

Daniel García Rivero. *Arqueología y Evolución. A la búsqueda de filogenias culturales*. Universidad de Sevilla. Secretariado de Publicaciones, 2013.

Este libro representa un importante aporte para la práctica y desarrollo de la arqueología en general y para la arqueología evolutiva en particular, ya que se constituye como la primera revisión comprensiva del tema en habla hispana. El mismo plantea un recorrido riguroso pero didáctico, por los principales aspectos de la aplicación de la teoría evolutiva en arqueología: desarrollo histórico, epistemología, transmisión cultural y cambio, clasificación y estudio de la variación cultural a lo largo del tiempo, entre otros. Por lo que mi intención en los párrafos subsiguientes es describir la estructura básica de este libro y discutir algunos aspectos fundamentales allí desarrollados.

Estructura del libro

El libro comienza con una introducción del Dr. Escacena Carrasco sobre la teoría evolutiva darwiniana y los debates actuales en torno a ella, que lo contextualiza dentro del panorama general del desarrollo disciplinario de la arqueología evolutiva. Esta obra puede dividirse en dos secciones: una epistemológica que se desarrolla en los capítulos dos, tres y cuatro y que cubre también antecedentes vinculados al desarrollo de la teoría evolutiva en arqueología y otra práctica o más específicamente, filogenética en los capítulos cinco, seis y siete que se centra en los métodos cladísticos y su aplicación. Dentro del primer bloque, el capítulo dos expone los aspectos centrales de la teoría evolutiva y discute la noción de cultura y cambio cultural. El centro de esta discusión es el concepto de cultura como parte del fenotipo humano, que al igual que la cultura en otros mamíferos, puede ser transmitida, adoptada y modificada de forma más o menos independiente al sistema de herencia biológico (Durham 1992). El emplazamiento de la cultura dentro de la dimensión de los fenómenos naturales (y no sólo como una particularidad de nuestra especie), forma la base de la aplicación de los estudios evolutivos de las sociedades humanas y por extensión, de sus vestigios culturales (Boyd y Richerson 1985; Mesoudi 2007).

El capítulo tres profundiza en la dimensión hereditaria de la cultura, es decir, de qué manera puede ser entendida y explicada como un sistema de herencia de información y cuyo registro a través del tiempo son sus manifestaciones materiales. Con este fin, el autor define

y ejemplifica, a través de casos sencillos, los mecanismos de transmisión de información y su efecto sobre la variación cultural. Los distintos mecanismos de transmisión definidos por Boyd y Richerson (1985) o Cavalli-Sforza y Feldman (1981) poseen similitudes y diferencias entre ellos que en ocasiones, no son fáciles de discernir y aquí son expuestas claramente (García Rivero 2013: capítulo 3, 3.3.2). Este es un punto central de la aplicación de la teoría evolutiva en arqueología y su identificación en el registro arqueológico ha cobrado cada vez más relevancia.

Otro aspecto de importancia dentro de este capítulo es el análisis de la trayectoria temporal de los rasgos arqueológicos bajo distintos mecanismos selectivos o bajo efecto de mecanismos aleatorios, como la deriva (ver discusión García Rivero 2013: capítulo 3, 90-91). Tal como lo demuestran Neiman (1995) y Shennan (2000) entre otros, estos factores son factibles de ser modelados para generar expectativas contrastables en el registro arqueológico. Asimismo, la existencia de deriva o variación estocástica de los rasgos culturales a lo largo del tiempo es un fenómeno probablemente mucho más común de lo pensado anteriormente, especialmente en sociedades de baja demografía, como los cazadores-recolectores.

El cuarto apartado se enfoca en el estudio de la diversidad cultural, en particular sobre la práctica de la clasificación y las distintas escuelas taxonómicas. En este punto el autor señala una diferencia fundamental entre las escuelas taxonómicas y la definición de las unidades de análisis (ver García Rivero 2010). García Rivero desarrolla aquí las tres escuelas principales de pensamiento taxonómico (fenética, cladística y taxonomía evolutiva) y discute sus diferencias fundamentales. Un punto central de este capítulo es el concepto de “similitud” o semejanza, de la cual la teoría evolutiva diferencia dos formas distintas: la análoga y la homóloga o heredada. Esta última es la base de la reconstrucción filogenética.

La segunda sección del libro comienza con el quinto capítulo, que introduce a la práctica filogenética como medio de reconstrucción del cambio cultural. En este capítulo el concepto de unidad de análisis y rasgo se expande para abordar la discusión sobre la elección y codificación de unidades de estudio válidas para el análisis filogenético, denominadas caracteres. El capítulo

se centra particularmente en una técnica concreta de análisis filogenético, la cladística basada en el criterio de parsimonia, que es quizás la más empleada por los arqueólogos evolucionistas (García Rivero 2013: capítulo 5, 136-140). Una de las razones de esta predominancia puede deberse en parte, al efecto “fundador” (en el sentido de Scheinsohn 2009) del trabajo pionero de O’Brien y Lyman (2003). Para discutir este método, el autor reconstruye paso a paso un estudio filogenético, el cual puede resumirse en selección y evaluación de los caracteres, reconstrucción del árbol propiamente dicho (como un esquema dicotómico que representa el cambio a partir de la secuencia encadenada de transformaciones en los caracteres), su evaluación e interpretación *a posteriori*.

Los dos últimos capítulos se centran en la aplicación de los métodos filogenéticos a la cultura humana y la arqueología. García Rivero demuestra sus alcances a través de variados casos de estudio en arqueología histórica, prehistórica y otros puramente antropológicos (basados en filogenias lingüísticas). No olvidemos que la lógica subyacente de la aplicación de estos métodos en arqueología es que, si la cultura constituye un sistema de herencia que se manifiesta en la preservación diferencial de rasgos culturales, es posible, al igual que en biología, lingüística o paleontología, emplear métodos filogenéticos para estudiar el cambio a lo largo del tiempo (Boyd *et al.* 1997). Es decir, los métodos filogenéticos precisan para su aplicación de la existencia de un sistema de herencia y esto último no está limitado a las entidades biológicas.

El último acápite del capítulo seis es particularmente interesante en la medida en que discute las objeciones al método cladístico realizadas por distintos autores, en particular el preconcepto de que la evolución cultural es reticulada y por consiguiente imposible de reconstruir mediante procedimientos filogenéticos (García Rivero 2013: capítulo 6, figura 23, 167). Un acierto de García Rivero a este respecto, es demostrar que la aplicación de métodos filogenéticos trasciende la simple reconstrucción y que la identificación de transmisión horizontal o de la existencia de homoplasia es igualmente útil, ya que forma parte de la explicación de la historia evolutiva de los rasgos culturales.

Clasificar, reconstruir, inferir.

Dado el amplio espectro que cubre la teoría evolucionista y la elección del autor en enfocarse en algunos aspectos particulares, como la estimación cladística, quiero detenerme también en esta última y aportar

brevemente a la discusión de su conceptualización y aplicación. En particular mi reflexión gira en torno a la escuela de pensamiento fenética, su práctica en la actualidad y lo que creo es en realidad un continuo más que una dicotomía fenética-cladística.

En primer lugar hay que distinguir entre clasificación propiamente dicha e inferencia filogenética. Como García Rivero explica, la fenética se basa en el concepto de similitud total, a contraposición de la práctica de la sistemática cladística, que toma en cuenta solamente aquellos caracteres heredados de un ancestro común. Es bueno puntualizar que la fenética nace como un método para la clasificación de la vida orgánica mediante herramientas numéricas, en donde, a partir de un enfoque básicamente nominalista (García Rivero 2010), se proponía que las especies no eran entidades discretas reales, sino unidades analíticas que debían ser redefinidas de manera más objetiva. Los feneticistas proponían que esta reconstrucción podría hacerse mediante procedimientos cuantitativos y de esta manera terminar, por ejemplo, con la existencia de distintos conceptos de especie contrastantes entre sí o su definición ambigua. La versión realista de las especies sostiene en cambio, que estas son entidades temporalmente limitadas, separadas por barreras de aislamiento reproductivo (ver discusión en García Rivero 2013: capítulo 4, García Rivero 2010). Construir unidades mediante distancias numéricas o definir las mediante criterios como el aislamiento reproductivo es un aspecto puramente clasificatorio que no necesariamente tiene que vincularse con la reconstrucción del proceso evolutivo (inferencia filogenética). En este sentido, la clasificación de especies empleando uno u otro criterio puede dar resultados muy diferentes (Buchanan y Collard 2007). Sin embargo, la reconstrucción filogenética puede valerse de distintos métodos dependiendo del problema de investigación, la naturaleza del patrón de cambio así como las técnicas empleadas para su estudio (Rohlf *et al.* 1990; Nunn 2011). Sin embargo, la asunción de supuestos sobre la tasa de evolución, modelos de cambio y/o patrón de agrupamiento desdibujan la separación entre estas aparentemente antagónicas visiones de las unidades evolutivas bajo estudio. Por ejemplo, al estudiar el cambio morfológico tanto la reconstrucción puramente fenética como la cladística se presentan como alternativas válidas y/o complementarias. Esto se debe a que al estudiar rasgos complejos, como la morfología (por ejemplo la forma de una vasija), es esperable que la herencia puramente dicha se combine con restricciones (constricciones) físicas o estructurales, así como aspectos puramente funcionales.

Describir el proceso evolutivo de estos rasgos de forma integral, precisa por lo tanto atender a su origen multicausal. Asimismo, métodos no basados directamente en parsimonia pueden resultar muy robustos en relación con distintos tipos de datos. Por ejemplo, cuando un árbol evolutivo es reconstruido con relativa fidelidad decimos que “hay una señal filogenética”, es decir, un patrón de descendencia y modificación en al menos, una parte de los caracteres estudiados. Recuperar esta señal puede ser dificultoso cuando el tiempo evolutivo no es el mismo para los distintos rasgos o es muy rápido, como suele ocurrir con la evolución cultural. En estos casos, por ejemplo, procedimientos como el *neighbor-joinig* son en muchas ocasiones superiores a aquéllos basados en máxima parsimonia (Saitou y Nei 1987). Estos métodos también son eficientes cuando se trata de matrices de gran tamaño o en casos en que se necesite un solo árbol. (Atterson 1999; Mihaescu *et al.* 2009). Estos métodos se basan en un criterio de mínima evolución, que en algunos aspectos, es similar al de parsimonia. El problema en este caso es que se pierde la información de los caracteres individuales, ya que la reconstrucción se realiza sobre la matriz secundaria de distancias. Sin embargo, otros métodos como el de máxima verosimilitud (Felsenstein 2004) pueden utilizarse para construir y mapear caracteres sobre árboles resueltos así como estimar la incertidumbre en la reconstrucción filogenética, bajo diferentes hipótesis evolutivas. Tal como mencionan O'Brien y Lyman (2003), se pueden observar similitudes entre árboles obtenidos mediante el método de distancias y el cladístico en distintas reconstrucciones, este patrón de convergencia puede esperarse en los distintos métodos de existir una estructura filogenética robusta subyacente. (ver también, Rohlf *et al.* 1990; Buchanan y Collard 2007; García Rivero 2013: capítulo 7, 181-182).

Es más, tal como García Rivero explica, las trayectorias evolutivas de los rasgos culturales pueden estar influenciadas por distintos procesos que recortan la variación, de los cuales la selección natural es sólo uno de ellos, como la deriva o mecanismos adaptativos. Métodos basados en análisis multivariados (componentes principales, morfometría geométrica, por ejemplo) pueden utilizarse para extraer patrones generales de variación de un árbol resuelto (o desde la matriz de caracteres), lo que permite explorar inconsistencias en la señal filogenética, el rol del espacio o el ambiente en la configuración de de posibles procesos adaptativos y convergencia, dentro de un marco comparativo (ver por ejemplo Nunn 2011). Por otro lado, quizás el foco del trabajo sea la emergencia de adaptaciones culturales,

en donde (tal como García Rivero puntualiza, ver por ejemplo capítulo 5: 172), el estudio de este fenómeno se enfrenta a posibles convergencias dadas por un ancestro común entre poblaciones, lo que se denomina problema de Galton (García Rivero 2013: capítulo 7, 188; Nunn 2011). En esta situación en particular, matrices de distancia entre rasgos culturales pueden obtenerse a partir de distintos métodos (ver García Rivero 2013: capítulo 7) y / o relacionarse con variables ambientales o espaciales (distancias geográficas), para explorar patrones evolutivos como la dispersión de poblaciones, transferencia horizontal o patrones de diversificación como demuestra por ejemplo, el trabajo de Guglielmino *et al.* (1995).

Nota final: Los nuevos frutos en el árbol de la evolución

El gran acierto de García Rivero es mostrar con claridad y contundencia la relevancia de la arqueología evolutiva darwiniana para el estudio del registro arqueológico, enfocándose en la aplicación de métodos filogenéticos. Estos métodos de reconstrucción son una de las herramientas más prometedoras para el estudio de la historia evolutiva, tanto cultural como biológica; así como para las relaciones entre cultura y ambiente, tal como se observa en algunos de los ejemplos presentados en el libro. De manera acorde a lo que propone el autor, esta teoría presenta un marco formal sólido para el estudio e interpretación de patrones evolutivos, al colocar al hombre dentro de la naturaleza y al registro arqueológico como la manifestación material cambiante de la conducta. Estos sólidos cimientos permiten emplear sobre nuestros datos toda la batería metodológica de las disciplinas darwinianas como la paleontología, la ecología evolutiva, la genética etc. Herramientas como la cladística están en constante cambio y diversificación tanto sea en los denominados reconstrucción bayesiana, máxima parsimonia, distancias y en métodos comparativos. Encontrar el método adecuado a cada problema dependerá de la calidad y tipo de datos, así como de los modelos e hipótesis que subyacen a la investigación.

Por último, y volviendo al prólogo del Dr. Escacena Carrasco, concuerdo con él en que al mejor estilo darwiniano y en sintonía con la propuesta de Karl Popper, padre de la epistemología evolucionista (Popper 1978, en Martínez y Olivé 1997), los arqueólogos formamos parte del ambiente selectivo de estas metodologías; que muestran una mayor o menor aptitud dependiendo nuestros problemas de investigación. Es muy

posible que mecanismos selectivos estén actuando en este mismo momento sobre esta teoría y en particular sobre su aplicación a nuestro campo disciplinario. No tengo dudas de que el libro de García Rivero, como parte de este proceso de evolución epistemológica, está cumpliendo eficientemente su parte.

Bibliografía

- Atteson, K. (1999): "The Performance of Neighbor-Joining Methods of Phylogenetic Reconstruction". *Algorithmica* 25: 251–278.
- Boyd, R y Richerson, P. J. (1995): *Culture and the Evolutionary Process*. Chicago, IL, University of Chicago Press.
- Boyd, R.; Richerson, P.J.; Borgerhoff-Mulder, M y Durham, W. H. (1997): "Are Cultural Phylogenies Possible?", en P. Weingart, P.J. Richerson, S.D. Mitchell y S. Maasen (eds.), *Human by Nature, Between Biology and the Social Sciences*: 355–38. Mahwah, NJ, Lawrence Erlbaum Associates.
- Buchanan, B y Collard, M. (2008): "Phenetics, cladistics, and the search for the Alaskan ancestors of the Paleoindians: a reassessment of relationships among the Clovis, Nenana, and Denali archaeological complexes". *Journal of Archaeological Science* 35: 1683-1694.
- Cavalli-Sforza, L. L y Feldman, M. W. (1981): *Cultural Transmission and Evolution: A Quantitative Approach*. Princeton, Princeton University Press.
- Durham, W.H. (1992): *Coevolution: Genes, Culture, and Human Diversity*. Stanford University Prints.
- Felsestein, J. (2004): *Inferring phylogenies*. Sinauer Associates, Inc. Massachusetts.
- García Rivero, D. (2010): "Introducción a la teoría de la clasificación y de las escuelas taxonómicas (Fenética, Cladística y Taxonomía evolutiva)", en J.L. Escacena, D. García Rivero y F.J. García Fernández (Coords.), *Clasificación y Arqueología: Enfoques y métodos taxonómicos a la luz de la evolución darwiniana*: 61-93. Sevilla, Universidad de Sevilla.
- Guglielmino, C.R.; Viganotti, C.; Hewlett, B y Cavalli-Sforza, L.L. (1995): "Cultural variation in Africa: role of mechanisms of transmission and adaptation". *PNAS* 92 (16): 7585-7589.
- Martínez, S. y Olivé, L. (1997): *Epistemología evolucionista*. Instituto de Investigaciones Filosóficas, UNAM. México, Editorial Paidós.
- Mesoudi, A. (2007): "Biological and cultural evolution: Similar but different". *Biological Theory* 2(2): 119-123.
- Neiman, F. (1995): "Stylistic Variation in Evolutionary Perspective: Inferences from Decorative Diversity and Interassemblage Distance in Illinois Woodland Ceramic Assemblages". *American Antiquity* 60(1): 7-36.
- Nunn, C. L. (2011): *The Comparative Approach in Evolutionary Anthropology and Biology*. Chicago, University of Chicago Press.
- Mihaescu, R.; Levy, D. y Pachter, L. (2009): "Why Neighbor-Joining Works". *Algorithmica* (2), 54: 1–24.
- O'Brien, M. y Lyman, R. (2003): *Cladistics and Archaeology*. Salt Lake City, University of Utah Press.
- Rohlf, F.J.; Chang, W.S.; Sokal, R.R. y Kim, J. (1990): "Accuracy of estimated phylogenies: effects of tree topology and evolutionary model". *Evolution* 39: 40-59.
- Saitou, N. y Nei, M. (1987): "The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees". *Molecular Biology and Evolution* 4 (4): 406-425.
- Shennan, S.J. (2000): "Population, culture history and the dynamics of culture change". *Current Anthropology* 41: 811-835.
- Scheinsohn, V. (2009): "Evolución en la Periferia. El caso de la Arqueología evolutiva en Argentina", en M. Cardillo y G. López (eds.), *Teoría, métodos y casos de análisis en arqueología evolutiva*: 73-86. Buenos Aires, Editorial "sb".

MARCELO CARDILLO

Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas. Departamento de Investigaciones Prehistóricas y Arqueológicas. Universidad de Buenos Aires. Saavedra 15. 5to Piso (CP.1083) Buenos Aires. Argentina. Correo-e: marcelo.cardillo@gmail.com