

ANÁLISIS MACRODEMOGRÁFICO DE LA GRAN MIGRACIÓN. EL CASO AMERICANO (*)

MACRO-DEMOGRAPHICAL ANALYSIS OF THE GREAT MIGRATION. THE AMERICAN CASE

José Carlos SOLER GÓMEZ (**)

(**) Prehistoriador. Dpto. de Prehistoria y Arqueología de la U.N.E.D.

Puerto Príncipe 3b-4b. 28043 Madrid. Correo electrónico: alentraia@yahoo.es

BIBLID [1138-9435 (2006) 8, 1-265]

Resumen.

El hombre anatómicamente moderno habita todas las regiones del planeta desde hace por lo menos 13 milenios. Y utilizó un máximo de 87.000 años, según el modelo *Out of Africa*, para completar el proceso global de poblamiento. Este modelo también sostiene que lo hizo sin mezclarse con los otros descendientes del *Erectus*. Sin embargo la evolución demográfica de las sociedades humanas durante el Pleistoceno podría contradecir estas hipótesis.

Palabras clave: Tasa de crecimiento, análisis macrodemográfico, remontar, *Out of Africa* (OAM).

Abstract.

The modern man inhabits all of the regions of the planet since 13 millennia ago at least. According to the *Out of Africa* Model, the man used about of 87,000 years in completing this process, and did it without interbreeding with the man's other descendants. However, the demographic evolution of the human societies during the Pleistocene would be able to contradict this hypothesis.

Key Words: Growth rates, macro-demographic analysis, dating back, *Out of Africa* (OAM).

Sumario:

1. Análisis macrodemográfico de la Gran Migración. El caso Americano. 1.1. Introducción. 1.2. Tasas de crecimiento. 1.3. Distribución geográfica. 1.4. El problema de la Eva mitocondrial. 1.4.1. El problema de la población inicial. 1.4.2. ¿Es posible hacer una estimación de cuantos

(*) Fecha de recepción del artículo: 31-VIII-2006. Fecha de aceptación: 20-XII-2006.

linajes de ADNmt podrían haber desaparecido? 1.4.3. Modificación en la distribución estadística de la variabilidad. 1.4.4. A menor tasa de crecimiento demográfico mayor índice de variabilidad. 1.5. Conclusiones. 1.6. El Continente Incómodo. 1.7. Un análisis macrodemográfico del primer poblamiento americano. 1.8. El peculiar registro fósil americano. 1.9. Tasas de Crecimiento Generales. 1.10. Resultados del análisis macrodemográfico americano. 1.11. Conclusión Final. 2. Notas. 3. Bibliografía.

1. Análisis macrodemográfico de la Gran Migración. El caso Americano.

1.1. Introducción.

Es un hecho que el Hombre anatómicamente moderno (HAM) habita todas las regiones del planeta desde hace, por lo menos, 13 milenios. Según el Modelo de Reemplazo o *Out of Africa* (OAM), los HAM emplearon un máximo de 87.000 años en completar dicho proceso, desde su patria africana hasta el sur de América del Sur (Monte Verde, Sur de Chile).

Buena parte del soporte para el OAM proviene de los estudios genéticos, y en particular de los estudios de ADNmt. La hipótesis del reemplazo surge como respuesta a dos hechos que caracterizan a nuestra especie: uno, “*tenemos una diferenciación genética interpoblacional más parecida a una bacteria que a [...] un organismo superior*”¹ (Fontdevilla y Moyá, 1999). Y dos, desde hace 30.000 años la variedad morfológica de los humanos se ha reducido a formas anatómicamente modernas (HAM).

El origen africano de la humanidad lo infieren los genetistas al encontrar una mayor diversidad mitocondrial en África que en los demás continentes. “*Esto implica que ha habido más tiempo de divergencia entre los individuos africanos que entre el resto de las poblaciones*” (Bertranpetit y Junyet, 2000). Pero también implica que posteriormente salió de África una menor cantidad de secuencias mitocondriales de las que se quedaron. Es decir, el modelo *Out of Africa* sugiere que de África salió menos gente de la que se quedó.

Sin embargo, en las primeras estimaciones regionales que proponen los demógrafos para el año 400 AC la población de África ya era sustancialmente menor que la del resto del mundo. Livi-Bacci estima que para esas fechas el 89% de la población mundial ya vivía fuera de África, lo que implica que la población más grande, la que se quedó, tuvo que crecer a un ritmo muy inferior al que lo hizo la población que salió de África. Esto es lo que nosotros llamamos la paradoja del OAM.

Basándonos en las hipótesis del OAM sobre el origen de los HAM -“reciente”, africano y sin mestizaje- haremos un análisis macrodemográfico de la Gran Migración.

El análisis macrodemográfico para la prehistoria es un análisis teórico que examina la coherencia de un determinado modelo de poblamiento a partir de las tasas de crecimiento que se derivan de las hipótesis que ese modelo propone.

Es teórico porque asume como ciertas las hipótesis del modelo que queremos analizar. Por lo tanto los resultados que obtengamos estarán en función de lo acertadas que sean esas hipótesis.

Es además un análisis de baja resolución porque las cifras que obtenemos (tasas de crecimiento y tamaño de las poblaciones) son el resultado de datos estimativos y de promedios de tramos temporales muy largos para extensas áreas geográficas en una época, el Pleistoceno, donde suponemos que las diferencias tecnológicas no eran demasiado significativas.

El análisis que vamos a realizar se basa, fundamentalmente, en conocer y aplicar las tasas de crecimiento demográfico a la que evolucionó, entre los años 150.000 AP y 10.000 AP, “la tribu de protohumanos” que desde su patria africana colonizó todo el planeta y reemplazó, sin mestizaje, a los otros descendientes del *Homo Erectus*.

Las tasas que vamos a calcular no las identificaremos ni con un ámbito regional ni con un ecosistema concreto, las identificaremos con la estrategia de subsistencia, en este caso depredadora, que practicaron forrajeadores y cazadores recolectores en los distintos continentes. Eventualmente necesitaremos otras tasas que iremos comentando en su momento.

1.2. Tasas de crecimiento.

Para calcular una tasa de crecimiento necesitamos conocer el tamaño de la población en dos momentos determinados. Las hipótesis del OAM nos ofrece el punto de partida. Sólo tenemos que estimar el tamaño de “la tribu de protohumanos [que hace 150.000 años] *podía presumir de tener montones de secuencias de ADNmt, igual que nuestra especie hoy día*” (Watson, 2003). Nos moveremos en una horquilla amplia, una población máxima entorno a los 50.000 individuos y la mínima posible, 2 individuos. 50.000 y 2 serán, por tanto, las cantidades que utilizaremos como población inicial ($_0P$).

Como población final ($_tP$) elegiremos entre las estimaciones que para el año 10.000 AP proponen diversos demógrafos. Aunque la horquilla es demasiado amplia, entre 1 y 10 millones, existe un consenso mínimo entorno a los 8 millones que será la cifra que elegiremos.

Modelos OAM.

Los modelos demográficos que resultan de las tasas de crecimiento OAM son bastante diferentes entre sí, tal y como muestra las columnas (3), (4) y (5) de la Figura 1.

A pesar de que la tasa OAM1 es tres veces mayor que la tasa OAM2 - y la mayor posible de las que se pueden derivar del modelo *Out of Africa* -, la población continúa creciendo lentamente, de tal modo que en el supuesto momento de la salida de África registramos unos exigüos 456 HAM que no animan a plantear ninguna migración.

Por el contrario, para esa misma fecha el escenario OAM2 proporcionan una cifra más verosímil -306.306 HAM-, sobre todo si tenemos en cuenta que el registro fósil se extiende desde Sudáfrica hasta Oriente Próximo. El inconveniente de este escenario radica en la baja tasa

de crecimiento que sólo permite doblar el tamaño de una población cada 19.000 años. A ese ritmo una banda de 25 cazadores recolectores que hubiesen entrado en América hacia el año 15.000 AP y que sus descendientes se hubiesen mantenido fieles a un modo de vida similar - cazadores-recolectores - en la actualidad, sus descendientes, aún no habrían duplicado el tamaño inicial y apenas sumarían más de 43 individuos. De todos modos, los ritmos de crecimiento de las poblaciones del Pleistoceno final son muy lentos. Incluso con la tasa más alta, OAM1, hacen falta 6.383 años para que una población duplique su tamaño. Es decir la misma banda de cazadores-recolectores, del ejemplo anterior, creciendo a este ritmo en la actualidad sumaría entre 127 y 128 individuos.

FIGURA 1. TASAS DE CRECIMIENTO Y EVOLUCIÓN DE LA POBLACIÓN				
Continente	Fechas de referencia para la primera entrada	Población		
		OAM1 (o_t)=2 r=0,0001086	OAM2 (o_t)=50.000 r=0,0000363	OAM3 (o_t)=10.000 r= 0,0000477
		DT=6.383 años	DT=19.121 años	DT=14.517 años
(1)	(2)	(3)	(4)	(5)
África	150.000	2	50.000	10.000
Asia	100.000	456	306.306	108.847
Oceanía	55.000	60.395	1.565.391	933.155
Europa	43.000	222.275	2.418.507	1.654.970
América 2	15.000	4.648.385	6.673.773	6.300.981
	10.000	8.000.000		

Figura 1. Doubling Time, DT= Tiempo que tarda una población en duplicar su tamaño evolucionando a esa tasa de crecimiento. Para calcular la tasa de crecimiento r utilizamos la siguiente fórmula:

$r = \log_e(tP/0P)/t$; donde ${}_tP$ es la población final, ${}_0P$ la población inicial y t el tiempo transcurrido entre ambos momentos.

Para nuestro análisis utilizaremos una población inicial ${}_0P=10.000$ - escenario OAM3 columna (5) (Figura 1)- de este modo tenemos una tasa de crecimiento más elevada que en el escenario OAM2 y en el momento de la supuesta salida de África, el tamaño de la población mundial por lo menos anima a plantearnos tal posibilidad. Además, 10.000 es el tamaño de población que consideran los genetistas.

1.3. Distribución geográfica.

Para realizar nuestro análisis necesitamos introducir nuevas cifras. Se trata de estimaciones sobre el tamaño de la población de cada continente. Utilizaremos las que propone el demógrafo italiano Livi-Bacci para el año 400 bc. Son las que aparecen en el Figura 2, columna (2) (en millones).

FIGURA 2. DISTRIBUCIÓN DE LA POBLACIÓN POR CONTINENTES						
	400aC	15K	43K	55K	100K	150K
(1)	(2)	(3)	(4)	(5)	(6)	(7)
África	17	700.109	183.886	103.684	12.094	1.111
Asia	95	3.912.374	1.027.596	579.410	67.585	
Oceanía	1	41.183	10.817	6.099		
Europa	32	1.317.852	346.138			
América	8	329.463	86.534			
MIG		329.463	432.672	250.061	96.753	8.889
MUNDO	153	6.300.981	1.654.970	933.155	108.847	10.000

Figura 2. Las cantidades las obtenemos remontando las estimaciones de referencia ${}_0P={}_tP*e^{rt}$. Estimaciones sobre la población mundial (fuente: Livi-Bacci). En negrita: población inicial de cada continente en la fecha de referencia. MIG: indican el tamaño de los flujos migratorios ². Tasas de crecimiento: OAM3 $r=0,0000477$; entre el año 10.000bp y el 400 BC; $r=0,0003883$.

La tasa de crecimiento la calculamos entre los 10.000 africanos de tribu ancestral y los 153 millones que estima Livi-Bacci habitaban en el planeta hace 2400 años y obtenemos $r=0,000065$; $DT=10.618$ años.

Sin embargo ésta es una tasa de muy baja resolución, de tal modo que si le preguntamos por el tamaño de la población hace 10.000 años nos dice que era de más de 93 millones de habitantes cuando en realidad hemos convenido que al inicio del Holoceno habría entorno a los 8 millones.

Si marcamos esa cantidad, 8 millones, como población inicial y 153 como población final obtenemos una tasa de crecimiento más ajustadas: $r=0,00039$; $DT=1.785$ años.

Con esta segunda tasa remontamos las estimaciones continentales hasta el inicio del Holoceno, a partir de ahí, y hasta la fecha que marcan los genetistas para la primera entrada de los HAM a cada continente, con las tasas OAM3. Queremos averiguar las necesidades de población inicial que demanda cada uno de los continentes, suponiendo que todos los continentes evolucionaran durante el Pleistoceno a tasas de crecimiento similares.

Las filas MIG -migración- de la Figura 2 indican la población que tendrá que migrar en el futuro, la gente que le “sobra” a África pero que continúa “divergiendo”, acumulando mutaciones en ese continente². Para cubrir sus expectativas demográficas a África le basta con 1.111 de los 10.000 HAM que habitaban el continente hace 150.000 años. Por tanto los 8.889 “sobrantes” son los ancestros de los futuros emigrantes.

Dos aspectos nos llaman la atención de las cifras que muestra la Figura 2. El primero es la “sangría” demográfica tan intensa y prolongada que tiene que sufrir África para que sus hijos pueblen el planeta. Intensa porque es muy alto el porcentaje de población africana emigrante y prolongada porque lo hace desde el año 100.000 AP hasta el 15.000 AP.

Existe, claro está, la posibilidad de contemplar una migración temprana. Pero si la mayor parte (entorno al 89%) de los descendientes de la tribu de protohumanos hubieran abandonado África hace 100.000 años portando su bagaje genético, cabría esperar que se encontrase una mayor diversidad mitocondrial en el resto del planeta que en África y esto está en contradicción con los resultados que arrojan los análisis de diversidad mitocondrial.

Sin embargo, la migración tardía tampoco tiene una explicación sencilla. El continente africano tiene una superficie de 30 millones de km^2 con algunos ecosistemas especialmente aptos para la vida humana y que en fechas recientes todavía conservaban fauna y recursos naturales suficientes para que grandes poblaciones de cazadores-recolectores pudieran sostenerse. De hecho le bastaría algo más de un millón de km^2 de sabana subtropical para sostener a toda la población mundial que obtenemos a través de las hipótesis del Modelo *Out of Africa* para el año 50.000 AP.

También queremos destacar los tamaños de población inicial tan grandes que necesitan las estimaciones para Europa y Asia. Si las tomamos al pie de la letra, nos cuesta imaginar las razones por las cuales casi una quinta parte de la población mundial “emigró” a Europa en pleno período glaciario (estadio 3 de isótopo de oxígeno).

Es cierto que nuestros cálculos sólo tienen en cuenta el crecimiento vegetativo y que por tanto, una tasa migratoria podría corregirlos. Pero la cosa no es tan sencilla, como puede verse en la fila MIG de la Figura 2 cuanto más se retrase la salida de africanos mayor será el número que tendrá que salir posteriormente. Por ejemplo, si en la fecha de referencia para la entrada a Europa lo hiciesen solamente 50.000 HAM, para cuadrar el balance final el continente europeo necesitaría un saldo migratorio positivo entorno al 1,53% de toda la población mundial hasta hace 10.000 años. De todos modos, incluso 50.000 individuos nos sigue pareciendo una migración hacia Europa demasiado grande para ser acometida durante el estadio OIS 3.

Tasas de crecimiento disímiles para cada continente.

La única solución que pudiera conciliar entradas de poblaciones iniciales pequeñas con los tamaños de población estimados para el año 400 AC serían tasas de crecimiento diferentes para cada continente.

FIGURA 3. DIFERENTES TASAS DE CRECIMIENTO PARA CADA CONTINENTE						
		AFRICA	ASIA	OCEANÍA	EUROPA	AMÉRICA
POBLACIÓN	(1)	(2)	(3)	(4)	(6)	(7)
	400 BC	17 mill	95 mill	1 mill	32 mill	8 mill
	10k BP	888.889	4.967.320	52.288	1.673.203	418.301
	1ª Entry	65.308	43.539	500	10.000	500
r	0,0000290	0,0000526	0,0001033	0,0001551	0,0013459	
DT (años)	23.894	13.169	6.708	4.468	515	

Figura 3. La población para la primera entrada a África y Asia son el 60% y el 40% respectivamente sobre el total mundial que para el modelo OAM3 asciende a 108.847 habitantes.

Tal como está diseñado el OAM, repoblamiento mundial reciente pero sin más aporte demográfico que los descendientes de la tribu africana, de ese continente tiene que salir la población que pueble el planeta. Pequeñas salidas de África obligan a unas tasas tan disímiles como las que aparecen en el Figura 3. De tal modo que África crecería muy lentamente (DT= casi 24.000 años) mientras que en el extremo opuesto estaría América (DT=515 años) creciendo durante el Pleistoceno a un ritmo muy superior a la tasa general para el Holoceno. Lo cual creemos que no tiene una justificación sencilla. Pudiera ser que el diferencial de crecimiento estuviese en el tramo 10.000 – 400 AC. Que África creciese más lentamente que Europa, Asia y América. Pero tampoco creemos que esta sea la explicación y no sólo porque nos parezca un tiempo relativamente corto para cuadrar el balance, sino porque la sedentarización y producción de alimentos, procesos que rompieron definitivamente la tendencia a cero del crecimiento demográfico, son casi sincrónicos en Asia y África.

1.4. El problema de la Eva mitocondrial.

Ya hemos dicho que el soporte más sólido para el OAM proviene de los estudios de la filogenia humana. Por sus características: no recombinación, abundancia (una célula puede tener cientos de mitocondrias) y sobre todo herencia matrilineal, el ADNmt se ha convertido en la molécula más utilizada para los estudios evolutivos de la especie humana (Pakendorf y Stoneking, 2005). Al no haber recombinación las diferencias entre dos mt-secuencias provenientes de un ancestro común sólo pueden estar causadas por la mutación. Lo cual ha hecho suponer que podemos seguir el camino inverso, y desde la actual divergencia remontar hasta alcanzar el ancestro común a toda esa divergencia.

Según los genetistas, Eva mitocondrial es el ancestro común más reciente (MRCA, sus siglas en inglés) en el cual confluye toda la divergencia actual. Aunque no hay un acuerdo unánime sobre el momento en que vivió, existe un cierto consenso en situarla hace unos 200.000 años. La cuantificación temporal, o puesta a cero del reloj molecular, ha sido posible gracias a la estimación de la tasa de evolución, o mutación. Las mutaciones son errores en el proceso de copiado del ADN que se van acumulando a lo largo del tiempo. *“Las mejores estimaciones indican que, por término medio, si dos personas tuvieron una antepasada común hace diez mil años, presentarán una diferencia en las secuencias de sus regiones de control.”* (Sykes, 2001)³. Aunque existen ciertas discrepancias sobre los valores de la tasa de mutación, para las argumentaciones que siguen aceptaremos como buenos los 10.000 años que propone Sykes.

1.4.1. El problema de la población inicial.

Como el análisis que estamos haciendo es teórico nos hubiera gustado plantear como población inicial de 2 individuos: es decir, la primera persona que acumuló todas las mutaciones

que la transformaron en hombre anatómicamente moderno y su compañero o compañera. Pero si lo hacemos de ese modo, y mantenemos las fechas que propone el modelo *Out of Africa*, obtenemos un planeta despoblado de hombres modernos hasta bien entrado el paleolítico superior tal y como vimos en el modelo OAM 1 de la Figura 1. Y cuando remontamos con la tasa de crecimiento OAM3 los 10.000 HAM de hace 150.000 años hasta encontrar esa hipotética pareja fundadora tenemos que retroceder casi 180.000 años más, es decir, hasta hace 328.381 años.

Fuera cual fuese la cantidad de tiempo durante la cual el linaje de Eva tuvo que convivir en una sociedad arcaica, condicionado, al igual que los otros linajes, por el medio ambiente y el medio social arcaico, muchas secuencias mitocondriales de aquella población se vincularon al acervo genético moderno (ADN nuclear) que caracteriza a los HAM.

La base teórica para encontrar a Eva es la teoría de la coalescencia (Nordborg, 2001), según la cual: cualquier muestra de secuencias genéticas procedentes de cualquier cosa viviente puede ser remontada hasta un ancestro común. Los genetistas que estudian la filogenia humana han remontado toda la divergencia actual de ADNmt hasta encontrar un ancestro femenino que suponen es el “fundador” de nuestra especie.

Sin embargo, aun suponiendo la existencia de Eva, el ancestro común del cual desciende toda la población mundial, a su acervo genético moderno (ADN nuclear) se fueron vinculando otras muchas mt-secuencias distintas a la suya a través de las nueras de Eva, de las nueras de sus hijas, de las de sus nietas, etc. Por lo tanto, y de modo práctico no podemos suponer un origen mitocondrial único (Figura 4).

El tamaño de la diversidad mitocondrial originaria, aquella que se empezó a vincular desde las primeras generaciones al acervo genético nuclear de Eva, dependerá del tiempo que hubiese durado la convivencia del linaje de Eva con la población arcaica en la que se integraba, y es muy poco probable que se pueda conocer su tamaño real. En primer lugar porque no sabemos en qué momento de toda esa convivencia, que pudo ser muy larga⁴, un linaje mitocondrial acumuló el número suficiente de mujeres para asegurar su supervivencia hasta nuestros días. La supervivencia de un mt-linaje está directamente relacionada con el número de mujeres que lo comparten. Y tampoco podemos estar seguros de que hubiese sido uno solo de los mt-linaje originarios el que se haya fijado. Es decir, no sabemos cuando ni cuantos linajes de todos los que componían la tribu africana quedaron fijados.

Que toda la divergencia mitocondrial actual pueda coalescer en un único linaje, creemos que antes que una posibilidad real es una consecuencia directa de la hipótesis de partida que presupone que tal cosa es posible.

Y en segundo lugar, no podemos conocer la diversidad originaria como consecuencia del proceso de desaparición de mt-secuencias. Si tenemos en cuenta que el promedio de descendencia final⁵ es de 2,002 hijos por mujer durante el pleistoceno, y de 2,03 desde el inicio

del holoceno hasta finales del siglo XX, la probabilidad de que una mujer coloque sólo varones en la siguiente generación reproductora está muy próxima a 0,25. Como promedio una de cada cuatro mujeres colocará en la siguiente generación dos hijos varones y por tanto no podrá transmitir su mt-secuencia a la posteridad. Esto nos hace sospechar que el número de mt-secuencias que en algún momento han pertenecido a personas de nuestra especie y posteriormente han desaparecido es muy elevado. Además queremos subrayar que esas personas contribuyeron a la conformación del acervo genético nuclear de nuestra especie.

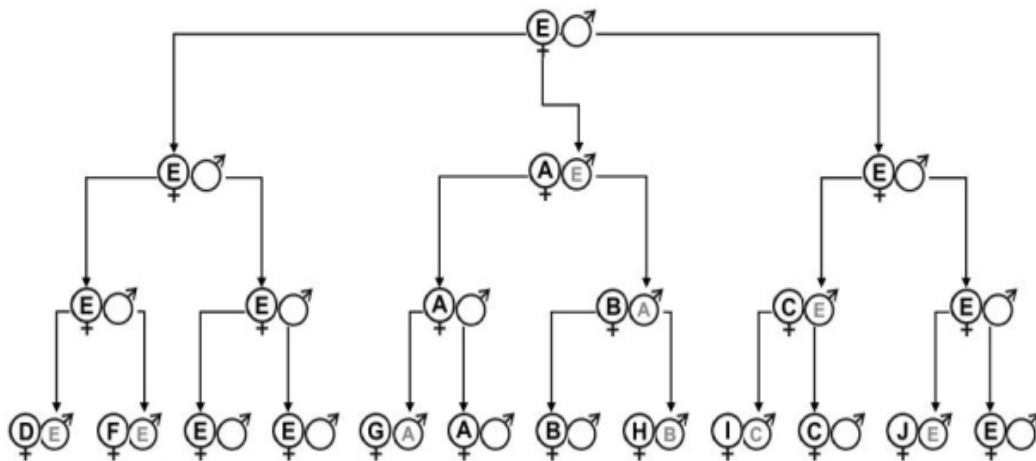


Figura 4. Hombres modernos y linajes ADNmt. Esta figura muestra como se van vinculando nuevas secuencias de ADNmt al acervo genético moderno desde las primeras generaciones. Para simplificar las cosas, hemos supuesto que todos los descendientes de Eva heredan el acervo genético moderno que ella porta en su ADN nuclear, (en realidad el promedio sería la mitad de su descendencia). Salvo a Eva, que le hemos colocado 3 hijos con descendencia, a todas las demás parejas le hemos colocado solamente dos hijos cuyo sexo hemos sorteado de forma aleatoria. El promedio de dos hijos debe ser entendido como hijos que tienen descendencia. Las parejas puede tener más hijos vivos, algunos de los cuales se morirán antes de alcanzar la edad adulta y otros no dejarán descendencia. Las letras mayúsculas representan secuencias mitocondriales: E para el linaje de Eva, las otras mayúsculas que van apareciendo por orden alfabético, corresponden a las nueras de Eva, a las de sus hijas, a las de sus nietas... Como vemos cada miembro varón fértil del linaje de Eva tendría descendencia HAM con ADNmt arcaico. En este ejemplo, en la tercera generación sólo el 25% de las mt-secuencias vinculadas al acervo HAM pertenecen a Eva.

1.4.2. ¿Es posible hacer una estimación de cuantos linajes de ADNmt podrían haber desaparecido?

Para hacernos una idea de los linajes de ADNmt que se han podido quedar por los caminos del pleistoceno utilizaremos el ejemplo de Europa. Según B. Sykes remontando las secuencias de los actuales europeos encontramos 10 hijas de Eva⁶ que llegaron a Europa hace unos 43.000 años. Sin embargo, en 43.000 años una población inicial de 20 inmigrantes (10

hijas de Eva y sus respectivos cónyuges) sólo alcanzaría a formar una población entorno a los 70.000 habitantes (r=OAM3 hasta el holoceno, y tasa general hasta finales siglo XX).

Pero lo cierto es que los descendientes de europeos somos alrededor de unos 1.255 millones. Alcanzar ese tamaño desde una población inicial tan baja requiere una tasa de crecimiento siete veces mayor que la tasa general para el pleistoceno (OAM3).

Evidentemente podemos considerar que la población europea pudo haber crecido a esa tasa, incluso durante el estadio glacial OIS 3, pero si creemos que lo hizo a ritmos homologables al resto del planeta tenemos que aumentar la población inicial hasta casi 350.000 individuos. Lo que equivale a algo más de 170.000 hijas de Eva y a más de 17.000 mujeres por cada una de las 10 secuencias que se supone portaba la población que colonizó Europa.

Desde una perspectiva puramente teórica se podría considerar solamente 10 secuencias compartidas cada una de ellas por un promedio de 17.000 mujeres. Sin embargo, parece más probable que entre las más de 170.000 mujeres iniciales hubiese alguna más de 10 secuencias que en la actualidad se pueden rastrear entre la población europea.

El promedio de descendientes que tendría una pareja del pleistoceno después de 500 generaciones, es decir, antes de que se produzca una mutación en la región de control del ADNmt que caracteriza a esa descendencia, es de 3,22 descendientes, por lo tanto, el número máximo de secuencias ancestrales que se podría encontrar entre aquella población fundadora serían $346.165/3,22$, es decir 107.372. Por tanto la cifra exacta de secuencias europeas originarias estaría entre las 10 que actualmente se pueden rastrear y las 107.372 mt-secuencias máximas que podría haber.

1.4.3. Modificación en la distribución estadística de la variabilidad.

La tasa de crecimiento también influye en la distribución estadística de la variabilidad. En la Europa del siglo V antes de nuestra era convivían pueblos con niveles culturales muy diferentes, desde estados territoriales como la Atenas de Pericles, o Etruria, en el sur de Europa, hasta pueblos cazadores recolectores como los bálticos o los fino-urgos, en el norte, que recorrían miles de kilómetros anuales. Mientras en el oeste todavía se estaban despidiendo de la edad del bronce, en Centroeuropa se difundía el uso del hierro. Hacia el este convivían pueblos sedentarios con una agricultura poco desarrollada, como los eslavos o los germanos, con pueblos nómadas que complementaban sus actividades de pastoreo con el asalto a las comunidades agrícolas. Sin embargo hacía 7.000 - 8000 años la diferencia no era tan grande.

En los cálculos que hemos venimos haciendo Europa necesitaba hace 10.000 años una población entorno a 1,6 millones de individuos. Supongamos que en esa fecha, la variabilidad mitocondrial estuviera repartida proporcionalmente entre todos los europeos. Supongamos, también, que en esa fecha entran a Europa unos 300.000 agricultores asiáticos, y que otros tantos europeos cambian su estrategia depredadora por la producción de alimentos. Pero la

mayoría, es decir, el 70% de la población que es depositaria de un porcentaje similar de diversidad mitocondrial, permanece fiel a sus viejas estrategias depredadoras y por tanto, sujetos a un crecimiento demográfico más bajo que los productores de alimentos. De tal modo que para el año 400 AC, esos 1,3 millones de europeos se ha convertido en algo más de 3 millones, pero ahora los cazadores recolectores solo representan el 10% de la población total, porque los grupos que en el año 10.000 representaban el 30% han crecido casi hasta los 29 millones, el 90% de la población del año 400 AC. Con lo cual el reparto de la variabilidad genética queda de este modo, el 10% de la población serían los depositarios del 70% de la variabilidad mitocondrial, mientras que el 90% lo serían tan solo del 30%.

1.4.4. A menor tasa de crecimiento demográfico mayor índice de variabilidad.

Estamos convencidos de que sea cual sea el valor estimado para la tasa de mutación del ADNmt, el mayor porcentaje de divergencia estará en aquellas sociedades cuya tasa de crecimiento les haga crecer más lentamente⁷, simplemente porque necesitan una población inicial mucho mayor.

La columna (3) de la Figura 5 muestra el tiempo que tarda una pareja fundadora, en función de la tasa de crecimiento de la sociedad en que está integrado, en alcanzar 1.500 descendientes vivos. La columna (4) el número de secuencias potenciales que se pueden producir durante ese tiempo⁸. Como vemos existe una diferencia sustancial entre ambas cantidades, por consiguiente, es de esperar que entre las sociedades cuya tasa de crecimiento demográfico es menor, el porcentaje de divergencia que se pueda encontrar sea mayor.

Mientras que 2 egipcios miembros de un grupo de 1.500 “parientes” sólo encontrarían una diferencia en la región de control de sus secuencias mitocondriales y, por tanto, les bastaría remontarse 10.000 años para encontrar a su “abuela” común; dos ache, de su grupo de 1.500 familiares, podrían mostrar hasta 26 diferencias en el ADNmt ($13 \times 2 = 26$) y tendrían que remontarse más de 130.000 años para encontrar una “abuela” común.

Tal vez los ritmos de crecimiento demográfico lento puedan contribuir a explicar la gran variedad mitocondrial que se encuentra entre las actuales sociedades forrajeadoras y horticultoras como los hiwi, los yanomamos o los kung. Si esto es así, pudiera suceder que la diversidad mitocondrial no sólo esté relacionada con el tiempo al que ha evolucionado una sociedad sino también con el ritmo al que ha crecido. Por tanto, las regiones con un menor crecimiento demográfico en el largo plazo mostrarán una diversidad mayor.

FIGURA 5. TAMAÑO POBLACIÓN, TIEMPO Y MUTACIONES POTENCIALES				
	r	Tiempo que tarda una pareja en tener 1500 descendientes vivos		Población inicial necesaria para obtener 50.000 descendientes en 10ky
		T	Tipos de secuencia potenciales.	
(1)	(2)	(3)	(4)	(5)
OAM3	0,00004775	138.648	14.919	31.017
GLOBAL	0,00066207	10.000	2	67

Figura 5. Tasa Global, la que va desde los 8 millones de habitantes a inicio del pleistoceno, hasta los, aproximadamente, 6.000 millones a finales del siglo XX. La columna (3) muestra el tiempo necesario para que una pareja fundadora tenga 1.500 descendientes vivos dependiendo de la tasa de crecimiento $t = (\log_e P/P_0)/r$; columna (4) muestra el número potencial de secuencia que pueden ser producidas en ese período de tiempo. Nº de secuencias potenciales = $2^{T/10K}$; columna (5) población inicial que se necesita para obtener en 10.000 años una población de 50.000 habitantes ${}_0P = P_t * e^{rt}$.

1.5. Conclusiones.

Un análisis macrodemográfico a lo más que puede aspirar es a producir una imagen de baja resolución de los fenómenos demográficos que analiza. Su capacidad para mostrar la complejidad de la evolución demográfica humana es similar a la que tiene un globo terráqueo para representar la complejidad geográfica del planeta. Sin embargo, a veces esos esfuerzos de abstracción representativa dejan a la vista aspectos que resultan difíciles de apreciar sobre el terreno. Desde la perspectiva del OAM, salvo que se justifiquen tasas de crecimiento muy disímiles y sostenidas durante largos periodos de tiempo entre los continentes, la mayor parte de la población africana debió abandonar África para re-poblar el planeta. Por tanto la mayor diversidad debería encontrarse fuera de África, entre los descendientes de aquellos africanos que la abandonaron hace milenios portando un porcentaje de variabilidad, al menos, similar a su número, sin embargo, esto no es así, lo que a nuestro juicio indica dos posibilidades, o que nunca sucedió la Gran Migración, en el tiempo y modo en que lo explican los genetistas, y/o que se han perdido multitud de mt-secuencias imposibilitando la reconstrucción de tal migración. Esta última posibilidad nos parece bastante probable dada la fragilidad demográfica de los linajes durante el Pleistoceno. Sería interesante preguntarse, en primer lugar si el mito de

Eva se corresponde a una realidad, y en segundo lugar si rastros tan exiguos son suficientes para conducirnos hasta ella, o si no se quedan en algún escalón intermedio, es decir, preguntarse sin no estaremos tomando la parte, el fragmento que somos capaces de reconstruir con los datos que tenemos, por el todo, el complejo proceso de nuestra historia como especie.

1.6. El Continente Incómodo.

La explicación clásica del poblamiento americano (Modelo Clásico, MC) parece el epílogo perfecto al modelo *Out of Africa*. El MC considera que toda la diversidad étnica, lingüística y cultural del Hemisferio Occidental tiene su origen en un pequeño número de siberianos que accedieron por primera vez al Continente Boreal desde Asia hace relativamente poco tiempo. Sería por tanto un proceso reciente en el tiempo, escaso en cuanto al número de fundadores y extraordinariamente periférico en relación a los yacimientos más antiguos y a los primeros núcleos de neolitización y civilización de las Américas. Dentro del MC existe un debate intenso por precisar la cronología, la ruta, o rutas y el número de oleadas en las que llegaron los primeros siberianos, pero nuestra intención es analizar el modelo desde un punto de vista demográfico. Como hemos visto antes, la tasa de crecimiento del pleistoceno hace muy difícil que partiendo de una población inicial pequeña y de un tiempo tan breve se pueda alcanzar primero el tamaño de población que sugiere el registro fósil paleoindio y en segundo lugar el tamaño que se estima tenía la población precolombina. Para nuestro análisis consideremos ca. 15.000 años AP como el momento de entrada Clásico.

1.7. Un análisis macrodemográfico del primer poblamiento americano.

Partimos de la hipótesis que ya conocemos: las tasas de crecimiento demográfico de los continentes durante el pleistoceno no debieron ser muy divergentes de la tasa general mundial. Por lo tanto, la tasa de crecimiento que obtengamos a través de las hipótesis del MC debería ser similar a la tasa general.

Para calcular la tasa de crecimiento americana utilizaremos las estimaciones que los genetistas proponen como población inicial (ρP) y que cifran en un número efectivo menor a 80 individuos (Hey, 2005). Como población final (tP) utilizaremos las estimaciones que la demografía histórica propone para la población precolombina. El rango es bastante amplio. Va desde los 8,4 millones de Kroeber, las más bajas, hasta los 101,3 millones de Dobyns, las más altas y más o menos entre ambas se sitúan las de Denevan, 53,9 millones (Denevan 1976; Livi-Bacci, 2006).

Con estos datos obtenemos las siguientes tasas (r): Kroeber $r=0,0007974$; $DT=869$ años; Denevan $r=0,0009256$; $DT=749$ años; y Dobyns $r=0,000969$; $DT=715$. (Figura 6)

Para hacernos una idea de lo que significan las tasas que necesita el MC nos gustaría compararlas con la tasa a la que evolucionó la población mundial durante ese mismo tramo

temporal, pero la demografía histórica no ofrece estimaciones sobre el tamaño de la población mundial hace 15.000 años, así que la compararemos con el tramo que va desde los 8 millones al inicio del holoceno hasta los 461 millones del siglo XVI (Livi-Bacci, 2002).

En buena lógica deberíamos esperar que la tasa americana fuese menor, puesto que dispone de 5.000 años más para crecer y como ese crecimiento se produjo durante el pleistoceno debería promediar a la baja, sin embargo no es así: La tasa de crecimiento general del holoceno hasta el siglo XVI es casi dos veces menor que la tasa Kroeber que es la que se corresponde con las estimaciones más bajas: Tasa General $r=0.000426$; $DT=1.624$. (Figura 6)

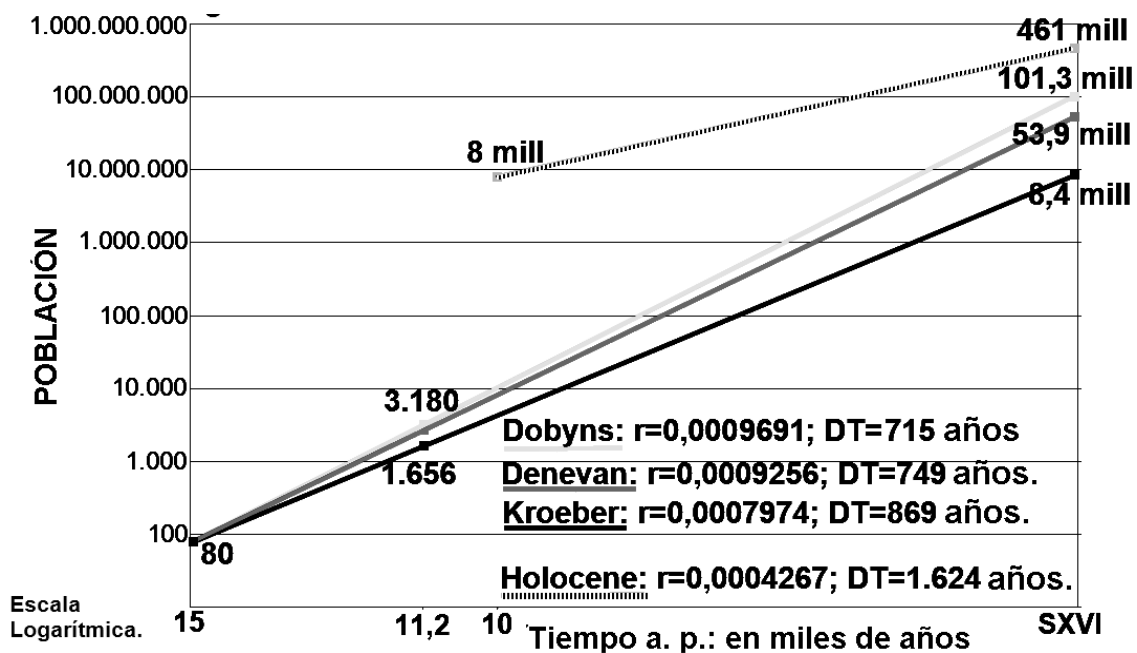


Figura 6. Tasas de crecimiento del Modelo Clásico y Tasa General del Holoceno.

Esta figura y las siguientes representan el crecimiento demográfico en escala logarítmica.

El ángulo que forma la pendiente con el eje horizontal representa la tasa de crecimiento.

Incluso visualmente los ángulos que forman las estimaciones para la población precolombina son más abiertos que el que forma la tasa general para el holoceno. Subrayar la escasa población que se obtiene al final del periodo paleoindio, hace 11.200 años. Esto es consecuencia directa de dos de las principales hipótesis del MC: población escasa en número y reciente en el tiempo.

El rango en el que se mueven las tasas de crecimiento que necesita el MC se sitúan en valores históricos. Por ejemplo, la tasa que necesitan las estimaciones de Denevan es un 40% mayor que la tasa a la que evolucionó la humanidad durante los últimos 10.000 años hasta finales del siglo XX: $r=0,00066$; $DT=1.047$ años y es menor, un 71%, que la tasa a la que evolucionó la población mundial en los últimos 2000 años $r=0,0016$, $DT=437$.

También podemos comprobar lo desproporcionadas que resultan las tasas americanas comparando el número de duplicaciones que caben en el mismo tramo temporal. En los 9.500

años que van desde el inicio del holoceno hasta el siglo XVI la tasa general ha permitido 6 duplicaciones, mientras que las tasas MC han permitido entre 11 y 13 duplicaciones, ritmo que venía manteniendo durante 5.000 años de pleistoceno.

1.8. El peculiar registro fósil americano.

Sin embargo, a pesar de evolucionar a una tasa tan improbable como la que necesitan las estimaciones precolombinas, la población que habitaría el Hemisferio Occidental hace 11.200 años, cuando se sitúa el final del periodo paleoindio, apenas superarían los 3.200 individuos para las estimaciones más altas, las de Dobyns (Figura 6).

Para muchos autores instalados en el paradigma del MC no existen pruebas arqueológicas lo suficientemente claras que induzcan a plantear un tiempo pre-paleoindio en el Hemisferio Occidental. Y ha sido precisamente esa falta de pruebas arqueológicas la que en buena media ha determinado el carácter reciente del primer poblamiento americano. La escasa población fundadora es consecuencia del origen siberiano de las migraciones.

Sin embargo, a partir de hace 13.500 años el registro fósil se “manifiesta” con una extraordinaria dispersión y heterogeneidad en el continente Austral y con una abundante contundencia en el continente Boreal, donde se han registrado más de 5.700 yacimientos con restos paleoindios, de los cuales 1.800 han proporcionado 27.488 puntas de proyectil. Los yacimientos paleoindios están repartidos por los dos tercios sur de este continente con una especial concentración en el sur-este de los EE.UU.⁹.

Esta peculiaridad del registro fósil americano compromete, a mi modo de ver, la explicación clásica. Es difícil sostener que 2.700 individuos (para las estimaciones de Denevan), conseguidos con una tasa de crecimiento propia de épocas históricas, sean los responsables, no solo de semejante número de yacimientos, sino de su inmensa dispersión a lo largo y ancho de unos 15 millones de km².

Para solucionar esta incoherencia, algunos de los promotores más fervientes del MC proponen tasas de crecimiento propias del siglo XX (Figura 7). Inicialmente el modelo lo propuso Martín (1973, 1990), y años más tarde lo recuperó Fiedel. (Fiedel, 1996; 2000). La explicación que proponen estos autores -una cierta presión demográfica- da respuesta a dos inquietudes: la extinción de fauna a finales del pleistoceno y la migración de los grandes cazadores paleoindios desde el “paraíso boreal” hacia Mesoamérica y el continente Austral.

Martín y Fiedel cifran esa “presión demográfica” entre los 600.000 y el millón de individuos respectivamente, población que según ellos se habría alcanzado en tan solo 350-500 años. Ese crecimiento, desde una población inicial pequeña, implica tasas que superan entre dos y tres veces la tasa a la que crecieron los EE.UU. durante el siglo XX, posiblemente una de las más altas de la historia de la humanidad.

La explicación Martin-Fiedel, además de ser fiel al modelo Clovis First, responde razonablemente bien al hecho de que el poblamiento paleoindio es casi sincrónico en los 42 millones de km² que abarca el Hemisferio Occidental. Sin embargo la explicación resulta poco convincente desde una perspectiva demográfica porque demanda tasas de crecimiento más propias de sociedades industriales y con elevados saldos migratorios positivos, como los EE.UU., que de sociedades de cazadores recolectores.

La explicación de Martin y Fiedel se basa en el supuesto que cada nuevo reemplazo generacional efectivo era el doble de grande que el precedente, es decir que en cada generación se duplicaba la población. Para que eso ocurra se necesita que cada pareja contribuya con un aporte mínimo de 4 hijos a la población fértil de la generación siguiente. Pero lograr ese promedio en las sociedades cazadoras-recolectoras es muy poco probable.

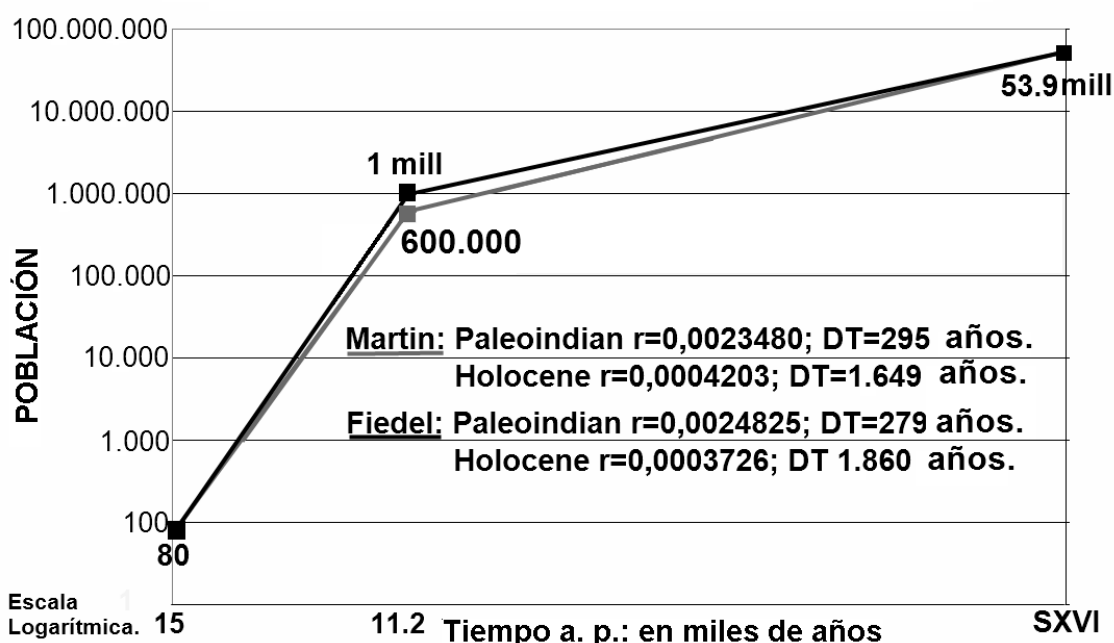


Figura 7. Tasa de crecimiento para el modelo Martin-Fiedel. El modelo original planteaba una primera entrada coherente con el modelo Clovis First, es decir, unos 500 años antes del final del período paleoindio con lo cual la pendiente sería prácticamente perpendicular al eje de las X. De todos modos, incluso actualizado con el actual consenso (15.000 años AP) las desmesuradas necesidades demográficas del modelo son evidentes.

Una serie de factores relacionados con la vida cazadora recolectora, tales como el ejercicio físico al que están sometidas las mujeres o las amenorreas vinculadas con la lactancia, etc., implican intervalos muy largos entre nacimientos, lo que unido a una pubertad tardía hace que el promedio de hijos por mujer recolectora no supere los 5,6 hijos.

Pero no todos los nacidos en una sociedad alcanzan la edad adulta. A esa cantidad hay que descontarle un porcentaje a cuenta de la mortalidad infantil y otro por el número de individuos que mueren antes de alcanzar la edad fértil que para una sociedad con una esperanza de vida al nacer de 35 años ronda el 43%. Unas estimaciones muy optimistas nos dejarían para el reemplazo generacional un promedio entre 2,3 y 2,5 hijos por mujer. Muy lejos de los 4 que necesitan las hipótesis de Martin y Fiedel.

Sin embargo coincido con estos autores en la necesidad de una población grande para justificar el registro paleoindio, pero no parece muy verosímil que los cazadores del pleistoceno alcanzaran esa población creciendo de modo sostenido durante 3.800 años 5,5 veces más rápido que sus nietos agricultores (Figura 7).

1.9. Tasas de Crecimiento Generales.

Aunque sea de un modo teórico podemos calcular la población que necesitan las estimaciones de referencia para la población precolombina si esa población hubiese crecido a tasas similares a las generales. Para hacerlo necesitamos conocer la tasa general a la que evolucionó la población mundial desde los 8 millones al inicio del holoceno hasta los 461 millones a principios del siglo XVI, según estimaciones de Livi-Bacci, y obtenemos $r=0,00043$; $DT=1.624$ años.

Si remontamos, con esta tasa, las estimaciones de Denevan obtenemos: 935.358 habitantes; una cifra muy similar a la que proponen Martin-Fiedel. (145.770 para Kroeber, 1,76 millones para Dobyns)

A partir de estas cifras y utilizando la tasa de crecimiento del pleistoceno (OAM3) podemos calcular cuanta gente se necesita en todo el Hemisferio Occidental hace 30.000 años, una fecha de entrada más realista desde el punto de vista de la formación de poblaciones humanas y que también entra dentro del rango propuesto por los genetistas. Para alcanzar las estimaciones planteadas por Denevan hacen falta que 359.957 paleoamericanos, 56.097 para las de Kroeber y 667.506 para las de Dobyns (Figura 8).

Cualquiera de los tres tamaños son poblaciones demasiado grandes para las posibilidades demográficas del origen siberiano. En la actualidad la provincia independiente de Chukotka (737.700 km²) en el extremo noroeste de Siberia tiene una población entorno a los 50.000 individuos de los cuales solo 15.000 son indígenas.

La otra variable que podemos cambiar en la ecuación -sin recurrir a tasas de crecimiento similares a las del Holoceno- es el momento de la entrada: ¿cuánto tiempo necesita una población de 500 individuos (una red connubial) para alcanzar el tamaño de la población precolombina?

Para que una población de 500 individuos alcance las estimaciones de Denevan creciendo a tasas similares a las que se derivan del modelo *Out of Africa*, se necesita 168.572 años;

128.359 años para alcanzar las estimaciones de Kroeber y 180.505 años para alcanzar las de Dobyns (Figura 7).

1.10. Resultados del análisis macrodemográfico americano.

Ya hemos dicho que se trata de un ejercicio teórico, que las cifras son hipotéticas y que hay que tomarlas como un simple indicio del tiempo que tardan en formarse las poblaciones humanas durante el pleistoceno. La bondad de los números que hemos obtenido está en función de que se cumplan dos requisitos: 1) que las hipótesis del modelo *Out of Africa* sean correctas, 2) que la desviación continental a la tasa general no sea muy amplia.

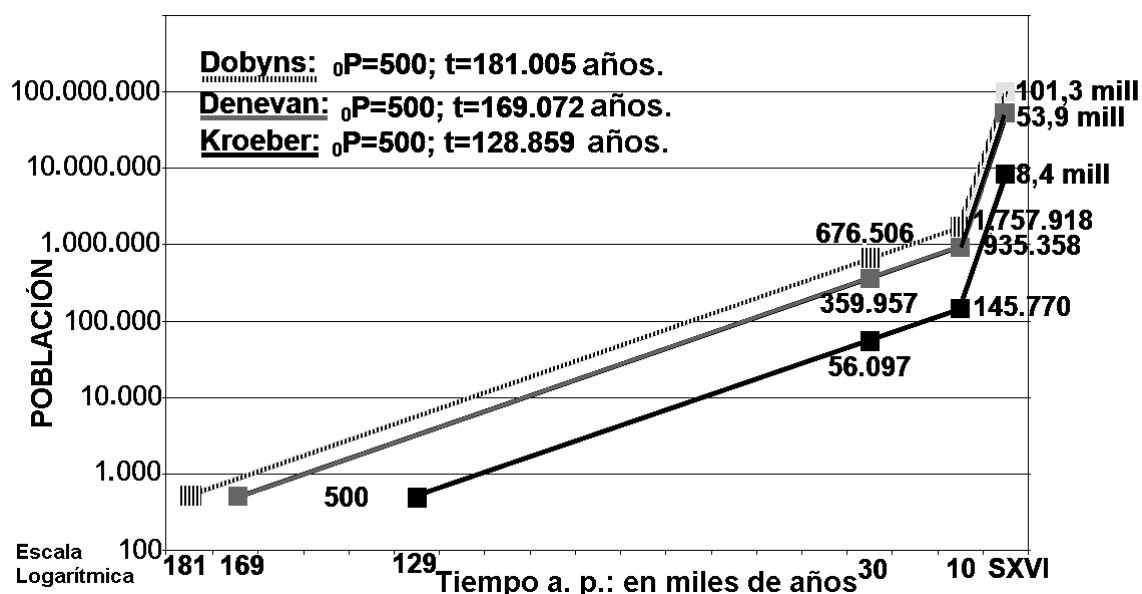


Figura 8. Retomando las estimaciones para la población precolombina con las tasas generales.

Entre el siglo XVI y el inicio del holoceno utilizamos la siguiente tasa: $r=0,000427$;

$DT=1.624$ años. Y a partir del holoceno la tasa OAM3.

Pero el objetivo de este análisis no es alcanzar unas estimaciones más o menos acertadas sobre el tamaño de las poblaciones paleoamericanas, el objetivo fundamental era analizar la coherencia demográfica del MC para la explicación del primer poblamiento americano.

En este sentido creemos que las cifras que hemos obtenido, y a pesar de su baja resolución, ponen de manifiesto la poca coherencia de dos de las premisas iniciales - poblamiento reciente y población inicial escasa- con la abundancia y dispersión del registro fósil de hace 11.200 años y con el tamaño de la población precolombina.

A juzgar por la tasa de crecimiento demográfico que obtenemos a partir de las hipótesis del *Out of Africa* para el Pleistoceno, y aun presuponiendo un cierto rango en la desviación de la

tasa continental con respecto a la tasa general, el primer poblamiento americano tuvo que iniciarse con una población mayor y/o en una época bastante anterior de la que supone el MC.

1.11. Conclusión Final.

El primer poblamiento americano parece a priori encajar perfectamente y desde siempre en las hipótesis de la Gran Migración, sin embargo, desde el punto de vista demográfico el asunto no está tan claro. Pudiera ser que una mezcla favorable de todos los factores que hemos analizado: incremento de la tasa de crecimiento, flujo migratorio constante, población precolombina baja... permitiera encajar las tesis de poblamiento reciente. Es cierto que una lectura rigurosa de la “letra” del registro fósil americano no anima a pensar en fechas demasiado antiguas, pero creemos que además de escuchar la “letra” también se puede escuchar el “espíritu” del registro fósil. Espíritu que manifiesta en su enorme dispersión y, en una lejanía inmensa de la supuesta puerta de entrada. Tradicionalmente esto se ha interpretado como demostración de una enorme movilidad, una alta tasa de crecimiento demográfico y un fuerte desarraigo territorial que les lleva a migrar constantemente de un medio ambiente a otro, mudando de estrategias, de sistema social, etc. Pero todo esto parece entrar en contradicción con lo que sabemos de las sociedades humanas que suelen estar marcadas por el arraigo a la tierra que conocen y que les proporciona el sustento. Sin embargo la dispersión del registro fósil también puede sugerir una población numerosa y un tiempo de poblamiento más profundo. Creemos que todo nos indica que la formación de poblaciones humanas, no solo las del Continente Incómodo, son un fenómeno mucho más complejo de lo que sospechamos.

Creemos que la hipótesis del poblamiento reciente, aunque se pueda ajustar al registro fósil, constriñe el marco de referencia en el que han de encajar las variadas y abundantes piezas del puzzle americano. Si partir de un marco de referencia tan riguroso nos imposibilita colocar “cómodamente” todas las piezas, tal vez sería más conveniente cambiar de estrategia, colocar las piezas lo más lógicamente posible y una vez colocadas ver que marco de referencia dibujan.

Y por supuesto, no creemos que las Américas sean una pieza incómoda, todo lo contrario, creemos que es una pieza clave para comprender el poblamiento humano de la Tierra. Pero para ello es necesario darle una oportunidad y acercarse a su estudio sin prejuicios, sin marcos de referencia demasiado estrechos.

2. Notas.

¹ 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 Moyá (1999: 217-218).

² Intentamos conciliar lo más posible el análisis a las hipótesis de los genetistas quienes hasta el momento han encontrado más variación mitocondrial en África que en el resto del planeta, lo que interpretan como mayor tiempo de divergencia. Por lo tanto, en el momento de la Gran Migración (100.000 AP) tuvo que salir de África menos gente de la que se quedó, y como estamos asumiendo que las tasas de crecimiento durante el pleistoceno no debieron ser muy divergentes de un continente a otro, la única forma posible para ajustar el balance demográfico posterior es a través de la migración.

³ El asunto no está tan claro. Existe una gran divergencia entre los valores que se obtienen para la tasa de evolución según el método que se aplique para calcularla. Los métodos filogenéticos sitúan a Eva entre los 60.000 y los 800.000 años (aunque existe un cierto consenso entorno a los 200.000 años), mientras que los métodos genealógicos la sitúan entorno a los 10.000 años, e incluso antes.

⁴ Creciendo a tasas OAM 3, Eva, un solo individuo, tardaría más de 130.000 años en alcanzar una descendencia de 500 individuos vivos en la misma generación. Casi 60.000 años en el caso de que lo hiciera a tasas OAM1. Tradicionalmente se considera que 500 individuos conforman una red connubial, una red matrimonial.

⁵ Descendencia final es un término que tomamos prestado la demografía, aunque aquí no lo usamos de un modo ajustado a su definición. Aquí lo utilizamos como la descendencia media por mujer que pasa a integrar la siguiente generación y completa su período fértil

⁶ En el trabajo original de Sykes (2001) proponía 7 secuencias fundadoras que las identificaba con 7 hijas de Eva. En la actualidad se estiman en 10 el número de secuencias fundadoras y se supone que no llegaron todas en la misma época. Para facilitar los cálculos suponemos que las “10 hijas de Eva” llegaron hace 43.000 años.

⁷ En la literatura sobre tema siempre se relaciona tasa de mutación, es decir, los errores en la copia de ADN con el tiempo, nunca con número de “copias” que se han hecho. Sin embargo ese número varía mucho en función de la tasa de crecimiento a la que se desarrolle una población. Si calculamos 20 años por generación, al cabo de 500 generaciones OAM1 (10.000 años) la pareja fundadora habrá tenido un promedio de 1.809 descendientes, mientras una pareja GLOBAL habría tenido un promedio de 113.985 individuos. De hecho la “familia” GLOBAL habría alcanzado los 1.809 descendientes entre la generación 194 y 195. Pudiera ser que el número de copias hechas también tenga su importancia en los “errores” de copia del ADN.

⁸ Si aceptamos que cada 10.000 años hay una diferencia en un linaje, eso equivale a que cada 10.000 años hay dos secuencias diferentes. Al cabo de 20.000 años habría otras dos secuencias por cada una de las anteriores, etc.

⁹ Para las fechas, los datos y estadísticas de los yacimientos paleoindios utilizamos dos fuentes 1ª “Theme study: The earliest americans”. National Park Service. US Department of Interior. Última actualización: 11/27/2006. Y PIDBA The Paleoindian Database of the Americas del Departamento de Antropología de la Universidad de Tennessee. El “corazón” del registro arqueológico paleoindio, es decir el promedio de las coordenadas geográficas de los 5.729 yacimientos que aparecen registrados en la base de datos PIBDA (11/12/06), se sitúa a 31°9'2"N, 95°8'58"W, al sureste del estado de Texas a 6.105 Km. de Wales en la orilla americana del estrecho de Bering y a unos 200 kilómetros del golfo de México.

3. Bibliografía.

- ACOSTA, J., 1792: *Historia Natural y Moral de las Indias, en que se tratan las cosas notables del Cielo, elementos, metales, plantas y animales de ellas; y los ritos, ceremonias, leyes, gobierno y guerras de los indios. Por el Padre Joseph de Acosta, de la extinguida Compañía de Jesús. Dada a luz en esta sexta edición.* D.A.V.C. Tomo Primero. Con licencia, en Madrid, por Pantaleón Aznar. Año de M.DCC.XCII. Se hallará en la Librería de D. Antonio del Castillo.
- ALCINA FRANCH, J., 1985: *Los orígenes de América.* Alhambra. Madrid.
- BERTRANPETIT, J. y JUNYET, C., 2000: *Viaje a los orígenes. Una historia biológica de la especie humana.* Península Atalaya. Barcelona.
- CAVALLI-SFORZA, L., 2000: *Genes, pueblos y lenguas.* Crítica. Barcelona.
- CAVALLI-SFORZA, L., 1995: *The Great Human Diasporas.* Reading. Massachusetts.
- DENEVAN, W. M., Ed., 1976: *The Native Population of the Americas in 1942.* The University of Wisconsin Press. Wisconsin.
- DILLEHAY, T., 1988: *Monteverde. Late Pleistocene Settlement in Chile.* Vol. 1: "Paleoenvironment and Site Context". Smithsonian Institution Press. Washington y Londres
- DOUGLAS, M., 1966: "Population control in primitive groups". *Br. J. Sociol.* XVII, núm. 3.
- FIEDEL, S. J. 1996: *Prehistoria de América.* Crítica. Barcelona.
- FIEDEL, S. J., 2000: "The peopling of the new world: presence evidence, new theories, and future directions". *Journal of Archaeological Research* 8 (1), pp. 39-103.
- FONTDEVILLA, A. y MOYÁ, A., 1999: *Introducción a la genética de poblaciones.* Síntesis. Madrid.
- GAMBLE, C., 1986: *El poblamiento paleolítico de Europa.* Crítica. Barcelona.
- HARRIS, M. y ROSS, E. 1999 [1987]: *Death, Sex and Fertility. Population Regulation in Preindustrial and Developing Societies.* Columbia University Press.
- HARRIS, M., 2003: *Nuestra especie.* Antropología Alianza. Madrid 2003.
- HEY, J., 2005: "On the Number of New World Founders: A Population Genetic Portrait of the Peopling of the Americas". *PLoS Biol* 3(6): e193 DOI: 0.1371/journal.pbio.0030193.
- JABLONSKI, N., Ed., 2002: *The First Americans: The Pleistocene Colonization of the New World.* Memoirs of the California Academy of Sciences No. 27, Wattis Symposium Series in Anthropology. University of California Press. San Francisco.
- LIVI BACCI, M., 2006: *Los Estragos de la Conquista. Quebranto y declive de los Indios de América.* Crítica. Barcelona.
- LIVI BACCI, M., 1993: *Introducción a la demografía.* Ariel. Barcelona.
- LIVI BACCI, M., 2002: *Historia mínima de la población mundial.* Ariel Historia. Barcelona.
- MARTIN, P., 1973: "The Discovery of American". *Science* vol.179: pp. 969-974.

- MARTIN, P., 1990: "Who or What Destroyed our Mammoths?" En MEAD y NELSON, *Megafauna and Man*, pp.109-117. Hot Springs, South Dakota.
- NORDBOR, M., 2001: "Coalescent theory". En BALDING, D., BISHOP, M. y CANNINGS, C., Ed.: *Handbook of statistical genetics*, pp. 179-212. Wiley.
- PASARGE, E.; 2001: *Genética. Texto y Atlas*. Panamericana.
- PAKENDORF, B. y STONEKING, M., 2005: "Mitochondrial DNA and Human Evolution". *Annual Review of Genomics and Human Genetics* 6: pp. 65- 83.
- PEÑA GARCIA, J. A. y ALFONSO SÁNCHEZ, M. A., 2000: *Presiones evolutivas en poblaciones humanas. Conceptos básicos*. Servicio Editorial Universidad del País Vasco.
- POUNDS, N.J.G., 1999: *Geografía histórica de Europa*. Crítica. Barcelona.
- PRESSAT, R., 1999: *Introducción a la demografía*. Ediciones Altaya. Barcelona.
- RIVET, P., 1960 [1943]: *Los orígenes del hombre Americano*. Colección Popular. Fondo de Cultura Económica. México.
- SYKES, B., 2001: *Las siete hijas de Eva*. Debate. Madrid.
- WATSON, J. D., 2003: *ADN, el secreto de la vida*. Taurus.
- WRIGLEY, E. A., 1985: *Historia y población. Introducción a la demografía histórica*. Crítica. Barcelona.