamchatka fue datado inicialmente como pre-Clovis, pero tras la revisión de Gooble et al. publicada en 2003, en el mejor de los escenarios sería contemporáneo de la variada y extendida industria lítica paleoindia. El segundo yacimiento es *Berelekh*, un cementerio de mamuts a la altura del círculo polar,

datado en 13.500 años, aunque los arqueólogos rusos que lo estudiaron consideran que la intervención humana en la formación del cementerio de mamuts es cuestionable (Pitulko et al.: 2009) y se inclinan a pensar que los escasos humanos que estuvieron por allí se encontraron a los animales ya muertos. El tercer yacimiento, *Yana RHS*, también está sobre el círculo polar, y también proporciona un rastro humano débil datado en 27.000 años.

La huella humana en la Beringia americana tampoco es muy grande, se reduce a unos 30 sitios anteriores a 10.000 años, aunque en algunos casos como *Bluefish Cave*, Yukon, Canadá, el rastro se inicia hace unos 24.000 años (Bourgeron et al.: 2017), aunque la mayor parte de los sitios proporcionan fechas contemporáneas a Clovis o posteriores. En cualquier caso, y con el registro arqueológico actual, el *epicentro demográfico* de la retícula PO sobre Beringia debemos situarlo en *Alaska Central*.

Para el *Nuevo Consenso* la presencia humana al sur de los Inlandis anterior al *momento deglaciación* es nula, los únicos *nodos* PO que podemos ubicar sobre Las Américas en la distribución de hace 900 generaciones son unos pocos nodos de color azul entorno a *Alaska Central* y, como mucho alguno desperdigado por Kamchatka y la actual costa norte de Siberia Oriental.

Antes de enfrentarnos con la segunda distribución, la de hace 600 generaciones (12.000 años), abramos el campo de visión hasta incorporar al cuadro la distribución PO en el Viejo Mundo, y veremos que ecorregiones como el Fértil Creciente, la cuenca del Yangtsé-Rio Amarillo, el valle del Nilo... están ocupadas por nodos de colores variados, es decir sociedades con sistemas lógicos diversos gracias a una buena capacidad de memoria oral. Destacamos estas ecorregiones del Viejo Mundo porque a la vuelta de unos cuantos milenios serán cuna de la agricultura temprana, junto con Meso América y Andes Centrales, que según NC todavía permanecen desiertas.

Al abrir el campo, vemos que ya desde antes del momento deglaciación, los ancestros de los agricultores del Viejo Mundo ya habían iniciado el dialogo con las comunidades biológicas de las ecorregiones donde surgirá la agricultura temprana, y tal vez a descubrir algunos de los secretos que encierra el biotopo. Por el contrario, los ancestros de los agricultores americanos todavía son *instruidos* en los *sistemas lógicos* del Ártico y se encuentran a miles de kilómetros de los biotopos donde sus descendientes domesticaran maíz, patatas, calabazas, frijoles, algodón, cacao, tabaco, coca, pimientos, tomates...

Según Bonavia (1993), la domesticación significa la transformación de una planta poco eficiente para la alimentación humana pero capaz de reproducirse por sí misma, en una planta altamente eficiente para la alimentación pero incapaz de reproducirse por sí misma. Es un proceso que implica entre 3.000 y 4.000 años de propagación selectiva (Bonavia: 1993). Si damos por ciertas las dataciones más antiguas de semillas domesticadas encontradas en Andes Centrales y Mesoamérica, y consideramos los tiempos de Bonavia, debemos suponer que mientras sus contemporáneos norteamericanos volcaban su *creatividad* en la *industria* lítica y dejaron una huella fósil muy clara, los andinos y mesoamericanos volcaban la suya en la agricultura y dejaron una profunda huella culinaria en la despensa de la humanidad.

Para que se cumpla el calendario del OAR y del NC no basta con acelerar la velocidad de propagación humana hasta velocidades próximas a las que alcanzó hace pocas generaciones, sino que además tendrán que superar el *cuello de botella genómico* que supone la pequeña población ártica para alcanzar la gran diversidad genética de Las Américas, y que las *adaptaciones* y *mutaciones culturales* ocurran de forma instantánea

y permanentemente para que las sociedades del hemisferio occidental consigan la colección de **sistemas lógicos** que necesitarán para producir *tejidos sociales* homólogos a los del neolítico del Viejo Mundo.

Para que una sociedad organizada en unidades del tamaño de un clan evolucione hasta una sociedad de organización estatal tiene que *acumular* en su interior infinidad de mutaciones culturales, y en la época de la que estamos tratando, la mayor parte de ese almacenaje se hace por tradición oral.

Si una *necesidad social*, o el estrés que provoca en esa sociedad, es un buen catalizador para los cambios, la percepción de la disminución de los recursos disponibles de una ecorregión como consecuencia del incremento de la **densidad demográfica** puede propiciar cambios trascendentales en una buena parte de los **sistemas lógicos** que aplica esa sociedad. Ahora bien, la **densidad demográfica** alta se puede producir por crecimiento vegetativo de la población o por deterioro medioambiental, o una mezcla de ambos procesos. Cualquiera de las combinaciones puede hacer que los recursos tradicionales per cápita descendan y ante esa percepción las sociedades se estresen y tiendan a actualizar y diversificar sus **sistemas lógicos** con el objetivo de seguir manteniendo «*relaciones estables*» con la tierra de sus ancestros. El progreso cultural permanente es un desarrollo indispensable de la territorialidad, a través de la mejora y diversidad de los **sistemas lógicos** las sociedades buscan hacer más eficientes los recursos y satisfacer el aumento de la densidad demográfica en su ecorregión, por tanto, no basta que unos cuantos clanes recolectores lleguen a América Central y Andes Centrales para que prenda la mecha de la estatalización, tienen que sentir la necesidad de dar ese paso, además de crear y almacenar los sistemas lógicos que lo permitan. En mi opinión, el proceso para alcanzar el estadio de civilización en Las Américas necesita un tempo y unos ingredientes similares a los que condujeron al Viejo Mundo en sus procesos de civilización.

La **2ª distribución PO** la datamos hacia finales del período paleoindio, hace unas 600 generaciones. Solo han pasado 300 entre ambas distribuciones (18.000 – 12.000 años AP). En este tiempo la deglaciación ha abierto el Corredor Alberta; el pasillo libre de hielo por fin conecta Alaska Central con las Grandes Praderas.

Según la investigación de un equipo multidisciplinar encabezado por Mikke W. Pedersen (Pedersen et al.: 2016), el Corredor Alberta comenzó a ser practicable hace 12.600 años, unas 15 generaciones después de que los paleoindios hubiesen abandonado el estilo de talla clovis.

Durante el horizonte Clovis, el Corredor Alberta muestra evidencia de ser una estepa; unos mil años después (12.600 AP) la estepa se había transformado en bosque abierto y hace unos 10.000 años en bosque boreal. A juicio de los investigadores, estos indicios hacen poco probable que los paleoindios anteriores a 12.600 años hubieran podido utilizar el Corredor Alberta para comunicarse con Alaska Central.

A pesar de la operatividad del Corredor Alberta, para la **2ª distribución PO** todavía podemos utilizar los inlandsis como frontera interna, al norte continúa la retícula de *Alaska Central* sin cambios remarcables, unos cuantos nodos azules en torno a Alaska Central, Territorio Yukon y el corredor Alberta.

Al sur de los inlandsis la distribución se hace más compleja. Para situar el **epicentro demográfico** del continente boreal hemos recurrido a la fantástica base de datos PIDBA (Paleoindian Database of the Americas) de la Universidad de Tennessee que clasifica y ubica geográficamente casi 6.000 sitios paleoindios dispersos por el actual territorio de

Canadá, EE.UU. (incluida Alaska) y México. Entre los materiales catalogados en PIDBA destacan 11.000 puntas acanaladas. La serie la inician las puntas estilo Clovis datadas entre 13.200 y 12.900 años atrás que se dispersan al Este de las Rocosas por un territorio de varios millones de km<sup>2</sup> y con una concentración muy alta al este del Mississippi. A Clovis le sucedieron otros estilos acanalados: la tradición Folson, Gainey, Suwannee-Simpson, Plainview-Goshen, Cumberlan... así hasta 58 estilos diferentes con los que Pidba clasifica los artefactos procedentes de casi 6.000 yacimientos dispersos por prácticamente todas las ecorregiones libres de hielo de América del Norte y que data entre 13.500 y 12.000 años atrás, abarcan por tanto, unas 75 generaciones. El *epicentro* de la huella que registra Pidba se corresponde con las coordenadas de un punto ubicado muy cerca del Golfo de México, a unos 150 km al norte de Huston (Texas) y a más de 6.000 km del estrecho de Bering.

Si al norte de los inlandsis, tanto para la distribución PO de hace 900 generaciones como para está de hace 600, nos bastó determinar el *epicentro demográfico* y dispersar unos cuantos nodos azules a su alrededor para hacernos una idea del territorio que podían ocupar las *poblaciones ocultas* al sur del inlandsis, el asunto es diferente. La huella paleoindia es tan *amplia*, en todos los sentidos, que las fronteras de la *retícula del Golfo de México* distan mucho del epicentro, y por supuesto, necesitaremos prácticamente todos los tonos de la paleta para marcar la diversidad de *sistemas lógicos* que existen al sur de los inlandsis.

Para estimar el territorio que puede ocupa la población del Hemisferio Occidental a finales del periodo paleoindio, tendríamos que hacernos antes una idea del tamaño de esa población. Si utilizamos el registro fósil de PIDBA, solo con datos del continente Boreal, y consideramos que detrás de cada yacimiento se oculta un *clan* (500 individuos) obtendríamos un tamaño de población (2.865.500 individuos) superior al que HYDE (History Database of the Global Environment) estima para el conjunto del planeta.

Alentados por el modelo Clovis-First, que dibujaba a los Paleoamericanos como una especie de súper hombres, en los años 70, Paul S. Martin desarrolló la teoría del *overkill* que explicaba la extinción de algunas grandes herbívoros a finales del Pleistoceno como consecuencia de la sobre caza que el Hombre habría practicado. Esta visión desproporcionada de las capacidades cinéticas de las poblaciones del paleolítico le llevó, a él y otros autores, a valorar un tamaño de población paleoindia por encima de las estimaciones globales de HYDE.

El territorio por el que se dispersan los sitios paleoindios abarca prácticamente todas las grandes ecorregiones americanas libres de hielo. Incluso la presencia humana en la frontera glacial, justo al pie de los inlandsis, está documentada desde época pre-clovis en la larguísima estratigrafía de Meadowcroft Rockshelter, Pennsylvania, que como mínimo comienza hace 19.000 años y termina en tiempos históricos.

Así las cosas, y con la simple intención de hacernos una idea, convengamos que el tamaño de la población que oculta la huella paleoindia en los dos continentes que integran el Hemisferio Occidental oscila entre un mínimo de 1.000 clanes y un máximo de 3.000 (20.000- 60.000 bandas; 0,5 -1,5 millones de habitantes), si le aplicamos los números de Hassan tendríamos una ocupación entre 5 y 11 millones de km<sup>2</sup>, entre una décima parte y un cuarto de la superficie total del doble continente.

Cada uno imaginará su distribución ideal, pero antes que la desproporción del registro arqueológico entre ambos continentes nos induzca a estimar una desproporción demográfica similar, deberíamos tener presente otros indicios culturales como la agricultura

temprana, que al parecer surge de manera independiente en ambos continentes, y los fenotipos tan característicos del continente austral como yanomamis o quechuas, entre otros. ¿Había individuos con estos fenotipos entre los nodos azules de la retícula de Beringia, o son fenotipos *cultivados* en el Hemisferio Occidental? Bonavia estimaba el tiempo de domesticación de plantas en 3.000-4.000 años de propagación selectiva, lo que equivale a ese mismo número de generaciones en plantas anuales como las solanáceas o las leguminosas, ¿Cuántas generaciones de *propagación selectiva* implica el fenotipo pigmeo de yanomamis y hiwis?

Como es conocido, este fenotipo se caracteriza por una estatura inferior a la media humana y se encuentran desperdigado por diferentes ecorregiones de selva húmeda en África (efé, biaka y mbuti: 1,43-1,53 cm), Asia (ongge: 1,51 cm) y América (yanomamo y hiwi: 1,52-1,56 cm). George H. Perry y Nathaniel J. Dominy (2009) sostienen que el fenotipo pigmeo es el resultado de la adaptación a ecosistemas poco adecuados para las poblaciones humanas, por lo que para contrarrestar el estrés reproductivo causado por el efecto de la mortalidad, amplían su *Tiempo Fértil* deteniendo su desarrollo a la edad de 12 años para iniciar su madurez sexual varios años antes que otras sociedades. En mi opinión, la distribución de un fenotipo humano tan especializado por ecorregiones de selva húmeda de tres continentes es difícil de explicar a la luz del Origen Africano Reciente.

El registro arqueológico del Continente Austral, aunque no tan numeroso como el del Continente Boreal, tiene documentada la presencia humana en todas sus grandes regiones geográficas para finales del período paleoindio.

En el norte del continente austral podemos ubicar tres retículas:

1-retícula: **Caribe**, respaldada por los restos de Taima-Taima, un sitio de caza de Mastodonte ubicado en Venezuela, en las Colinas y Planicies Bajas del Caribe donde se encontró una colección de puntas de estilo El Jobo entre las que abundan unas bi-puntas gruesas fabricadas en piedra arenisca que preceden en unas 50 generaciones a las puntas clovis. Este estilo caribeño se relaciona con otras puntas encontradas en Panamá, pero también en Monte Verde (Chile).

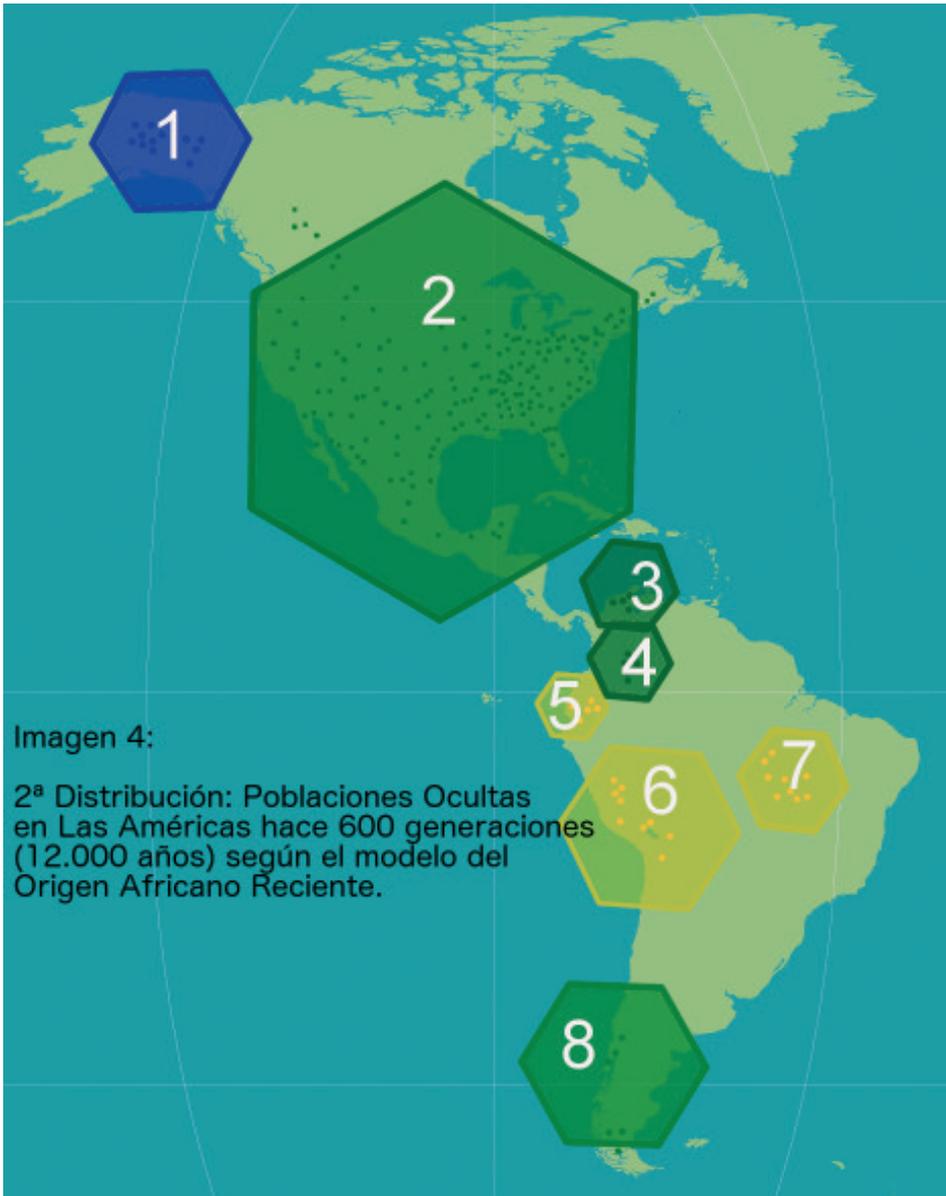
2- retícula: **Andes Norte**, respaldada por los restos del campamento taller de El Inga, en Ecuador, donde se encontró una variada colección de puntas de lanza talladas en basalto y obsidiana.

3- retícula: **Altiplano Cundiboyacense**, respaldada por los restos de los abrigos rocosos de El Abra en Colombia, en la Cordillera Oriental.

En el centro y sur del continente Austral podemos ubicar al menos otras 3 retículas PO.

4- retícula: **Andes Centrales**, respaldada muy pobremente por el registro fósil pero otros indicios como la civilización de Caral, al norte de Lima, contemporánea de Egipto, Sumer, India y China, la agricultura temprana... en definitiva, la explosión cultural que se producirá en esta región a la vuelta de unos siglos sugiere una agitación social que muy probablemente se pudiera apreciar ya hacia finales del período paleoindio.

En cualquier caso, la actividad humana está inequívocamente contrastada en la cueva Piquimachay, a unos 450 km al sur de Lima, Perú; fue datada por MacNeis en 20.000 años, aunque ahora se considera más probable que los restos líticos de 12.000-13.000 años atrás sean los primeros producidos por humanos: herramientas diversas talladas en basalto, calcedonia, pedernal y cuarcita. A algo más de 300 km al norte de Lima, la cueva de El Guitarrero fue descubierta y estudiada por Thomas Lynch, el rastro más antiguo, toscos artefactos líticos y fragmentos óseos humanos, fueron datados en 13.000 años.



5- retícula: *Tierras Altas*. En la cuenca del Amazonas el rastro humano más antiguo es de 11.310 años, los estratos 17 y 16 de la Caverna de Pedra Pintada en el estado de Pará, Brasil, donde se encontraron varias herramientas fabricadas en cuarzo y calcedonia. Algo más hacia el sur este, en las sierras centrales de Brasil, se halla el complejo de Pedra Furada con una estratigrafía que va desde hace 59.000 a 5.000 años, incluido arte rupestre de hace 11.000. Pedra Furada está en la misma situación que otros sitios que desafiaron el modelo Clovis-First, envuelto en agrias controversia a causa de dataciones y artefactos, en cualquier caso el poblamiento humano en A Serra da Capivara está acreditado para finales

del periodo paleoindio. Por tanto podemos ubicar esta 5ª retícula al este de Brasil apuntando hacia la vertiente sur del Amazonas.

6- retícula: **Andes Sur**. El sitio de Monte Verde, en el sur de Chile, fue la prueba definitiva que quebró el Consenso Clovis. Su *huella* dejaba muy claro que las sociedades que tallaron las puntas acanaladas en América del Norte no fueron las primeras sociedades en hoyar suelo americano, porque a más de 10.000 km en línea recta y 5.000 años antes que los talladores clovis ya existían sociedades perfectamente adaptadas a las colinas y montañas boscosas de Valdivia. A día de hoy, la *huella* de Monte Verde II se inicia hace unos 18.500 años e incluye restos de arquitectura residencial en madera, materiales líticos culturales, plantas pertenecientes a 55 taxones locales, 9 tipos de algas, 7 de ellos comestibles, patatas silvestres, huesos de diferentes animales, incluidos mastodontes...

Al sur de la Patagonia, en sitios como: Los Toldos, Piedra Museo o Cueva del Medio comienza a observarse rastro humano algunas generaciones después del período paleoindio, pero un estrato lítico de la cueva Fell proporcionan fechas de radiocarbono de más de 11.000 años, por tanto bien podríamos extender esta 2ª distribución PO desde el extremo sur del Continente Austral, donde se localiza la cueva Fell, hasta Alaska Central.

Según el relato del OAR y el NC, 300 generaciones separan ambas distribuciones. La *transición* desde una pequeña retícula de nodos azules dispersa por unas centenas de miles de km<sup>2</sup>, a las 8 retículas de todos los colores dispersas por varias decenas de millones de km<sup>2</sup> implica una **velocidad de propagación vegetativa**, y de creatividad cultural, muchas veces más rápida, no solo que las 433 generaciones por duplicación obtenida de la lectura más radical del OAR, sino también, ...» a *la no despreciable velocidad de diez o más kilómetros al año, hacia territorios desconocidos y no siempre hospitalarios*» de Livi Bacci, porque las poblaciones humanas no crecen alineadas en un vector que apunta directamente hacia algún yacimiento especialmente significativo, sino que lo hacen poblando ecorregión tras ecorregión.

### 1.7. Entrada ultra periférica: Beringia

El estrecho de Bering fue la *primera idea*. La dedujo *lógicamente* José de Acosta, un jesuita español, mucho antes de que Vitus Bering, un danés al servicio del Zar, le pusiera su nombre al punto donde el Viejo y el Nuevo Mundo juegan a tocarse. El jesuita tenía fe en la **premisa** e hizo el siguiente razonamiento: Dado que los hijos de Eva son originarios del Viejos Mundo y que la tecnología para atravesar el Atlántico no estuvo disponible hasta el siglo XV, los indios solo podrían haber llegado a pie. Dado que en su época el lejano NE de América del Norte todavía estaba sin cartografiar, apostó que la ruta que habrían seguido los hijos de Eva tenía que pasar por allí, y de momento, el jesuita va ganando la apuesta.

Ya en el siglo XIX Alexander von Humboldt, con más base científica que Acosta, propuso la hipótesis del origen asiático de las poblaciones americanas y la entrada al Hemisferio Occidental a través del estrecho de Bering.

Posteriormente, algunos investigadores, a lo más que se atrevieron fue a proponer orígenes complementarios a Siberia, puertas más pequeñas por las que introducir otros ingredientes culturales con los que enriquecer el crisol americano. Paul Rivet propuso el origen polinesio, melanesio y australiano; Bradley y Stanford, a través de la solución Solutrense, el origen europeo de algunas industrias líticas paleoindias; incluso el antropólogo portugués Méndez Correia propuso la ruta de la Antártida –Tierra de Fuego.

Pero ¿por qué concita tanto consenso el origen siberiano? Aparte, claro está, de la creencia en la *premisa* del origen único del Hombre. Uno espera que la inmensa fortaleza del indubitable origen siberiano, el ultra periférico origen de toda la variedad étnica, cultural y social del Hemisferio Occidental anterior al contacto a finales del siglo XV, no se apoye únicamente en la *premisa* sino en la contundencia y claridad del rastro humano en Siberia.

### 1.1.1. Siberia

Siberia es una de las regiones más inhóspita del planeta como pone de manifiesto su baja densidad demográfica actual e histórica. En la actualidad sus 13,1 millones km<sup>2</sup> apenas acogen a 40 millones de habitantes, la mayor parte de ellos inmigrantes europeos llegados hace menos de 5 generaciones. El tamaño de la población originaria es minoritario, el primer censo de la península de Chukotka, 800.000 km<sup>2</sup> enfrente de Alaska, fue realizado en 1926, recoge 15.500 habitantes, 12.000 de ellos pastores de renos, el resto *hombres de costa*, pescadores (The Peoples of the Red Book).

Siberia se subdivide en tres grandes regiones separadas por los ríos Yeniséi y Lena, que desembocan en el océano ártico. Desde el oeste del Yeniséi y hasta los montes Urales se extienden los 2,7 millones de km<sup>2</sup> de Siberia Occidental. Una vasta llanura de unos 2.000 kilómetros de ancho formada fundamentalmente por depósitos aluviales cenozoicos.

Entre los ríos Yeniséi y Lena se extienden los 4,1 millones de km<sup>2</sup> de la meseta Central Siberiana formada por un cratón sumamente antiguo que está entrecortado por otros cañones y lagos profundos, como el Baikal. Esta meseta desciende suavemente desde las faldas de los montes Saian-Altai en el sur hasta el océano Ártico al norte. Al este del río Lena se extiende los más de 6 millones de km<sup>2</sup> de Siberia Oriental. En esta inmensa región, formada por una sucesión de cordilleras de diferentes edades que discurren en dirección norte-sur, se encuentran las tierras emergidas de lo que en su época fue la Beringia asiática. Ya vimos que el registro fósil de este territorio anterior al horizonte Clovis se reduce a unos pocos sitios desperdigados por un territorio vasto e inhóspito. El rastro de la Beringia asiática es mucho menos intenso que el de la Beringia Americana, donde, solamente el complejo Nenana en Alaska central, indica una densidad demográfica significativamente más alta que los sitios de Siberia Oriental.

El rastro siberiano de cierta intensidad más próximo a Beringia, y con ocupaciones anteriores a Clovis, se centra en el sur de Siberia Central, en la cabecera de los ríos Obi, Yeniséi y Lena. La mayor concentración, en torno a una cincuentena de yacimientos por debajo de los 55°N, se observa en una amplia región al norte de los montes Altái que podemos agrupar en torno a dos núcleos, uno al oeste del lago Baikal y otro al oeste, en la región conocida como Transbaikalia. Para hacernos una idea de la ubicación de estos sitios podemos tomar como referencia Irkutsk a orillas del lago, a más de 4.600 km en línea recta de Bering. El primer núcleo se encuentra a más de 1.000 km hacia el oeste, hacia Moscú, mientras que la Transbaikalia dista unos 500 km hacia el sureste de Irkutsk.

Los primeros restos de actividad humana, a más de 1.200 km al oeste de Irkutsk, fueron datados entorno a las 3.000 generaciones, entre **70.000 y 40.000** años atrás (Okladnikov cave, Strashnaia, Ust'-Kanskaia o Kara- Bom...). La tecnología que aparece en los niveles inferiores es talla Levallois y Musteriense típico, aunque también aparece una pequeña proporción de útiles clasificados como Paleolítico Superior. Los escasísimos restos humanos encontrados pertenecen al hombre de neandertal (dientes y fragmentos óseos procedentes de Okladnikov y Denisova).

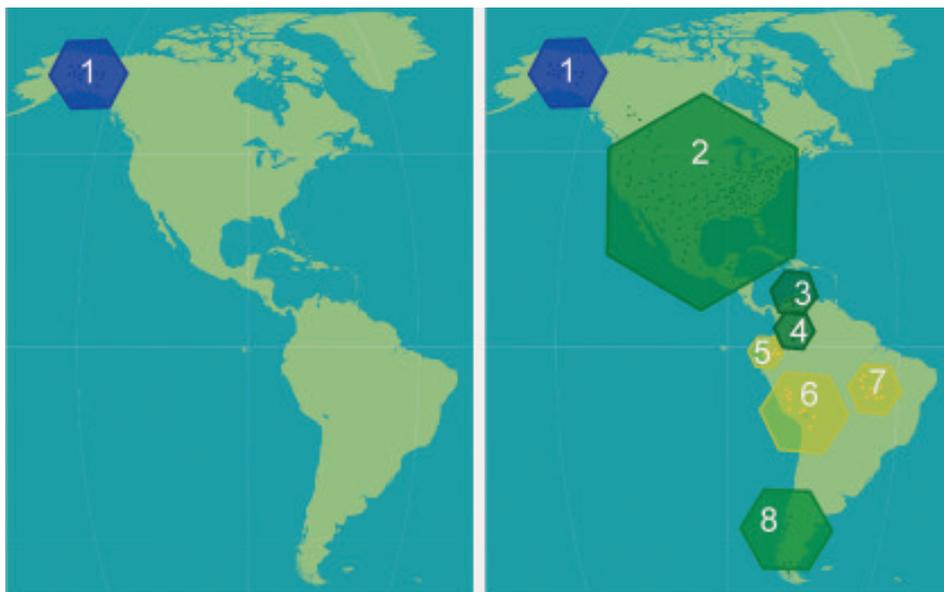


Imagen 5: Según el modelo del Origen Africano Reciente, entre ambas distribuciones solamente habrían pasado 300 generaciones.

El tramo de 500 generaciones que va entre los **40.000 y 30.000** años atrás está considerado como un período de transición entre el Paleolítico Medio y el Paleolítico Superior. La distribución territorial del rastro no varía gran cosa, continúa apareciendo por debajo de los 55°N, aunque por problemas de fechas no hay un consenso claro.

Los yacimientos del segundo núcleo, el más próximo a Beringia, (Diring, artefactos cuestionables; Ikhine y Verkhne Troitskaia), proporcionan un rastro que se puede encuadrar en el interstadio relativamente cálido que se denomina Malokheta. Las herramientas que aparecen en estos sitios tienen un estilo poco claro pero no parece que guarden relación alguna con el estilo Clovis. Los tres yacimientos están por debajo del paralelo 63°N. El más septentrional de los tres, Ikhine, se encuentra muy cerca de la frontera suroeste de la Gran Beringia, pero todavía a más de 2.800 km del estrecho de Bering en línea recta.

La frontera entre Siberia Central y Beringia Oriental es una barrera natural muy seria formada por las cordilleras Verkhoianskiv y Cherskii, una sucesión de cadenas montañosas que desde la orilla del mar de Okhotsk, al sur, se dirigen rumbo norte siguiendo, más o menos, el meridiano 140°E. Al llegar al paralelo 65°N hacen una inflexión hacia el oeste para continuar su rumbo norte siguiendo el meridiano 130°E. La cordillera Verkhoianskiv deja de ser un obstáculo orogénico importante entorno al paralelo 70°N, pero, obviamente, no deja de ser un obstáculo, de hecho en la actualidad es uno de los lugares del mundo donde se registran los inviernos más fríos.

Hace 1.300 generaciones, **26.000** años atrás, cuando el OAR estima que Beringia se empezó a poblar, el rastro humano se extiende hacia el oeste, hacia Moscú, hasta las orillas del río Angara, tributario del Yenisei y se hace algo más abundante por encima de los 55°N. Las colecciones líticas de esta época proporcionan artefactos mucho más elaborados y variados. Además comienzan a utilizarse otros materiales como astas, hueso o marfil. Las

evidencias artísticas y las prácticas funerarias son evidentes. Es probable que hombres de esta época consiguiesen adaptarse a condiciones subárticas, pero desde hace 22.000 años atrás hasta el momento de la deglaciación, el rastro humano en Siberia va perdiendo presencia.

Hace 900 generaciones, en el momento de la deglaciación, **18.000** años atrás, las condiciones climáticas se van suavizando en el sur de Siberia Central. De esta época son los primeros rastros de **microlámina**. Industrias líticas de estas características se manifiestan por primera vez en Alaska Central, en el complejo Denali, hace unas 525 generaciones (10.500 años), es la primera manifestación de una migración desde Asia hacia América, concretamente a Alaska y tardó 375 generaciones. Dado que el poblamiento en la Beringia Americana está documentando desde fechas anteriores a la aparición de la microlámina, y teniendo presente el carácter continuo de las *Poblaciones Ocultas*, nos parece más lógico pensar en la *migración cultural de un estilo lítico* que viaja sobre una red genética previa, independientemente de que haya intercambio de genes como resultado de la migración, que en un proceso de migración ancestral o primipoblamiento.

Las mejores condiciones medioambientales para afrontar la travesía hacia el corazón de Beringia se inician hace 850 generaciones. Entre **17.000** y **11.000** años atrás se aprecia un cierto incremento en el número de yacimientos de pequeñas dimensiones y estancias muy breves, lo que inicialmente se interpretó como manifestación de la alta movilidad de las poblaciones que dejaron ese rastro. Pero por otro lado, la falta de evidencia de redes de intercambio a larga distancia, la caza de proximidad sin centrarse en ninguna especie cinegética en particular, o la utilización de materias primas locales para fabricar sus herramientas, parecen indicios de poblaciones con poca movilidad, acorde con las duras condiciones geográficas de Siberia.

En cualquier caso, todo el rastro del que estamos hablando se encuentra al oeste de los montes Verkhoyanskiv, todavía fuera de la Gran Beringia. De hecho la mayoría de los yacimientos mencionados se encuentran más cerca de Moscú que de Anchorage, en Alaska.

Hace 800 generaciones, **16.000** años atrás, se empieza a manifestar la cultura Diuktai en la cuenca del río Aldán, para algunos el origen de los Paleoamericanos. Mochanov, director del yacimiento, sostenía que esta cultura se habría extendido por el este de Siberia y por el lejano noreste, sin embargo nunca se encontró rastro alguno que confirme esa hipótesis. Por otra parte, las herramientas líticas que caracterizan la cultura Diuktai no encajan con la tradición Clovis.

Otros indicios, como la diversidad lingüística también es significativamente mayor en la Beringia americana que en la asiática. Ninguna de las tres familias paleo siberianas (lenguas chucoto-camchatcas, las yacaguiras y el nikh) se habla en América. Las únicas lenguas que se hablan a ambas orillas del estrecho de Bering -el Yupik Siberiano y las lenguas Yeniseian- se clasifican dentro de dos familias lingüísticas americanas (Aleut-Eskimo y Dene-Yeniseian, respectivamente). Lenguas Yupik se hablan tanto en la península de Chukotka como en Alaska. Mientras que las dos únicas lenguas Yeniseian que todavía conservan hablantes en Siberia están emparentadas con las Na-Dene, uno de los mayores conjuntos lingüísticos de América del Norte. Estas lenguas sobreviven en Siberia Central a más de 6.000 km de sus parientes atabascanos más cercanos. Aunque eso sí, a solo 3.000 km de Magadan<sup>19</sup> (Siberia Oriental), donde se encontró una punta acanalada, casi 200

<sup>19</sup><http://www.nytimes.com/1996/08/02/world/american-arrowhead-found-in-siberia.html>

generaciones (4.000 años) más moderna que las puntas Clovis con las que guarda evidentes similitudes.

La pobreza del rastro siberiano se ajusta mejor, si acaso, a un modelo de *entrada tardía* como Clovis-First que estimaba esa entrada hace 13.500 años, que en un modelo de *entrada temprana* como el Nuevo Consenso, que retrasa ese momento hasta los 26.000 años. Se ajusta mejor porque para el momento de la entrada temprana el rastro humano en Siberia se manifiesta muy débil, por debajo de los 55°N y todavía muy alejado de los montes Verkhoyanskiv.

### 1.8. El poblamiento americano

El problema que tienen los modelos de *entrada tardía* es el registro fósil americano que como mínimo sitúa el rastro humano en América del Sur hace 18.500 años. Mientras que los modelos de *entrada temprana* tienen problemas con el registro fósil siberiano que se encuentra todavía muy lejos de la frontera con la Gran Beringia.

El horizonte de Monte Verde II está datado en torno a los 18.500 años. Las colinas y montañas boscosas de Valdivia se encuentran a más de 14.000 km de distancia en línea recta del estrecho de Bering, una distancia que no se puede alcanzar en ningún otro continente sin variar el rumbo, ni siquiera en Eurasia, donde la diagonal más larga, la que une el Cabo de San Vicente, en el Algarbe portugués, con el Estrecho de Bering es unos 4.000 km más corta.

Meadowcroft Rockshelter en los bosques de Pennsylvania y al borde de los inlandsis, tiene acreditado rastro humano anterior a 19.000 años; Cactus Hill en las planicies surorientales de Virginia 20.000 años, lo mismo que Topper Site, más al sur, en las llanuras costeras orientales de Carolina del Sur...; el yacimiento investigado por Louis Leakey, Calico site en el desierto de Mojave, 18.000 años acreditados, y 135.000 en disputa... Los rastros más antiguos al sur de los inlandsis aparecen muy dispersos y demasiado alejados de Alaska Central para considerar esta ecorregión como el epicentro demográfico y cultural de esos primeros rastros al sur de los inlandsis.

El horizonte aceptado por el NC se va alejando temporalmente del corredor libre de hielo y se va acercando al Último Máximo Glacial por lo que no debería ser una locura explorar un escenario diferente y considerar la posibilidad de la existencia en el Hemisferio Occidental de *Poblaciones Ocultas* anteriores al Último Máximo Glacial.

El modelo del OAR tiene en los procesos migratorios su eje central, sin embargo no propone ningún argumento sólido para explicar porqué sociedades fuertemente territoriales se desplazan y se adaptan a ecorregiones que están a miles de kilómetros de su supuesto origen, y además lo hacen en una época de bajísima densidad demográfica.

Antes que plantear ninguna hipótesis, merece la pena reflexionar sobre cuál puede ser el motor real que empuja a las sociedades Homo a enfrentarse a lo *desconocido*, al *primipoblamiento*, ¿qué fuerza les impulsa a abandonar lo conocido, la tierra de los ancestros?

### 3. ¿CUÁLES EL MOTOR QUE IMPULSA LAS MIGRACIONES?

¿Cuál puede ser el motor que impulsó la diáspora del género Homo? Desechamos la demografía humana como motor por su lentitud, obviamente el crecimiento demográfico humano ha hecho que nos dispersemos por el mundo, pero ahí están los inuits que lo hicieron por ecorregiones Árticas en las cuales su *equipamiento* era más eficiente, nos

referimos al motor que les ha hecho que ellos, por ejemplo, hayan instalado su vida y sus familias por encima de los 70°N y adaptarse a la larga noche polar.

Los 4 millones de individuos máximo que estima la demografía histórica podrían conformar entrono a 160.000 bandas reunidas en unos 8.000 clanes. Este tamaño de población implica una densidad demográfica de 0,03 habitantes por km<sup>2</sup>, o lo que es lo mismo, un mínimo de 34 km<sup>2</sup> por habitante, o 17.082 km<sup>2</sup> por clan. Una densidad demográfica que definitivamente no anima a establecer la presión demográfica como motor general de la *diáspora humana durante la prehistoria*, pero si permite imaginar una cierta proximidad entre las poblaciones para facilitar los intercambios genéticos como pone de manifiesto las investigaciones sobre el genoma mitocondrial. Tal vez, todavía no fuese una red global pero si grandes redes genéticas parciales que finalmente quedaron conectadas como pone de manifiesto el apellido mitocondrial de Eva.

La *voluntad* puede motivar a la migración, de eso no hay duda. Pero la voluntad de migrar suele estar motivada por información que transita por redes culturales preexistentes. Sin embargo, resulta más complicado imaginar que un nodo secundario, un clan, abandone voluntariamente la tierra de sus ancestros, y la red genética que comparte e integra sin una motivación muy fuerte para adentrarse en *terra ignota* que, además de perder la eficiencia *matrimonial* que le proporciona la red genética, tendrá que descubrir, nombrar y aprender a *cultivar* la ecorregión a la que entra.

Aun reconociendo la *voluntad* como un factor que puede contribuir a la migración, creo que con carácter general la voluntad de las sociedades es la de permanecer en la tierra de los ancestros, a veces incluso más allá de lo *razonable*.

Las sociedades shoshones de América del Norte mantuvieron en vigor las «*relaciones estables*» que sus ancestros habían establecido con la Gran Cuenca a pesar que las condiciones del *contrato de establecimiento* de esas relaciones había variado significativamente. En época de los ancestros, su terra patria todavía retenía grandes masas de agua provenientes de la Última Gran Deglaciación, pero cuando por fin rompieron las «*relaciones estables*», se había convertido en una de las regiones más áridas del Hemisferio Occidental. La transición entre ambos momentos tuvo que significar una variación sustancial tanto del biotopo como de la comunidad biótica que lo habitaba, por lo que podríamos sospechar que los shoshones establecieron «*relaciones estables*» con unas determinadas coordenadas geográfica antes que con un determinada biocenosis, ya que permanecieron en esas coordenadas a pesar de las sucesivas comunidades bióticas que transitaron por ellas. Esta resistencia a abandonar la *terra patria*, de mismo modo que las sociedades pigmeas o los inuits se resisten a abandonar las suyas, refuerza la hipótesis de que los humanos actualizan sus *sistemas lógicos* con el objetivo de permanecer en la tierra de los ancestros. Finalmente, la *deshidratación* de la Gran Cuenca, y por tanto la destrucción de los ecosistemas que agrupaba, acabó empujando a los shoshones a migrar a las Grandes Praderas.

Pero ¿qué fuerza ha impulsado a bandas de recolectores a adaptarse a la noche ártica y las condiciones extremadamente rigurosas de esas regiones?

### **1.9. El Ciclo Largo del Agua (CLA) como motor del movimiento de la biomasa**

¿Cuál es el motor de las migraciones durante la prehistoria?

¿*La necesidad*? Desde luego, ese es el motivo principal de las migraciones. La gente no suele dejar su tierra por voluntad propia sino por necesidad. Los shoshones no tuvieron

más opción que acabar migrando a Las Grandes Llanuras. La destrucción del medio ambiente, como sugirió Cavalli-Sforza, es poderoso agente motivador para la migración, incluido el *primipoblamiento*

Los paleontólogos consideran que los cambios que detectan en la distribución geográfica de los fósiles son una prueba de la existencia de las glaciaciones. Durante cualquier periodo glacial los organismos adaptados al frío migran hacia latitudes más bajas, mientras que los organismos adaptados a un clima cálido, que en ese momento no habitan en regiones ecuatoriales, o bien se adaptan a algún refugio, o bien se extinguen. La paleontología, por tanto, propone las variaciones climáticas a lo largo del tiempo como motor de la movilidad de la biomasa en latitud.

Tradicionalmente se considera que las glaciaciones son el resultado de una disminución prolongada de la temperatura, y se apuntan diferentes fenómenos como causa: cambios en la atmósfera de la Tierra, posición de los continentes, cambios en las corrientes oceánicas, variaciones en la órbita terrestres (ciclos astronómicos de Milancovitch), variaciones en la actividad solar, vulcanismo, radiación cósmica o la elevación de la meseta del Tíbet (Matthias Kuhle).

Pero ¿son las variaciones térmicas el verdadero motor de los desplazamientos de la biomasa? ¿Por qué especies adaptadas inicialmente a un clima cálido ascienden en latitud hasta el ártico? Es comprensible que desciendan cuando hace frío, pero ¿cuánto tiene que variar la temperatura para que poblaciones humanas se animen a trasladar a sus familias a vivir al Ártico? ¿Es posible que estemos confundiendo el efecto con la causa? Está claro que el frío es uno de los efectos de esas extrañas *mareas continentales* que son las glaciaciones, pero ¿es necesario un frío excepcional para que se inicien las glaciaciones?

Es evidente que cuando América del Norte sufrió la última *pleamar continental* y su territorio estuvo cubierto por billones de kilómetros cúbicos de hielo tenía que hacer mucho frío en comparación con el momento previo, además de otros muchos cambios en la biosfera. Pero ¿es realmente necesario que haga un frío excepcional para que las *mareas continentales* se inicien y sobre todo para que alcancen la *pleamar*?

Sobre la superficie de la Tierra existen amplias zonas climáticas donde la temperatura desciende del punto de congelación durante largos periodos del año, incluso durante los periodos interglaciales, pero en todas las regiones con temperaturas bajo cero no se forman inlandsis. Durante la Glaciación Wisconsin vastas zonas gélidas de Beringia permanecieron libres de hielo. Eso sucedió así porque el primer ingrediente para que se forme hielo es la existencia de agua, donde no la hay, por más frío que haga, no habrá hielo.

Es muy probable que factores externos a La Tierra influyan en el Ciclo Glacial-Interglacial y que ayuden al *clima* a trasvasar desde el mar todos los billones de kilómetros cúbicos de agua que permanecerán congelados durante milenios sobre los continentes, sin embargo creemos que es más sencillo explicar este fenómeno como variaciones en el nivel del agua depositada en los océanos y en el régimen de precipitaciones. En mi opinión, el motor de los desplazamientos en latitud, tanto del Hombre recolector como de la comunidad biótica en la que se integra, *biomasa* en general, es la falta de agua antes que la temperatura. Las sociedades humanas se han establecido en una amplia variedad de ecorregiones con un amplio rango de temperaturas, pero ninguna sociedad puede vivir mucho tiempo alejada de una fuente segura de agua.

El depósito natural de las aguas de la biosfera son los océanos. Durante el *Máximo Glacial* (MG) muestran su nivel más bajo, por tanto en algún punto del ciclo tiene que

producirse su momento antagónico, al que llamaremos *Máximo Interglacial* (MI) y que coincidirá con el mayor volumen de agua oceánica de todo el ciclo.

Un *Ciclo Largo del Agua* comienza y termina cuando las aguas oceánicas alcanzan el nivel más alto, *momento MI*, después de haber pasado por su nivel más bajo, *momento MG*.

### 1.1.2. Formación de los proto-inlandsis

El momento MI se alcanza cuando el volumen de agua oceánica es máximo. Si los depósitos naturales están en su nivel más alto es porque las tierras emergidas, además de presentar su mínima extensión, se encuentran en el punto de *máxima deshidratación* de todo el ciclo, con las cuencas, tanto exorreicas como endorreicas, los acuíferos y la biomasa terrestre en su nivel más bajo.

Para que el volumen de las aguas oceánicas varíe desde el *momento MI* hasta el *MG*, desde su nivel más alto hasta el más bajo, el clima tendrá que transferir al interior de los continentes una enorme cantidad de agua y retenerla por el tiempo necesario para llevar a los océanos hasta el nivel más bajo de todo el CLA.

Dejando a un lado la morfología del terreno, la Tierra solo tiene dos formas de retener el agua sobre los continentes: en forma de hielo o en forma de biomasa. De las dos, el hielo permite retener una mayor cantidad.

El agua que se convertirá en hielo solo puede ser transportada por el clima. El momento óptimo para hacerlo es cuando los depósitos de agua de la biosfera, los océanos, están en su nivel más alto, momento MI. Además de cumplirse esta condición, durante el MI la temperatura media de la Tierra es alta, las condiciones de calor y humedad facilitan el trabajo del clima de acarrear agua a tierra firme.

Dado que las temperaturas bajo cero, imprescindibles para conservar el agua en estado sólido, no son extrañas en nuestro planeta, creemos que las regiones con clima continental húmedo experimentan una serie de inviernos extremos capaces de producir *proto-inlandsis* con albedo suficiente para conservarlos hasta la siguiente nevada.

En un ambiente húmedo, y cada vez más frío por la propia presencia del hielo, los **proto-inlandsis** encuentran las condiciones óptimas para crecer y fusionarse con otros hasta configurar las inmensas placas de hielo que en su apogeo cubrirán superficies de millones de kilómetros cuadrados.

A medida que los océanos se van vaciando y la superficie de los continentes ensanchando, el clima general se vuelve más seco y frío, alcanzado su punto extremo durante el máximo glacial (MG), justo cuando los océanos presentan el menor nivel de agua de todo el ciclo.

### 1.1.3. La biomasa durante el semiciclo MI-MG

El *momento MI* es un punto de inflexión, hasta alcanzar ese momento los continentes drenan más agua de la que reciben, por eso están en su punto de máxima deshidratación. A partir del *MI* la tendencia cambia, los continentes comienzan a retener más agua de la que drenan.

El momento de mayor volumen de agua oceánica y el inicio de los **proto-inlandsis** tienen que coincidir o estar muy cercanos en tiempo geológico, porque la forma más rápida que los continentes tienen para retener grandes cantidades de agua es en forma de hielo.

En cualquier caso, en torno al *momento MI* comienzan a operar los **proto-inlandsis**, comienzan a retener parte del agua que el clima, en forma de precipitaciones, acarrea desde el océano al interior de las tierras emergidas, pero, obviamente, no la retienen en su

totalidad, las nuevas cuencas glaciales, inicialmente endorreicas, regularán una parte importante de esa agua que atraerá y dará vida a una buena cantidad de *biomasa*.

Tras el *proceso de deshidratación continental* que condujo al **MI**, estas cuencas glaciales crean los ecosistemas con la fuente de agua más estable en las latitudes medias y altas de las tierras emergidas, sobre todo en el interior de los continentes. La biomasa se expande rápidamente siguiendo la nueva hidrografía glaciaria. La temperatura media de la Tierra, todavía en su tramo alto, anima esa expansión que se produce mayoritariamente desde la *corriente principal*<sup>20</sup> de la biomasa, pero también desde los *refugios* a donde la *bajamar continental* los arrastró y donde resistieron el proceso de deshidratación.

A medida que va aumentando el hielo, los ríos glaciales en su camino hacia el mar van conectando esos refugios, las comunidades bióticas que durante muchas generaciones estuvieron aisladas, pero que ahora comienzan a expandirse hacia la fuente del agua, hacia los *proto-inlandsis*. Eventualmente en este proceso de expansión, algunas comunidades bióticas, entre cuyos vecinos se encuentran bandas de recolectores, llegan a rodear los incipientes glaciares o a seguir las cuencas que vierten hacia el norte. Posteriormente, el crecimiento de los inlandsis aislará esas comunidades bióticas y las especies con mayor capacidad adaptativa lograrán sobrevivir en la *Beringia libre de hielo*, p.e.

A medida que transcurre el tiempo que el clima emplea en *vaciar* los océanos, las condiciones en tierra firme se van haciendo más severas por la acumulación de hielo en tierra firme. Mientras los océanos se van acercando a su nivel más bajo, el clima se vuelve más seco, el incremento del hielo hacen que las temperaturas desciendan... los lugares más aptos para la vida en las latitudes medias son los que se relacionan con el sistema hidrológico que hayan formado los grandes inlandsis.

#### 1.1.4. MG-MI: Las aguas regresan al mar

El momento MG se caracteriza porque los depósitos naturales del agua de la biosfera, los océanos, están en su nivel más bajo, mientras que los continentes, en su momento de mayor extensión, almacenan en tierra firme la mayor cantidad de agua de todo el ciclo, principalmente en forma de hielo. El clima es seco y muy frío.

La falta de precipitaciones impide que los inlandsis repongan todo el agua que drenan durante los veranos y por tanto no pueden reparar adecuadamente los sistema de drenaje, lo que finalmente los conducirá al *colapso de los inlandsis* del que nacerá un nuevo sistema hidrológico que *re-hidratará* la corteza terrestre de la manera más profunda de todo el ciclo propiciando un cambio trascendental: el hielo cede el testigo a los acuíferos y a la biomasa como mecanismo principal para retener agua en el interior de los continentes.

El nuevo sistema hidrológico drena mucha más agua de la que la biomasa es capaz de retener en tierra firme, por lo que el nivel de los océanos asciende y disminuye la superficie emergida de los continentes; el clima, que ha perdido el rigor del ciclo anterior se va suavizando hasta alcanzar el *momento paraíso*, el momento con mayor volumen de biomasa terrestre de todo el ciclo.

Para alcanzar un nuevo momento **MI** es necesario que buena parte del agua todavía retenida en tierra, incluida la que retiene la biomasa, regrese al océano.

<sup>20</sup>Corriente principal de la biomasa es una simplificación para referirnos al núcleo de vida de cada ecozona, esos territorios donde se produce la mayor biodiversidad de cada ecozona.

### 1.1.5. La biomasa durante el semiciclo MG-MI

Es el semiciclo de los grandes cambios. Entre el cenit y el **colapso de los inlandsis**, la mayor concentración de biomasa, fuera de las regiones tropicales, estaría en las cuencas glaciares. Tras el **colapso**, la tierra firme es *inundada* y muchos ecosistemas son destruidos, la sobreabundancia de agua rellena acuíferos, modifica la geomorfología, especialmente en las latitudes medias y altas, con el movimiento y deposición de enormes cantidades de sedimentos. Las cuencas fluviales desaguan su caudal máximo, mientras que las interiores reviven y alcanzan su momento de mayor esplendor. En tierra firme abundan el agua y los depósitos sedimentarios, lo que anima a la biomasa a colonizar los territorios recién *hidratados*, a colonizar el interior de los continentes.

Tras el proceso post-glacial de adaptación y asentamiento orográfico, la tierra emergida, sobre todo en las latitudes medias, se llena de vida hasta alcanzar el volumen de biomasa terrestre más alto de todo ciclo, es el **momento Paraíso**. Pero la sobredimensionada biomasa terrestre no es sostenible indefinidamente y durará mientras lo hagan las reservas de agua de origen glacial. Cuando esos recursos se agotan definitivamente, la sobrepoblación de biomasa terrestre demanda más agua de la que tiene a su alcance acelerando un nuevo proceso de deshidratación. El ecosistema surgido del *momento paraíso* colapsa antes de que se alcance el **MI**, el momento en el que los océanos contienen el mayor volumen de agua de todo ciclo y las tierras emergidas el menor. Tras el colapso, la biomasa entra en fase de gran estrés, una especie de cuello de botella hídrico que durará hasta que unos nuevos *proto-inlandsis* comiencen a operar.

Desde el punto de vista de las reservas de agua disponible en tierra firme, podemos dividir el ciclo en dos partes que no tienen porque tener la misma duración: la **fase estasis**, cuando en tierra firme hay agua suficiente para toda la biomasa, y la **fase estrés**, cuando el agua en tierra firme no alcanza para sostener a la biomasa existente. Durante el *estasis*, la *selección natural* disminuye su presión sobre la biomasa, facilita su crecimiento y diversidad facilitando su expansión hasta un volumen máximo (**momento paraíso**). A través del **estrés hídrico**, la *selección natural* aumenta progresivamente su presión sobre la biomasa, destruyendo las ecorregiones más expuestas a la deshidratación, hasta conducir a la biomasa terrestre hasta su volumen mínimo (**colapso biomasa**). En torno a este momento de *estrés*, cuando las sociedades **necesitan** encontrar suministros fiables de agua, es cuando se puede entender que sociedades humanas apátridas y sedientas, y tal vez empujadas hacia el norte por el crecimiento de las placas de hielo, les parezca una buena idea establecerse en ecorregiones con noche polar.

## 4. EL AGUA COMO MOTOR MIGRATORIO

En mi opinión, la **hipótesis del agua** casa bien con la historia demográfica, el profundo sentimiento de territorialidad y el cosmopolitismo de la especie humana. La hipótesis dibuja largos periodos de *estasis*, donde la **red genética humana** se asienta y fortalece, y periodos de *estrés*, donde la **red genética** se fractura y dispersa.

El **cosmopolitismo** de la Humanidad proviene de la portentosa territorialidad del género Homo, allá donde eche raíces es muy difícil de desarraigar, solo se puede hacer «**destruyendo**» la tierra de sus ancestros, la selva en el caso de los pigmeos de Cavalli-Sforza. En mi opinión, la portentosa territorialidad de las sociedades humanas, no en vano es la especie que invierte más trabajo/esfuerzo en acondicionar su **terra patria**, está fundamentada en la **necesidad** de seguridad que demanda el estrés reproductivo y alto

coste de la crianza de la descendencia humana. Ese carácter conservador que caracteriza a las sociedades bien podría deberse a su voluntad a permanecer dentro de las *redes genéticas*, o intentar reconstruirlas cuando por algún motivo se hubieran roto.

La *hipótesis del agua* como motor migratorio explicaría, en mi opinión, porque que sociedades humanas se vieron obligadas a adaptarse a la noche polar ártica en torno al Último Glacial, cuando la presión demográfica era prácticamente nula. Pero aceptar esa hipótesis implica aceptar la lentísima *velocidad de propagación* de la especie, la existencia de poblaciones humanas en el Hemisferio Occidental desde el paleolítico inferior, como mínimo, e implica, además, aceptar que el rastro humano más antiguo hallado hasta el momento en la Gran Beringia tiene su origen en América del Norte y no en Asia.

Pero aceptar estas deducciones inducidas por la carrera genética de las *Poblaciones Ocultas* contradicen un modelo bien establecido como es el Origen Africano Reciente y contradicen la *premisa* del origen único del hombre: el mito de *Adán y Eva*, o la renovación de ese mito a través de individuo catalizador de mutaciones como origen de *novedad evolutiva*, es decir, de una nueva especie. Pero lo cierto es que los vectores con los que el OAR ilustra sus larguísimas migraciones representan sociedades humanas que no responden a ninguna regla demográfica, porque lo que representan en realidad son las migraciones de la población efectiva mitocondrial desde hace 3.000 generaciones (60.000 años atrás<sup>21</sup>), migraciones cuya velocidad de propagación se ajusta mejor al tempo de *migraciones modernas* (sociales-culturales) que al tempo de las *migraciones ancestrales* o *primipoblamiento*, es decir, el calendario que determina el OAR se ajusta mejor a migraciones sobre una red matrimonial/genética previa que a la construcción de esa red (*primipoblamiento*), se ajusta mejor a la velocidad de un ferrocarril que a la velocidad a la que se levantaron las vías.

Volvamos a la carrera de relevos del genoma humano. Hasta ahora solo hemos dibujado con cifras el poblamiento desde hace 10.000 generaciones tal y como propone el OAR, pero dado que desde nuestro punto de vista modelo no se ajusta a la *velocidad de propagación* del género Homo, sino más bien a la velocidad de migración de *bienes sociales*, creo que es conveniente dibujar con números la carrera de los genes del sistema inmunológico humano. Más 100.000 *corredores* por vuelta, o generación, durante 3 millones de vueltas: grosso modo 300.000 millones de relevos; una población ancestral muy numerosa que no anima a desechar como fenotipo relevista a ningún individuo bípedo capaz de *fabricar* cultura. Sin embargo, a pesar de un número tan elevado de participantes su rastro se empieza a observar en época de los Early Humans, cuando la carrera ya lleva consumido el 88% de su tiempo, lo que implica que durante 2,85 millones de generaciones la *Población Oculta* supone el 100% de toda la población absoluta.

En la vuelta 2,65 millones, hace 350.000 generaciones, encontramos en la Cuenca del lago Chad, en el centro del Sahara, restos del fenotipo Sahelanthropus tchadensis (7-6,2 millones de años atrás), lo que hasta el momento supone el rastro más antiguo de la tribu Hominini, un club, si se me permite la comparación, más selecto que la familia Hominidae, y del cual somos los únicos socios vivos en la actualidad; 50.000 vueltas después, hace 300.000 generaciones, volvemos a tener noticias de otra sociedad Hominini a través de unos cuantos individuos de fenotipo Orrorin tugenensis que fueron hallados en las colinas

<sup>21</sup> Esta fecha está en función de la Tasa de Mutación que se aplique. En función de la metodología aplicada, e incluso dentro de un mismo método, las fechas de coalescencia pueden variar muchos miles de años.

del centro de Kenia y datados en 6,1-5,7 millones de años; 50.000 vueltas más tarde comienzan a dejar su rastro la subtribu australopithecina (*Australopithecus*: 4,5-1,9 millones de años); a cuenta gotas, fenotipos clasificados dentro de esta subtribu van dejando su rastro por diferentes ecorregiones de África Oriental, y para algunos investigadores también de Asia<sup>22</sup>. La subtribu es un club todavía más selecto que la tribu Hominini, y del cual también somos la única especie viva.

A 100.000 vueltas de la generación de control, restos de individuos del género *Homo* comienzan a aparecer desperdigados por todo el Viejo Mundo (*Homo erectus*: 1,9-0,14 millones de años). El género es otro club todavía más selecto del que por supuesto somos la única especie viva. Una buena parte de los investigadores parecen preferir al *Homo sapiens* como el ancestro genético más antiguo, a pesar de que este fenotipo comenzó a tomar relevos hace 10.000 vueltas solamente. En cualquier caso, sea hace 350.000 generaciones cuando aparece el rastro Hominini, o hace 10.000 cuando aparecen fenotipos *sapiens*, la mayor parte de los relevos genéticos transcurren en épocas de las que no tenemos rastros materiales, por tanto podemos dividir el tiempo de esa carrera en dos grandes periodos utilizando el relevo del *Sahelanthropus* de hace 350.000 vueltas como frontera entre el inicio de la **prehistoria** (existencia de rastros materiales) y el final de la **proto-prehistoria**, de la cual, hasta el momento, solo somos conscientes de su existencia por la información que obtenemos a partir de los genes.

Queremos introducir esta separación temporal porque, independientemente de lo que haya ocurrido con la *carrera* del poblamiento humano durante la **proto-prehistoria**, cuando esta cruza la frontera del *Sahelanthropus* y se adentra en la prehistoria, las **Poblaciones Ocultas** parecen estar dispersas por ecorregiones distintas. Los primeros humanos (*Early Humans*<sup>23</sup>) parece que ya acumulaban mayor diversidad de **sistemas lógicos** que todas las otras especies de la familia Hominidae, lo que debería hacernos sospechar que el género *Homo* lleva mucho tiempo sobre el terreno acumulando una inmensa variedad de **sistemas lógicos**, transmitidos fundamentalmente mediante imitación y tradición oral; **sistemas lógicos** que depuraran, diversificarán y almacenaran para tejer con ellos la gran diversidad de **tejidos sociales** que construye la especie humana, como los primeros estados que curiosamente reproducen formas homologables surgidas de forma independiente en regiones distantes entre sí, pero próximas a la línea ecuatorial, próximas al trópico donde parece estar el origen de nuestra especie, y podríamos sospechar que la mayor densidad demográfica.

Los primeros restos humanos (sitios Hominini) distan entre sí casi 2.700 kilómetros en línea recta, a los que habría que sumar 2.000 más si consideramos las 50 huellas de Trachilos, en Creta, de hace 5,7 millones de años como rastro humano; dos o tres ecorregiones bien diferenciadas entre sí, tanto desde el punto de vista del bioma como del biotopo. La subtribu australopithecina, cuyo rastro se encontró en un número mayor de sitios incide en la diversidad de ecorregiones que habitaban los *primeros humanos* y por tanto, en la variedad de **sistemas lógicos** que almacenaban.

<sup>22</sup>Jens Lorenz Franzen considera que Robustaustralopithecines habitaron en China e Indonesia. Franzen, J. L. (1985). «Asian australopithecines?» In: *Hominid Evolution: Past, Present, and Future*. New York: Wiley-Liss, 255-263.

<sup>23</sup>Aunque la institución Smithsonian dice que «todavía se debate el número exacto de especies que consideradas *early human*», desde nuestro punto de vista de continuidad de las Poblaciones Ocultas, nos parece más ajustado pensar en diferentes fenotipos («Manifestación variable del genotipo de un organismo en un determinado ambiente») que en algún momento del pasado portaron los genes ancestrales del sistema inmunológico humano.

Es cierto que durante las 150.000 generaciones, las que van entre la época del Sahelanthropus y la del erectus, la mayoría de los investigadores consideran que no se produjeron relevos genómicos fuera de África, aunque como vimos, otros investigadores aseguran haber encontrado rastro humano en Eurasia dentro de esas 150.000 generaciones, pero, en mi opinión, ese no es un asunto relevante, porque, ¿acaso la ausencia de prueba es motivo suficiente para negar la presencia de *Poblaciones Ocultas*? Creemos que no, a fin de cuentas, el 88% de la carrera genética humana transcurre en la obscuridad más absoluta.

Volvamos a la demografía. ¿Cuánta gente podría poblar el planeta al inicio de la prehistoria hace 350.000 generaciones? Seguimos necesitando algo más de 5 duplicaciones para convertir la población inicial de 100.000 individuos en los 4 millones de finales del Pleistoceno, pero en esta ocasión el proceso de crecimiento abarca 60 millones de años, lo que supone una duplicación de la población, y por tanto de la necesidad de territorio, prácticamente cada 12 millones de años. Estas cifras dibujan una población de algo más de 3 millones de individuos (120.000 bandas, 6.000 clanes) prácticamente en equilibrio durante millones de años, vibrando entre un tamaño máximo durante los períodos de *pleamar continental* y un tamaño mínimo durante los de *bajamar* del Ciclo Largo del Agua. Individuos organizados en sociedades establecidas en la tierra de los ancestros por *voluntad* propia, conectadas a redes matrimoniales que le permitan optimizar el escaso *Tiempo Fértil Efectivo* del que disponen, y una vez hecha la red, las vías del tren, los ferrocarriles culturales, sociales, comerciales... comenzarán a llegar; sociedades focalizadas en criar de la manera más *segura* posible a su frágil descendencia, en definitiva sociedades poco dispuestas a romper las «*relaciones estables*» con su *terra patria*, pero dispuestas a mutar y diversificar los *sistemas lógicos* que venían utilizando con el fin de mantener esa *relación*.

Si imaginamos una población en equilibrio durante la prehistoria tenemos que imaginarnos esa población repartida por todos los continentes. Es cierto que con los números de Hassan, los 3 millones que acabamos de calcular tendrían espacio

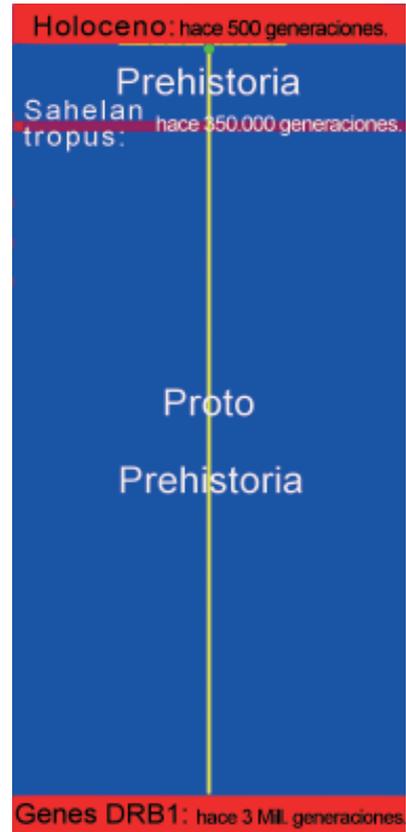


Imagen nº 6: Para el modelo del Origen Africano Reciente, el comportamiento moderno comenzó entorno a la primera salida exitosa de África, que en la imagen se situaría por encima del punto verde (representación de Eva). Y se habría difundido por el resto del planeta a medida que los descendientes de Eva lo iban poblando mediante el reemplazo de otros fenotipos Homo que dejaron restos fósiles fuera de África. En mi opinión, la imagen muestra la profundidad de las raíces de la cultura humana (germen del comportamiento moderno), enraizados profundamente en la proto-prehistoria, es decir, mucho antes del inicio del registro fósil humano. En mi opinión, durante la larga carrera genética además del testigo genético, los corredores entregaban un conjunto particular de sistemas lógicos, que a su vez la generación que lo recibía lo entregaba modificado a la siguiente. Eventualmente, el conjunto de sistemas lógicos mutaba y aumentaba para producir de forma independiente en ecorregiones diferentes y distantes tejidos sociales complejos pero homogéneos entre sí; allí donde se dan ingredientes similares (ecológicos, demográficos...), las sociedades humanas encuentran-desarrollan soluciones similares (alta tecnología/lítica, agricultura, civilizaciones hidráulicas, estados...)

suficiente en África, pero aunque solo consideremos el rastro del *Homo erectus* (Georgia, Java, China, España...) y entendiésemos que fue el resultado de un proceso de **primipoblamiento** que se inició en África, nos encontraríamos con el mismo conflicto de velocidades que con el modelo del Origen Reciente. Si considerásemos un relato *Out of Africa* pre-género *Homo* tenemos que considerar también la **velocidad de propagación** de varios millones de años por duplicación que se deduce del nuevo escenario. Con esa velocidad de propagación nos encontraríamos de nuevo que los 2-3 millones de años que separan los restos humanos de África de los de Eurasia se acercan más a velocidades de **migración cultural** que de **primipoblamiento**, por tanto, tendríamos que sospechar la existencia de una **red genética** previa. En cierto modo, la génesis de la familia Hominidae (géneros Gorilla, Pan, Pongo y Homo) también puede encajar con la imagen de una población humana ya **desplegada** por todas las grandes masas continentales desde el inicio de la prehistoria. Según la paleontología a ambos lados de la frontera temporal de la **prehistoria** hubo una serie de **novedades evolutivas** que pusieron sobre la Tierra a las especies que conforman esa familia. El neodarwinismo explica la aparición de esas novedades mediante un ancestro común del que comienzan a divergir dos linajes.

La primera divergencia ocurre en Asia, por un lado el linaje del género Pongo y por el otro *el linaje del que más tarde surgirá el género Homo*; dentro de este linaje se produce la segunda divergencia, esta vez ocurre en África, por un lado surge el linaje del género Gorilla y por el otro *el linaje del que más tarde surgirá el género Homo*. La tercer divergencia, también ocurre en África, por un lado surge el género Pan y por otro *el género Homo*.

Como dijimos al principio, estos tres géneros que divergieron del *linaje del que más tarde surgirá el género Homo* son habitantes de la selva tropical, especies especializadas en un hábitat concreto. Si el género *Homo* tiene presencia en los continentes nativos de nuestros parientes desde hace millones de años, tal vez podamos simplificar la descripción de las tres divergencias diciendo que del *organismo que formaban los primeros humanos*, en torno a la frontera proto-prehistoria-prehistoria, surgieron en las ecorregiones de selva tropical más profunda las otras especies que forman parte de nuestra familia. Es decir, *el mono desciende del hombre*. Un pequeño cambio en el punto de vista, pero en mi opinión más ajustado al cosmopolitismo que caracteriza al género *Homo* desde los primeros recuerdos.

No sabemos cuántos fenotipos diferentes (Early Humans, ancestor of Early Humans...) han portado el genoma humano durante la larga *carrera* genética, pero muy probablemente todos ellos, además de ser compatibles genómicamente, tuvieron que emplearse a fondo para sacar adelante sus crías inmaduras, ese *estrés* es el motor de la increíble creatividad cultural humana. Todos los individuos que participaron en esa carrera y las poblaciones sin descendencia contribuyeron a transmitir y crear la mayor diversidad de comportamientos que se puedan observar en ninguna otra especie: **la cultura humana**.

La historia del Hombre no se entiende sin la historia de la cultura, que sin duda, se ha enriquecido y refinado gracias a las diferentes conexiones entre los nodos de una **red genética** que acabó siendo global. Posiblemente los hilos más antiguos de la urdimbre social sean tan antiguos como los genes del sistema inmunológico, sin embargo, el modelo de migraciones recientes del OAR, brote-propagación-brote, unido a la baja capacidad de *memoria* que tiene las sociedades de transmisión oral, proporciona poblaciones iniciales de raíces muy cortas; el ejemplo paradigmático de este esquema es el relato del primer poblamiento americano al estimar como cierto que la colección inicial de **sistemas lógicos** que pudieran almacenar 80 Paleoamericanos (Hey 2005) pudieran producir en Las Américas un *muestrario* de tejidos sociales equiparable al *muestrario* del Viejo Mundo.

## BIBLIOGRAFÍA

- AYALA, F. J. (1995): «The myth of Eve: molecular biology and human origins». En: *Science*: [Dec 22; 270 (5244): 1930-6]
- BELL, Duran. (2006): «Bands, Fertility and the Social Organization of Early Humans». En: *Social Evolution & History. Studies in the Evolution of Humans Societies*. Volumen 5, Número 2 / Septiembre 2006.
- BLURTON J. N. (1993): «The lives of hunter-gatherer children: effects of parental behavior and parental reproductive strategy». En: Pereira ME, Fairbanks LA, (eds). *Juvenile Primates*. New York: Oxford University Press; 1993: 309-26
- BONAVIA, D. (1992): «Domesticación de plantas y animales en los Andes Centrales». En: *Perú: Presencia e identidad*. Comisión Nacional Peruana del V Centenario del Descubrimiento de América.
- BONGAARTS J. Y POTTER RG. (1983): *Fertility, biology and behaviour; an analysis of the proximate determinants*. New York: Academic Press.
- BOONE, J. L. (2002): «Subsistence strategies and early human population history: an evolutionary ecological perspective». En: *Archaeology and Evolutionary Ecology*. Vol. 34 (1): 6-25.
- BOURGEON, Lauriane; BURKE, Ariane; HIHGMAN, Thomas (2017): «Earliest Human Presence in North America Dated to the Last Glacial Maximum: New Radiocarbon Dates from Bluefish Caves, Canada». En: *PLOS ONE* (2017-01-06).
- CAVALLI-SFORZA, L. L. (1987): «African Pygmies». En: *Human Biology*. Vol. 59, N° 3 (Junio 1987), pp. 565-567. 986.
- CAVALLI-SFORZA, L. L. (2000): *Genes, pueblos y lenguas*. Romanyà/valls, S.A. Barcelona. Título original: *Geni, popoli e lingua*. 1996, Adelphi EdizioniMilan.
- DILLEHAY, T.D.; OCAMPO, C.; SAAVEDDRA, J.; SAWAKUCHI, A.O.; VEGA, R.M.; PINO, M. et al.: (2015): «New Archaeological Evidence for an Early Human Presence at Monte Verde, Chile». En: *PLoS ONE*, 18, Nov.
- FIEDEL, S. J. (1996): *Prehistoria de América*. Crítica. Barcelona. Título original: *Prehistory of the Americas*. 2ª ed., 1992.
- FOSTER, P. (2004): «Ice Ages and the mitochondrial DNA chronology of human dispersals: a review». En: *The Royal Society*, 13, Enero.
- FORSTER, P. y MATSAMURA, S. (2005): «Did Early Humans Go North or South?». En: *Science*, vol. 308. 13, Mayo.
- GURVEN, M. y KAPLAN, H. (2006): «Longevity among hunter-gatherers: a cross-cultural examination». En: *Population and Development Review*, Draft 4/18/2006.
- HAMILTON, S.; POPKIN, B.; SPICER, D.: (1984): «Women and nutrition». En: *Third World countries*. Bergin and Garvoy.
- HARRIS, M. y ROSS, E. (1999): *Muerte, sexo y fecundidad. La regulación demográfica en las sociedades preindustriales y en desarrollo*. Alianza Editorial. Madrid.1999. Título original: *Death, Sex and Fertility. Population Regulation in Preindustrial and Developing Societies*. Columbia University Press (1987).
- HARRIS, M. (1995): *Nuestra especie. Antropología*. Alianza Editorial. Madrid.
- HASSAN, F. A. (1981). *Demographic Archaeology*. Academic Press. New York.
- HASSAN, F. y SENDEL, R. A. (1973): «On mechanisms of population growth during the Neolithic». En: *Current Anthropology* 14 (5): 535-542
- HELGANSON, A.; HRAFNKELSSON, B.; GULCHER, J. R.; WARD, R.; STEFÁNSOON, K. (2003): «A Population Coalescent Analysis of Icelandic Matrilineal and Patrilineal Genealogies: Evidence for a Faster Evolutionary Rate of mtDNA Lineages than Y Chromosomes». En: *American Journal of Human Genetics*. 72:1370-1388
- HEWLETT, B. (1991): *Intimate Fathers: The Nature and Context of Aka Pygmy Paternal Infant Care*. University of Michigan Press. Ann Arbor.
- HEY, J. (2005): «On the Number of New World Founders: A Population Genetic Portrait of the Peopling of the Americas». En: *PLoS Biol* 3 (6)
- HOWELL, N. (1979): *The demography of the Dobe Kung*. Academic Press. New York.
- HUFFMAN, S. L.; CHOWDHURY, A. K.; MOSLEU, W. H. (1978): «Postpartum amenorrhea: how is it affected by maternal nutritional status?». En: *Science*, 9 June. Vol. 200; 4346: 1155 – 1157
- INGMAN, M.; KAESMANN, H.; PÄÄBO, S.; GYLLENSTEN, U. (2000): «Mitochondrial genome variation and the origin of modern humans». En: *Nature*, 408:708–713.
- KAPLAN, H. (1996): «A theory of fertility and parental investment in traditional and modern human societies». En: *American Journal of Physical Anthropology*, vol. 101; S23: 91-135

- KAPLAN, H.; HILL, K.; HURTADO, M.; LANCASTER, J. (2000). «A theory of human life history evolution: diet, intelligence and longevity». En *Evolutionary Anthropology*, 156–85
- LIVI BACCI, M. (2005): *Los estragos de la conquista. Quebranto y declive de los indios de América*. Crítica. Barcelona. Ed 2006. Traducción de Antonio Martínez Riu. Título original: *Conquista. La destruzione degli indios americani*.
- LIVI BACCI, M. (1993): *Introducción a la demografía*. Ariel. Barcelona. Título original: *Introduzione alla demografia*. Prefacio a la segunda edición.
- MARTIN, P. (1973): «The Discovery of American». En: *Science*, vol. 179: 969-974.
- MELLADO JIMÉNEZ, J. (2001): «Lactancia materna y anticoncepción». En: *Lactancia Materna*. Josefa Aguado Maldonado (Ed.). Universidad de Sevilla. 2001.
- MELLARS, P. (2006): «Why did modern human populations disperse from Africa ca. 60.000 years ago? A new model». En: *PNAS* 103: 9381-9386.
- MELTZER, D. J. (2009): *First Peoples in a New World*. University of California Press. London.
- MOORE, J. H. y MOSELEY, M. E. (2001): «How many frogs does it take to leap around the Americas?». Comments on Anderson and Gillian. En: *American Antiquity*. 07/01.
- NORDBORG, M. (2001): «Coalescent theory». En: BALDING, D.; BISHOP, M.; and CANNINGS, C. (eds) *Handbook of statistical genetics*. John Wiley & Sons, Chichester, UK, (Pages 179-212).
- NÚÑEZ, L. y SANTORO, C. (1990): «Primeros poblamientos en el Cono Sur de América». En: *Revista de Arqueología Americana*, n° 1, pp. 91-139.
- OPPENHEIMER, S. (2003). *The real Eve: Modern man's journey out of Africa*. Carroll & Graf, New York, New York.
- ORTEGA MUÑOZ, A. (2003): «La paleodemografía: ¿un instrumento para simular el comportamiento demográfico del pasado? Análisis comparativo con la demografía histórica en la Ciudad de México del siglo XIX». En: *Estudios demográficos y urbanos*, vol. 19, n° 1: 181-241.
- PERRY, G.H.; DOMINY, N.J. (abril 2009): «Evolution of the human pygmy phenotype». En: *Trends in Ecology & Evolution*, vol. 24, Issue 4, p218-225.
- POUNDS, N. J. G. (2000): *Geografía histórica de Europa*. Crítica. Barcelona. Traducción: Juan Faci. Original: *An Historical Geography of Europe* (1990). Cambridge University Press
- PAKENDORF, B.; STONEKING, M. (2005): «Mitochondrial DNA and Human Evolution». En: *Annu. Rev. Genom. Human Genet.* 165-183.
- RODRÍGUEZ-TRELLERS, F.; TARRIO, R.; AYALA, F. J. (2001): «Molecular Clocks: Whence and Whither». En: Donoghue, P. y Emith, P. (eds): *Telling the Evolutionary Time. Molecular Clocks and the Fossil Record*. CRC Press, Boca Raton, Florida.
- TATTERSALL, I. (1997): «De Africa ¿una... y otra vez?». En: *Investigación y Ciencia*, n° 249, Prensa Científica. Barcelona, 20-28.
- THOMSON, R.; PRITCHARD, J.K.; SHEN, P.; OEFNER, P.J.; FELDMAN, M.W. (2000): «Recent common ancestry of human Y chromosome: evidence from DNA sequence data». En: *Proc Natl Acad Sci. USA*, 97:7360–7365.
- VALDÉS, G. P.; SIERRALTA, G. P.; OSSA, G. X.; BARRÍA, S. A. (2002): «Duración de la amenorrea de lactancia en la población urbana de Temuco». En: *Rev. méd. Chile [online]*. Vol. 130, n° 1, p.66-70.
- VAN ARSDALE, P. W. (1978): «Population dynamics among Asmat hunter-gatherers of New Guinea: Data, methods, comparisons». En: *Human Ecology*. Published Springer Netherlands. Humanities, Social Sciences and Law. Vol 6.
- WALKER, R.; GURVEN, M.; HILL, K.; MIGLIANO, N. G.; SOUZA, R.; DJUROVIC, G.; HAMES, R.; HURTADO, M.; KAPLAN, H.; KRAMER, K.; OLIVER, W.; VALEGGIA, C.; YAMAUCHI, T. (2006): «Growth Rates and Life Histories in Twenty-Two Small-Scale Societies». En: *American Journal of human biology*, 18: 295-311.
- WELTI, C. (1997): *Demografía I*. Carlos Welti, editor. México Programa Latinoamericana de Actividades en Población.
- PITULKO, V.V.; Aleksandr, E.; SAILYAN, A. E.; PAVLOVA E. Y. (2014): «The Berelekh Mammoth Graveyard: New Chronological and Stratigraphical Data from the 2009 Field Season». En: *Wiley Periodicals, Inc.*
- WRINGLEY, E.A. (1985): *Historia y población. Introducción a la demografía histórica*. Crítica 2ª edición. Barcelona. Traducción: Juan José Toharia. Título original: *Population and History*. Ed. McGraw-Hill Book Company, NY-Toronto.
- ZUCKERKANDL, E.; PAULING, L. (1965): «Molecules as Documents of Evolutionary History». En: *Gates and Crellin Laboratories of Chemistry*. California Institute of Technology. Contribution n° 3041.