

## **EL VALLE DE AZAPA EN EL NORTE DE CHILE. ANÁLISIS DE UN MODELO BIOCRONOLÓGICO PARA ESTABLECER LA ESTRUCTURA DE LA POBLACION<sup>1</sup>**

*José A. Cocilovo<sup>2</sup>*

*Francisco Rothhammer<sup>3</sup>*

### **RESUMEN**

En el presente trabajo se analiza el proceso microevolutivo de la población prehistórica del Valle de Azapa (Norte de Chile), mediante un nuevo estudio de la información preparada con motivo de experiencias anteriores, relacionada con la obtención de una explicación genético-poblacional sobre la diferenciación biológica observada en el área. Hemos empleado matrices de distancias  $D^2$  de Mahalanobis calculadas entre cinco grupos de distintas fases cronológicas para la muestra total y para cada uno de los sexos. Hemos utilizado una adaptación de un modelo que preve el incremento exponencial del parentesco a medida que aumenta la distancia cronológica entre las muestras. Los resultados obtenidos confirman una alta correlación entre distancias morfológicas y cronológicas. De acuerdo con lo esperado, casi un 80 % de la variación métrica puede ser explicada por una función de las

---

1. Trabajo realizado con fondos del proyecto PID 137200/88 (CONICET) y Programa 477/92 (UNRC), Argentina.

2. Departamento de Ciencias Naturales, Universidad Nacional de Río Cuarto.

3. Departamento de Biología Celular y Genética. Facultad de Medicina. Universidad de Chile.

diferencias cronológicas (en número de generaciones) basada en el desarrollo de un proceso dispersivo regulado por la acción de la migración.

## ABSTRACT

The microevolutive process of the prehistoric population from Valle de Azapa (North of Chile) was analyzed through a population-genetic approach about the biologic differentiation observed in the area. We had employed a Mahalanobis distance ( $D^2$ ) matrix data computed between five groups from different chronologic phases, for the total sample and for each sex. The model developed here is an empiric adaptation of that one which predicts an exponential increase of the relationship as the chronologic distance of samples increases. The results confirm a high correlation among morphologic and chronologic distances. As expected, almost 80 % of the metric variation can be explained by means of a function of the chronologic differences based on the development of a dispersive process controlled by migration.

## INTRODUCCION

Un conjunto de factores históricos, políticos, sociales, biológicos, geográficos y económicos influyen en la constitución interna de la población que se traduce en la conformación de grupos o de subgrupos (generaciones, clases sociales o localidades) de individuos vinculados por relaciones de parentesco más o menos estrecho (dentro de grupos) o más o menos lejano (entre grupos). Son particularmente importantes en la definición de la estructura de la población su tamaño (finito), la movilidad y el apareamiento selectivo (Cavalli-Sforza y Bodmer, 1981), interactuando con la mutación, la migración y la selección.

Un conjunto de procedimientos numéricos incluidos bajo la denominación de bioensayos de parentesco (bioassay of kinship), desarrollados principalmente a partir de Malecot (1969) por Morton et al., 1968; 1971; ms), Morton y Green (1972), Morton (1973a, 1973b, 1973c, 1973d, 1977), Morton y Lalouel (1973), permitieron disponer de un instrumento de trabajo para interpretar el proceso dispersivo en poblaciones finitas, empleando datos genéticos, antropométricos e isonimia (Relethford, 1980a; b; 1981; Relethford et al. 1980; 1981).

La extinción exponencial del parentesco con la distancia entre las poblaciones, se produce de acuerdo con la siguiente expresión:

$$\varnothing(d) = ae^{-bd} \quad (1)$$

donde el parentesco entre dos grupos  $\varnothing$ , depende de la distancia  $d$  entre ellos. El parámetro  $a$  mide el parentesco medio dentro de poblaciones locales, y  $b$  es la tasa de disminución del mismo con la distancia. El fenómeno así descrito, es regulado por el efecto de migraciones locales y fuerzas estabilizadoras lineales (principalmente migración de amplio rango y selección). Cuando se produce la subdivisión de una población en varias líneas, siendo  $N$  el tamaño efectivo en cada línea y  $m$  la presión de migración hacia ella, el parentesco local varía de la siguiente forma (Morton et al., 1971):

$$\varnothing(t) = \Phi(1 - e^{-1/2N\Phi}) \quad (2)$$

$$\text{en donde } \Phi = \varnothing(\infty) = 1/(4Nm+1) \quad (3)$$

La esperanza matemática de la correlación genética entre dos poblaciones de un rasgo de herencia aditiva es proporcional a la heredabilidad y al coeficiente de parentesco, bajo el supuesto de distribución al azar de la variación no genética y de estimación sin error del parentesco (Morton et al. 1968; 1971; Morton, 1973a;b; c; d; 1977; Morton y Lalouel, 1973; Relethford, 1980a).

Los valores  $D^2$  obtenidos en base a mediciones pueden ser expresados en términos del modelo de aislamiento por distancia:

$$D^2_{ij} = A'(1 - e^{-bd}) \quad (4)$$

El parámetro  $b$  de esta expresión puede ser estimado por una regresión no lineal de los valores  $D^2$  sobre  $d$  para todos los pares de poblaciones, y es equivalente al del modelo original de Malecot.  $A' = 2a/M$ , donde  $M$  es una constante que indica la varianza genética entre grupos y  $a$  es el parámetro que mide el parentesco promedio dentro de grupos que puede estimarse si se conoce  $M$ . Este último puede ser calculado si se dispone de información sobre la matriz de covarianzas genéticas entre rasgos o una estimación independiente del parentesco  $\varnothing_{ij}$  para todos los pares de poblaciones (Relethford, 1980a).

En el Valle de Azapa (Norte de Chile) se realizó la primera experiencia con grupos prehistóricos (Rothhammer et al. 1982). Los valores  $D^2$  calculados entre pares de muestras presentaron una alta correlación con distancias cronológicas, razón por la cual se consideró apropiado partir de la siguiente expresión:

$$D^2_{ij} = A(1 - e^{-ct}) \quad (5)$$

para explicar la variación de  $D^2$  en función del tiempo y estimar el parámetro  $c$  del modelo exponencial, oportunidad en la cual se adelantó la hipótesis de la acción de migraciones de amplio rango sobre la zona como el principal factor responsable en la determinación del parámetro  $c$ .

La variación cronológica en el Valle de Azapa, fue posteriormente estudiada empleando rasgos no métricos con similares resultados en términos de correlación entre cronologías y distancias morfológicas (Rothhammer et al., 1984). Una hipótesis global sobre las relaciones de parentesco ancestral entre diversos grupos del Norte de Chile, Perú y N.O. Argentino fue presentada por Rothhammer et al., (1983) y Cocilovo y Rothhammer (1990) en donde se propone una explicación sobre el origen y el desarrollo de la población desde el punto de vista cronológico y espacial.

El presente trabajo tiene por finalidad retomar aquella experiencia de análisis de la estructura de la población prehistórica del Valle de Azapa, realizando una nueva estimación de parámetros y una evaluación de la información obtenida con respecto a la muestra total y a cada sexo en particular.

## **MATERIAL Y METODOS**

Hemos empleado los datos publicados en un trabajo anterior realizado por Rothhammer et al. (1982), en donde se proporciona información sobre las muestras, su cronología y la obtención de las mediciones. El material original (Tabla 1) fue exhumado de varios sitios cuyas referencias arqueológicas corresponden a Uhle (1919), Focacci (1969;1974), Focacci y Erices (1973), Erices (1974), Niemeyer y Schiapacasse (1977).

Los valores  $D^2$  están basados en nueve variables métricas del cráneo escasamente influidas por la deformación artificial: diámetro frontal mínimo, anchura bicigomática, diámetro alvéolo basilar, altura nasio alveolar, altura de la nariz, anchura y altura orbitarias, longitud y anchura del paladar. Se supone la existencia de una matriz de varianzas y covarianzas común dentro de grupos y su constancia en las distintas muestras. Las distancias cronológicas fueron calculadas de nuevo (Tabla 1); se consideraron las diferencias antes del presente entre pares de muestras convertidas luego en términos de generaciones (Tabla 2).

La asociación entre distancias cronológicas (DG) y los valores  $D^2$  para la muestra total (DT), para masculinos (DM) y para femeninos (DF), fue evaluada por medio del coeficiente de correlación por rangos de Spearman, pues no se suponen distribuciones normales ni relaciones lineales.

El análisis de la estructura de la población, se realizó suponiendo un modelo que prevee el incremento del parentesco en el tiempo (2). No hemos tenido en cuenta el efecto de las mutaciones y si bien no podemos suponer cambios climáticos drásticos en un lapso de ocho milenios, tampoco podemos garantizar la sucesión de condiciones ambientales constantes ni una economía relativamente estable en el segmento biocronológico estudiado. Sin embargo, las muestras pertenecen a grupos con una estrecha adaptación a una economía de captación de recursos marinos pero integrada con productos continentales provenientes del Valle de Azapa y de otras regiones fruto de la interacción en rangos más amplios con radio altiplánico y también transaltiplánico (Santoro, 1980; Rivera y Espouys, 1974; Focacci, 1969; Rivera et al. 1974; Rivera y Rothhammer, 1986; Rothhammer et al., 1983).

La estructura de la población es el resultado de factores históricos y culturales que influyen sobre las pautas de apareamiento y por ésto en la variación genética y genotípica (Relethford, 1981). La población del Valle de Azapa se originó posiblemente a partir de un grupo fundador entre el X° y VIII° milenio BC, si suponemos una adaptación exitosa que permitió la consolidación del hábitat y la instalación permanente, el proceso microevolutivo esperado puede responder, a priori, a un modelo dispersivo (deriva) con un incremento exponencial del parentesco y una disminución de la heterocigocidad media con el tiempo, moderado por la acción de presiones evolutivas sistemáticas (selección y migración). Los individuos que integran cada fase temporal pueden considerarse en parte descendientes de anteriores habitantes y en parte de nuevos miembros provenientes de otros lugares del valle, de otros valles próximos, y aún de otras regiones como por ejemplo del altiplano andino.

La evolución del parentesco local en el tiempo (según 2 y 3) es una función de la presión de migración efectiva y del tamaño efectivo de la población (Morton, 1973d; 1977). De acuerdo con (2) y (3) podemos hacer la equivalencia entre  $\Phi$  y  $\mathbf{a}$ , y  $\mathbf{c} = (2\mathbf{m} + 1/2\mathbf{N})$  (6), entonces los parámetros  $\mathbf{a}$  y  $\mathbf{c}$  se encuentran relacionados, siendo  $\mathbf{a} = 1/(2\mathbf{Nc})$  (7). Se supone la extinción exponencial del parentesco ancestral entre fases (a una tasa  $\mathbf{c}$ ) a medida que disminuye la heterocigocidad media y un incremento del parentesco medio entre los individuos de cada fase particular.

Los cálculos necesarios fueron realizados mediante una regresión no lineal de los valores  $D^2$  entre muestras sobre  $t$  en términos de diferencias de generaciones. La bondad de los ajustes se midió por el error estándar de la estimación de cada parámetro, por el coeficiente de correlación lineal y por un análisis de la varianza referida a la regresión. En todos los casos esto se repitió para los valores  $D^2$  totales, para masculinos y para femeninos en forma separada esperando un comportamiento similar de ambos sexos.

## RESULTADOS Y DISCUSION

Los valores  $D^2$  calculados sorprenden por su magnitud relativa (Tablas 2 y 3). Su amplitud supera a las distancias máximas calculadas (con el mismo conjunto de variables) entre muestras de una gran extensión geográfica, por ejemplo desde Perú hasta Tierra del Fuego (cfr. Cocilovo, 1981; Cocilovo y Di Rienzo, 1984-1985). La correlación entre las distancias  $D^2$  totales y las diferencias de cronología entre las muestras es significativa (Tabla 4). Las series femeninas presentan un valor mayor y se comprueba una mayor asociación con las  $D^2$  totales y una menor relación con las distancias masculinas. En todos los casos, el análisis de la varianza para la regresión total es altamente significativo, pero es diferente la cantidad de variación explicada: 79 % para  $D^2$  totales, 62 % para masculinos y 54 % para femeninos (Tabla 5).

Los coeficientes  $c$  expuestos son menores que los esperados de acuerdo con otros bioensayos de parentesco. En efecto, a partir de varios ejemplos proporcionados por Morton (1977), hemos comprobado que este parámetro varía con una amplitud de 0.08 a 0.3. Debemos advertir que la magnitud de  $c$  aquí obtenida depende de la escala referida a los valores  $D^2$  y de cronología. Por otra parte el registro del Valle de Azapa es el de mayor magnitud analizado (300 generaciones). Por el momento, los valores  $c$  calculados sólo son comparables con experiencias similares que se realicen en el futuro con una información equivalente.

El parámetro  $A'$  indica la divergencia máxima que se alcanza al final del proceso. Incluye al parámetro  $a$  del modelo de Malecot (Relethford, 1980a). En nuestro caso, si bien  $A'$  no nos proporciona información directa sobre  $a$  pues no conocemos  $M$ , puede sernos de utilidad para comparar las distintas distribuciones de distancias obtenidas ( $D^2$  total, masculinos y femeninos).

El modelo ajustado (5) para explicar la historia de la estructura de la población del Valle de Azapa refleja un proceso microevolutivo gradual de dispersión, en el cual el efecto acumulado de la deriva a una tasa baja, explica la mayor proporción de la variación fenotípica hallada entre los distintos grupos (Figura 1). La pérdida de variabilidad genética sin dudas, estuvo contrarrestada principalmente por el aporte desde fuera del área. Las respectivas distribuciones para la muestra total, masculinos y femeninos se exponen en la Figura 2.

El parámetro  $c$  o una función sencilla de él que incluye los efectos de fuerzas sistemáticas, puede considerarse como la tasa media de renovación de la población por generación que explica las diferencias halladas en promedio entre cualquier par de ellas. Si aceptamos que los efectos selectivos son mínimos por la neutralidad de los caracteres cuantitativos, entonces en  $c$  deberíamos considerar la acción casi

exclusiva de la migración. Pero, debemos admitir que la magnitud de  $c$  refleja una tasa de migración efectiva muy pequeña, casi del mismo orden que una tasa de migración de amplio rango.

Las mujeres del Valle de Azapa presentan una mayor homogeneidad (Figura 2). En el mismo intervalo de tiempo las muestras femeninas reflejan una tasa de aproximación al equilibrio, un 40 % mayor que la de la población total. Los grupos masculinos por el contrario presentan un modelo dispersivo que se cumple con una tasa de sólo un 11 % mayor que la de la muestra total.

El parámetro  $c$  significa que la población se diferenció con una tasa promedio de incremento del parentesco del 4/1000 por generación en términos de  $D^2$  durante al menos siete milenios (280 generaciones). Esta conclusión debe ser entendida como promedio de eventos históricos ocurridos entre cada par de comparaciones, que se representa con la curva de la Figura 1, en torno a la cual se observa la distribución de los puntos de los valores observados con respecto a los ajustados.

Si en cada generación el parentesco entre los individuos se incrementa de acuerdo con (2), siendo, en nuestro caso  $c = (1/(2N\Phi))$  por (2), (3), (6) y (7), cuando  $\Phi$  se aproxima a 1,  $N = 131$ , en ausencia de migración. Este sería el tamaño efectivo mínimo que explicaría la evolución del sistema sin el aporte genético externo. Sin embargo, con una tasa de migración efectiva equivalente a la mitad de  $c$  ( $m_e = 0.0018$ ) como valor máximo esperado, el tamaño efectivo es  $N_e = 2400$ , siendo  $\Phi = 0.0547$ .

Los resultados expuestos, sin dudas, deben ser evaluados como otra aproximación en el estudio de la estructura de la población del Valle de Azapa empleando técnicas de bioensayo de parentesco basadas en mediciones craneanas. Los tamaños de las muestras son pequeños y su número es escaso lo que determina un registro temporal todavía muy fragmentario. Los valores  $D^2$  incluyen una cierta proporción de variación no genética (experimental y ambiental) que en un futuro podrá ser controlada. La validez de los parámetros estimados también depende del diseño experimental y de la técnica numérica particular empleados. Todo esto influye en los errores asociados con los cálculos de distancias cronológicas y biológicas, y en consecuencia en la estimación de los parámetros del modelo de dispersión. Si las muestras estuviesen asociadas con datos moleculares la evaluación de nuestros resultados sería completa, y podría además lograrse una estimación independiente del parámetro  $a$ .

Un aspecto importante para destacar es la necesidad de confrontar estos resultados con la información arqueológica y etnohistórica existente sobre el Valle de Azapa. La experiencia realizada, mirando con indulgencia los datos obtenidos, es de por sí estimulante para la generación de una fructífera línea de trabajo dedicada a la reconstrucción de la historia biológica de una región.

**Tabla 1**  
**Valle de Azapa. Referencias de las muestras**

Sitio	Período	Cronología	Referencias
Camarones 14	Arcaico	5.470 BC	Niemeyer y Schiapacasse, 1977
Morro de Arica	Arcaico	5.000-3.500 BC	Ulhe, 1919
El Laucho	Agrícola temprano	530 BC	Focacci, 1974
Alto Ramirez	Agrícola temprano	496 BC	Focacci y Erices, 1973
Playa Miller 4	Agrícola tardío	1100-1300 AD	Focacci, 1974; Erices, 1974

**Tabla 2**  
**Valores de distancias para distintos grupos del Valle de Azapa**  
**(Norte de Chile)**

Grupos	D <sup>2</sup> Total	D <sup>2</sup> Masculinos	D <sup>2</sup> Femeninos	Cronología
1-2	10.7196	20.248	5.373	58. 8
1-3	13.8345	23.464	7.634	197. 6
1-4	17.4994	32.179	8.227	198. 96
1-5	28.6989	31.533	15.525	266. 8
2-3	11.5964	15.709	8.987	138. 8
2-4	18.0179	23.07	14.619	140. 16
2-5	24.4606	20.214	21.074	208
3-4	2.2811	6.37	2.44	1. 36
3-5	8.3157	3.43	6.178	69. 2
4-5	4.8022	2.938	5.515	67. 84

1: Camarones 14 (5470 BC), 2: Morro de Arica (3000-4000 BC), 3: El Laucho (530 BC), 4: Alto Ramirez (496 BC) y 5: Playa Miller 4 (1100-1300 AD).

**Tabla 3**  
**Estadísticos de las distribuciones de distancias**

Distancia	N	MED	DS
D <sup>2</sup> muestra total	10	14.02	8.33
D <sup>2</sup> muestras masculinas	10	17.91	10.69
D <sup>2</sup> muestras femeninas	10	9.56	5.73
Distancias cronológicas	10	134.75	83.84



**Tabla 4**  
**Correlación entre las distancias (Spearman)**

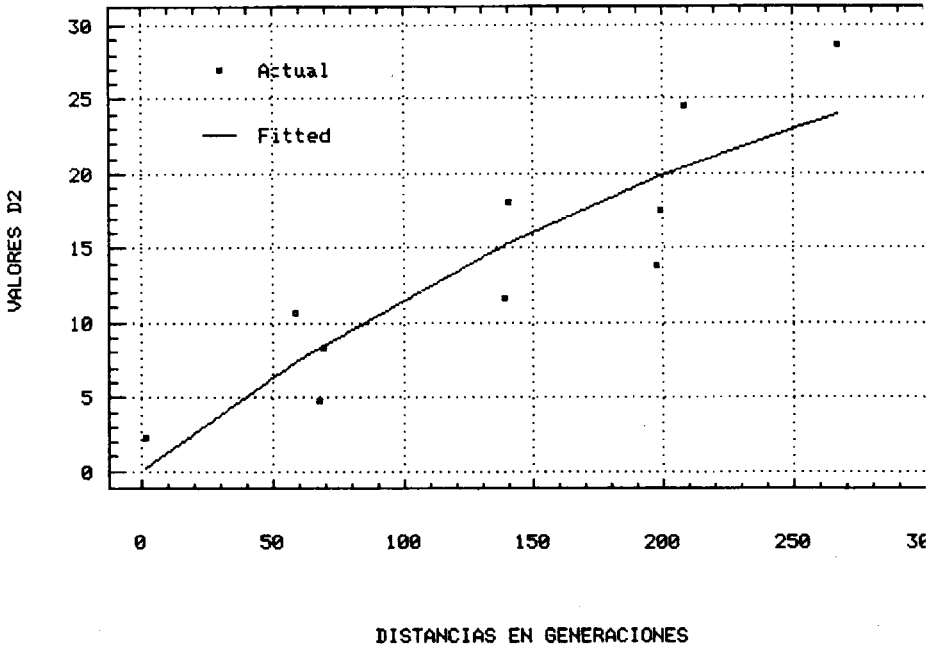
Distancias	Masculinos	Femeninos	Cronología
Muestra total	0.745	0.915	0.927
P=	0.025	0.006	0.005
Masculinos		0.467	0.685
P=		0.161	0.046
Femeninos			0.891
P=			0.007

**Tabla 5**  
**Estimación de los parámetros del modelo de dispersión de la población A' ( $1-e^{-bt}$ ) para el Valle de Azapa (Norte de Chile)**

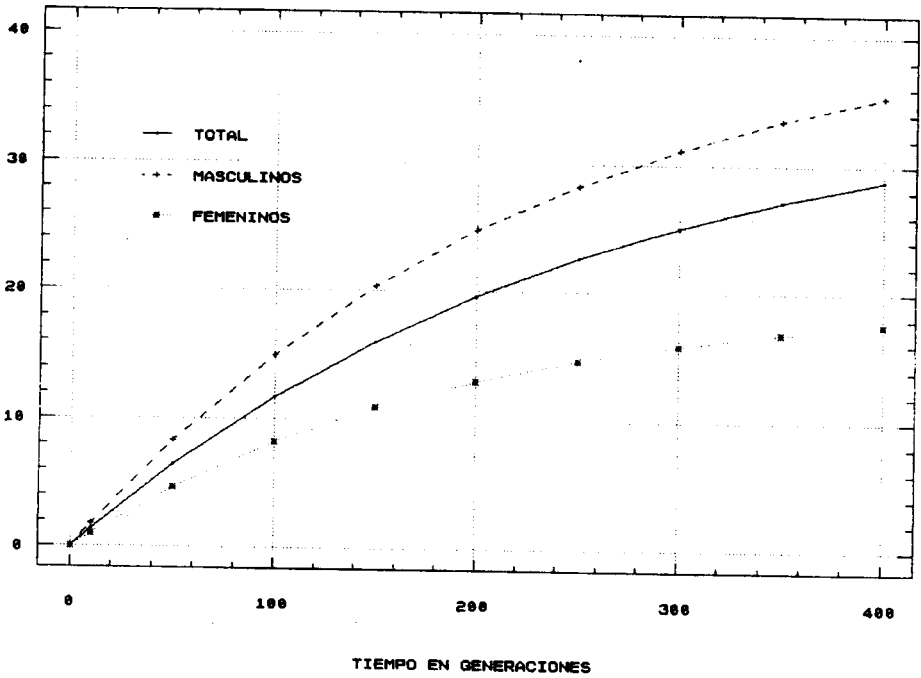
Grupo Distancia	A'	b	F	R <sup>2</sup>
D <sup>2</sup> Muestra total	36.82	0.00382	75.59**	0.791
Tasa de error	2.36	1.226		
D <sup>2</sup> Masculinos	43.15	0.00427	39.84**	0.624
Tasa de error	1.46	0.858		
D <sup>2</sup> Femeninos	19.96	0.00532	31.54**	0.540
Tasa de error	2.47	1.099		

F= cociente de varianzas con 2 y 8 g.l.

**Figura 1**  
**Valle de Azapa (Norte de Chile). Ajuste no lineal de los valores  $D^2$  sobre T**  
**(tiempo en diferencias de generaciones)**



**Figura 2**  
**Valle de Azapa (Norte de Chile). Distribución de los valores de la**  
**función  $A' (1-e^{-bt})$  calculada para la muestra total,**  
**para individuos masculinos y para femeninos**



## BIBLIOGRAFIA CITADA

- Cavalli-Sforza LL, Bodmer WF (1981) *Genética de las Poblaciones Humanas*. Barcelona. Omega, p.942.
- Cocilovo JA (1981) *Estudio sobre Discriminación y Clasificación de Poblaciones Prehispánicas del N.O. Argentino*. Museo Nacional de Historia Natural (Santiago, Chile): Publicación Ocasional 36, pp. 60.
- Cocilovo JA, Di Rienzo JA (1984-85) *Un Modelo Biológico para el Estudio del Poblamiento Prehispánico del Territorio Argentino. Correlación Fenético-Espacial*. *Rel. Soc. Arg. Antrop.* 16:119-135.
- Cocilovo JA, Rothhammer F (1990) *Paleopopulation biology of the southern Andes: craniofacial chronological and geographical differentiation*. *Homo* 41(1):16-31.
- Erices. S (1974) *Estudio de tres sitios arqueológicos: Playa Miller 7, Azapa 6 y Playa Miller 4, Arica*. Memoria para optar al Título de Antropólogo. Universidad de Concepción, Chile.
- Focacci G (1969) *Arqueología de Arica, Secuencia Cultural del período agroalfarero horizonte tiahuanacoide*. *Anales del V Congreso de Arqueología Chilena*, pp 21-26.
- Focacci G (1974) *Excavaciones en el cementerio Playa Miller 7, Arica, Chungará 3:23-74*. Arica, Chile.
- Focacci G, Erices S (1973) *Excavaciones en túmulos de San Miguel de Azapa: Actas IV Congreso de Arqueología Chilena*. Num. Esp., pp. 47-55.
- Malecot G (1969) *The Mathematics of Heredity*, 88 pp., San Francisco: W.H. Freeman and Co.
- Morton NE (1973a) *Isolation by Distance*. En NE Morton (ed) *Genetic Structure of Populations*, University of Hawaii Press, pp. 76-79.
- Morton NE (1973b) *Kinship Bioassay*. En NE Morton (ed) *Genetic Structure of Populations*, University of Hawaii Press, pp.158-163.
- Morton, NE (1973c) *Kinship and Population Structure*. en NE Morton (ed) *Genetic Structure of Populations*, University of Hawaii Press, pp. 66-71.
- Morton, NE (1973d) *Population Structure and Historical Genetics of Isolates*, *Israel Journal of Medical Sciences* 9:1299-1307.
- Morton NE (1977) *Isolation by Distance in Human Population*. *Annals of Human Genetics* 40:361-365.
- Morton NE y Green DL (1972) *Pingelap and Mokil Atolls: Anthropometrics*, *Am. J. Hum. Genet.* 24(30):299-303.
- Morton NE y Lalouel JM (1973) *Bioassay of Kinship in Micronesia*. *Am. J. Phys. Anthropol.* 38:709-720.

Morton NE Miki C y Yee S (1968) Bioassay of population structure under isolation by distance. *Am. J. Hum. Genet.* 20:411-419.

Morton NE, Yee S, Harris DE, Lew YR (1971) Bioassay of Kinship. *Theoretical Population Biology* 2(4):507-524.

Morton NE, Yee S., Lew R, Kenett R (ms) Bioassay of Kinship in Populations of Middle Eastern Origin and Controls.

Niemeyer Hy V. Schiappacasse (1977) Investigaciones de un sitio temprano de cazadores-recolectores arcaicos en la desembocadura del Valle de Camarones (I Región). *Actas VII Cong. Arq. Chil.*, 1:115-118.

Relethford J.H. (1980a) Bioassay of Kinship From Continuous Traits, *Human Biology* 52(4):689-700..

Relethford J.H. (1980b) Simulation of the Effects of Changing Population Size on the Genetic Structure of Western Ireland. *Social Biology* 27:53-61.

Relethford J.H (1981) Simulation of the Island Model of Population Structure Under Condition of Population Growth *Human Biology* 53(3):295-302.

Relethford, J.H., F.C. Lees y M.H. Crawford 1980 Population structure and anthropometric variation in rural western Ireland: Migration and biological differentiation. *Annals of Human Biology* 7(5):411-428, Taylor and Francis Ltd.

Relethford JH, FC Lees y MH Crawford (1981) Population Structure and Anthropometric Variation in Rural Western Ireland: Isolation by Distance and Analysis of the Residuals. *Am. Phys. Anthropol.* 55:233-245.

Rivera MA y Espouys O (1974) Desarrollo cultural Tiahuanaco y Post-tiahuanaco en el área Arica, Chile. *Tercer Cong. Arq. Arg, Salta, Argentina.*

Rivera My F Rothhammer (1986) Evaluación biológica y cultural de poblaciones Chinchorro: Nuevos elementos para la hipótesis de contactos transaltiplánicos cuenca Amazonas-Costa Pacífico. *Chungará* 16-17:295-306.

Rivera MA, Soto P, Ulloa L, Hushner D (1974) Aspectos sobre el desarrollo tecnológico en el proceso de agriculturización en el norte prehispánico, especialmente Arica (Chile). *Chungará* 3: 79-106.

Rothhammer F, Cocilovo JA, Quevedo S, Llop E (1982) Microevolution in Prehistoric Andean Populations: I Chronologic Craniometric Variation. *Am. Phys. Anthropol.* 58:391-396.

Rothhammer F, Cocilovo JA, Quevedo S, Llop E (1983) Afinidad biológica de las poblaciones prehistóricas dellitoral ariqueño con grupos poblacionales costeros peruanos y altioplánicos. *Chungará* 11:161-165. Universidad de Tarapacá, Arica, Chile.

Rothhammer F, Quevedo S, Cocilovo JA, Llop E (1984) Microevolution in Prehistoric Andean Population: Chronologic Nonmetrical Cranial Variation in Northern Chile. *Am. J. Phys. Anthropol.* 65:157-162.

Santoro C (1980) Fase Azapa transición del arcaico al desarrollo agrario inicial en los valles bajos de Arica. Chungará 6:45-56.

Uhle M (1919) La arqueología de Arica y Tacna, Bol. Soc. Ecuat.. Est. Hist. Amer.(Quito)