



Boletín de la Sociedad Geológica del Perú

journal homepage: [www.sgp.org.pe](http://www.sgp.org.pe) ISSN 0079-1091

## Paleogenómica en el Perú: perspectivas a futuro para estudios paleontológicos

Vera Alleman<sup>1</sup>, Lucía Rivera-Charún<sup>2,3</sup>, Emily Ruiz-Puerta<sup>4,5</sup>, Morten Tange Olsen<sup>5</sup>, Arturo Morales<sup>3</sup>

<sup>1</sup>. Departamento de Paleontología, Universidad Ricardo Palma. Av. Benavides 5440, Santiago de Surco. Lima 33 - Perú

<sup>2</sup>. Instituto de Investigaciones Marinas (Instituto de Investigaciones Mariñas). R/Eduardo Cabello N° 6. CP 36208. Vigo (Pontevedra), España.

<sup>3</sup>. Laboratorio de Arqueozoología, Universidad Autónoma de Madrid. Depto Biología c. Darwin 2. 28049. Madrid, España.

<sup>4</sup>. Arctic Centre & Groningen Institute of Archaeology, Faculty of Arts, University of Groningen, PO Box 716, NL-9700 AS Groningen, The Netherlands.

<sup>5</sup>. Section for Evolutionary Genomics, GLOBE Institute, University of Copenhagen, CSS Building 7, Øster Farimagsgade 5, DK-1353 Copenhagen K, Denmark.

### Resumen

La Paleogenómica es una potente herramienta para el estudio tanto de restos fósiles y bio-arqueológicos como de los sedimentos donde estos se recuperan. Entre otras aplicaciones, esta información permite analizar los efectos de la explotación de las poblaciones animales del pasado, tanto la caza y recolección como la domesticación, así como inferir los hábitats y la climatología de aquellas poblaciones. En la actualidad, el ecosistema marino peruano comprende el límite septentrional del afloramiento generado por la corriente de Humboldt considerada, dentro de las cuatro principales corrientes del sistema EBUS (*Eastern Boundary Upwelling System*), el mayor productor de biomasa piscícola a nivel mundial. Tal sistema, cuya riqueza de recursos alimentarios hubo de incorporar importantes contingentes de super-depredadores en sus cadenas tróficas, sustentó desde tiempos prehistóricos una pesca artesanal que en la actualidad ha derivado en una potente industria pesquera. Otro rasgo importante de estos ecosistemas es la variada geomorfología marina sobre la que se asientan, incorporando multitud de hábitats, desde islas hasta albuferas, que son particularmente propicios para la presencia y reproducción de la fauna marina. Finalmente, el suelo y subsuelo peruano alberga nutrientes y posee

yacimientos de hidrocarburos. En este contexto, resulta llamativo el limitado conocimiento que actualmente tenemos sobre la diversidad marina pretérita de estos ecosistemas. El presente trabajo repasa las posibilidades que la paleogenómica ofrece como herramienta para documentar la historia evolutiva de las especies marinas durante el periodo Pre-Hispánico de nuestra prehistoria, con vistas a inferir paleoclimas y eventos de explotación puntuales en la costa peruana. Además la distribución de yacimientos fosilíferos está extendida en las diversas regiones del país, en el caso de las especies halladas en depósitos de ámbar de la Amazonía, esta aproximación permite un estudio molecular de su historia evolutiva. La cooperación, tanto interdisciplinaria como internacional, resultan capitales para abordar investigaciones que brinden información precisa para atestiguar cambios predecibles en el ámbito biológico, antropogénico y climático. Con tal propósito, se describen sucintamente los fundamentos, usos, objetivos e impactos que brindarán los análisis biomoleculares de cara al estudio de la vida en el pasado más reciente.

**Palabras clave:** ADN antiguo, Paleogenómica, Perú, arqueología, recursos marinos

## ABSTRACT

Paleogenomics is a powerful research tool used in the study of fossil and bio archaeological remains as the sediments where they were recovered. Further, this information will allow us to analyze and study the consequences of the animal exploitation processes in the past, hunting, plant collection and domestication. Moreover, it will help us to infer and reconstruct the habitats' conditions and climate conditions for those cultural periods and populations. Currently, the Peruvian marine ecosystem comprises the northern limit of the upwelling produced by the Humboldt marine system, which is considered one of the four main currents of the EBUS system (Eastern Boundary Upwelling System), the largest producers of fish biomass of the world. This system, which richness has nurtured important high predators in their trophic chains, has sustained an artisanal fishing activity since ancient times whose end point is the present-day intensive fishing industry.

Another important characteristic of this ecosystem is the marine geomorphology, whose diversified environments, from islands to lagoons, generates suitable habitats for the presence and reproduction of aquatic fauna. Finally, the Peruvian soil and subsoil harbors nutrients and has rich hydrocarbon/oil deposits. This presentation explores the possibilities of using palaeogenomics with sub-fossil remains for the understanding and description of the evolutionary history of aquatic species during the Pre-Hispanic period to infer paleoclimates and record coastal exploitation events of aquatic resources. Scientific development and international cooperation are essential to initiate a research program in paleogenomics that could provide us with accurate information to estimate predictable changes in the biological, anthropogenic and climatic domains. This presentation thus describes the bases, functionalities, objectives and impacts that the application of molecular studies will provide for the study of life in the past.

Keywords : Ancient DNA, Paleogenomics, Peru, archeology, marine resources.

## DESARROLLO DEL RESUMEN:

El Perú, es considerado un país megadiverso por su gran biodiversidad gracias a sus diferentes morfologías geológicas y condiciones climáticas, que son base fundamental para una amplia flora y fauna dentro de todo el territorio. En lo que respecta

a topografía podemos encontrar desde territorios elevados como la cordillera de los Andes con una elevación máxima de 6961 m.s.n.m, hasta territorios profundos como la Dorsal de Nazca ( de hasta 4000 m.) , que han conllevado a una variedad de hábitats. Actualmente el Perú es considerado uno de los países con mayor porcentaje en diversidad de especies. Primero en diversidad de especies de peces, segundo en diversidad de aves y acumulando el 10 % de la población mundial de plantas ([MINAGRI 2011](#)).

Antes de la llegada de los españoles al Perú, este ha sido testigo de diferentes culturas Prehispánicas, antecesoras al imperio Incaico. Un total de 25 culturas Prehispánicas abarcando la costa, sierra y parte de la selva alta y baja amazónica han sido identificadas ( [Wikipedia®, 2021](#) ). Cada una de ellas desarrolló diferentes características sociales y económicas, basándose en la diversidad de flora y fauna de su territorio.

Restos óseos, iconografías, textiles y cerámicos, han ayudado a esclarecer las diferentes actividades de subsistencia para estas culturas ([Keatinge; 1990](#)). En las culturas prehispánicas de la costa , existió una gran actividad de pesca que se fue especializando en el ámbito económico hasta la formación del Imperio Incaico ([Marcus et al. 1999](#)); evidenciada por yacimientos arqueológicos distribuidos en el Sur, Norte y Centro del Perú ([Prieto 2014](#), [Apolín and Vargas 2006](#), ([López de la Lama et al. 2021](#)). Especies marinas como moluscos, peces y mamíferos han sido identificadas en diversos sitios arqueológicos y paleontológicos ([Esperante et al. 2015](#); [López de la Lama et al. 2021](#)). Sin embargo, no existe una clara referencia sobre actividades de caza.

Huesos de mamíferos marinos como ballenas (*Balaenoptera physalus*, *B. musculus*) y lobos marinos (*Otaria byronia*) han sido identificados en excavaciones realizadas en la ciudad pesquera de Áspero, Caral, la civilización más antigua de América que data de 5,0000 a.C. ([Shady & Cáceda, 2008](#)) . Este tipo de interacción es interesante desde un punto de vista arqueológico, ya que en contraste con culturas Europeas, las culturas Prehispánicas tendieron a focalizarse en la actividad pesquera .

Los estudios en peces y mamíferos marinos, han realizado reconstrucciones de su pasado a partir de la identificación y cuantificación de restos fósiles y arqueológicos, sin obtener información de su

diversificación poblacional. Como es el caso del conteo y clasificación de especies marinas (peces, moluscos, y mamíferos) en zonas urbanas de la Cultura Moche (Roselló et al. 2001) Sin embargo, una investigación en *Cavia* spp. (cuy) (Lord et al. 2020) y en camélidos sudamericanos (Weinstock et al. 2009; Prieto et al. 2019) han ayudado a obtener este tipo de información a partir de ADN antiguo e isótopos estables, pudiendo establecer su diversificación poblacional, hábitat específico y aspectos generales de su modo de vida.

Los estudios con estos biomarcadores sirven para confirmar la biodiversidad existente cuando las muestras biológicas son irreconocibles, así como estimaciones del tamaño poblacional, diversidad de las especies y fluctuaciones climáticas. Estos estudios aplicados a especies marinas, son escasos o pocos en el Perú.

El estudio del ADN antiguo a partir de restos fó-

siles y arqueológicos se denomina paleogenómica. La paleogenómica es una herramienta que sirve para la reconstrucción de la diversidad, tamaño y estructura poblacional de distintos organismos (Carøe et al. 2018; McHugo et al. 2019; Keighley et al. 2019; Keighley et al. 2021). A la vez, describe características en las actividades humanas (ej. actividad pesquera y caza) del pasado. Pese a ello, el estado de conservación de los restos arqueológicos sirve como proxy para la eficacia de los estudios genéticos. Por ejemplo, en ambientes con temperaturas elevadas la calidad de ADN y de isótopos se verá afectada (Hofreiter et al. 2015). Sin embargo técnicas en biología molecular como protocolos de captura que intensifican el porcentaje de ADN mitocondrial y nuclear; además en los últimos años otros protocolos en la construcción de librerías genéticas han sido desarrollados con la finalidad de obtener mayor información sobre el pasado (Kapp et al. 2021)

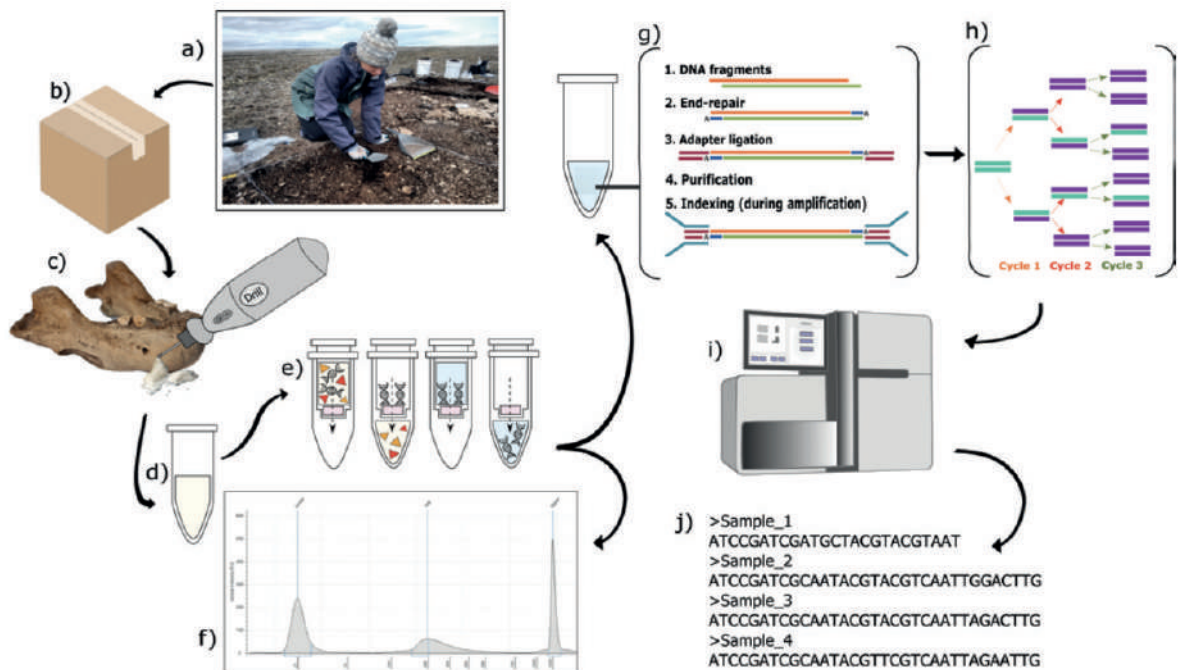


Figura 1. Procesamiento de restos zooarqueológicos para la obtención de ADN antiguo. Extraído de Keighley et al. 2018. *Ancient pinnipeds: What Paleogenetics Can Tell Us about Past Human-Marine Mammal Interactions.*

En el Perú son escasos los estudios realizados con ADN antiguo en especies animales y marinas. Posiblemente debido a una falta de conocimiento sobre la utilización de este, así como a la falta de financiamiento.

Los contados estudios con ADN antiguo se han

centrado en las culturas prehispánicas y mayormente en restos humanos (Carpenter et al. 2013, Guevara et al. 2016; Popović et al. 2021). Estudios realizados en momias (Panzer et al. 2014) han demostrado la gran utilidad de esta herramienta al poder rastrear en el tiempo enfermedades parasitarias como el chagas y bacterianas



como la tuberculosis en nuestros antepasados ( [Salo et al.1994](#), [Klaus et al. 2010](#); ). La aplicación de ADN antiguo es importante para reconstruir y analizar los genomas de organismos que no están vivos en la actualidad (Heintzman et al. 2015) y la generación de medidas de conservación en especies que han sido gravemente afectadas por la sobreexplotación ( [Keighley et al. 2019](#); [McLeod et al. 2014](#)). También, proporciona información sobre el comportamiento de las culturas humanas en el mejoramiento animal ( [Galik et al. 2015](#)) para su beneficio como sociedad y expansión.

Si bien podemos encontrar ADN antiguo en restos fósiles, investigaciones recientes han mostrado que es posible encontrarlo en restos rocosos asociados a sales. Gracias a los avances en tecnologías geoquímicas y la microbiología se ha podido recuperar trazos de ADN bacteriano antiguo, permitiendo reconstruir las condiciones ambientales de territorios que datan entre 425 a 11 millones de años de antigüedad ( [Fish et al. 2002](#)).

Similar a la captura de ADN antiguo en restos rocosos, también se ha podido encontrar en diferentes tipos de sedimentos. Desde ambientes áridos hasta ambientes marinos, los sedimentos han sido clave para poder reconstruir no solo condiciones ambientales en el pasado, sino también procesos de colonización humana, migración, explotación animal y vegetal. La metodología que se usa es similar a la utilizada en el estudio de metagenómica. Se procesa el sedimento al igual que un resto fósil. Este pasa por un proceso de extracción, una creación de librerías genéticas, purificación y amplificación. Finalmente, la muestra purificada y amplificada, es enviada para su secuenciación. La información obtenida sirve para reconstruir ecosistemas pasados y/o extintos y compararlos con ambientes modernos. Esto a la vez, nos permitirá analizar mecanismos de selección evolutiva y generar posibles estrategias de conservación así como predicciones ante el cambio climático.

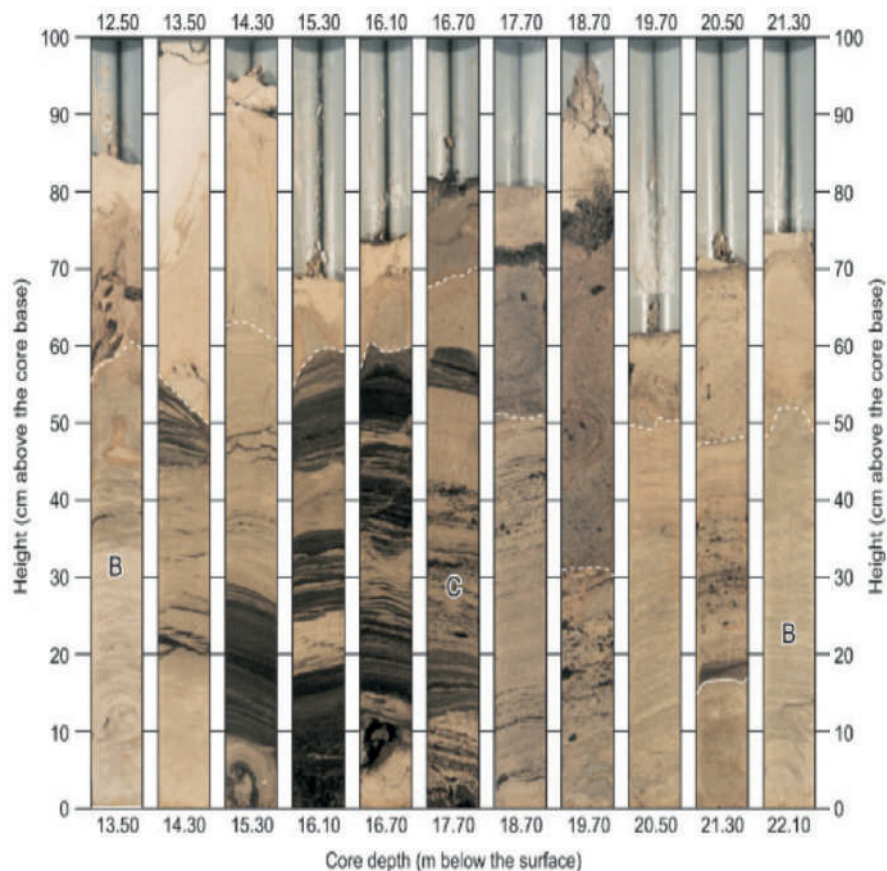


Figura 2. Ejemplo de sedimentos con sus diferentes niveles de diferentes profundidades. Extraído de Schokker J. y Koster E. 2004. *Sedimentology and Facies Distribution of Pleistocene Cold-climate Aeolian and Fluvial Deposits in the Roer Valley Graben (Southeastern Netherlands)*

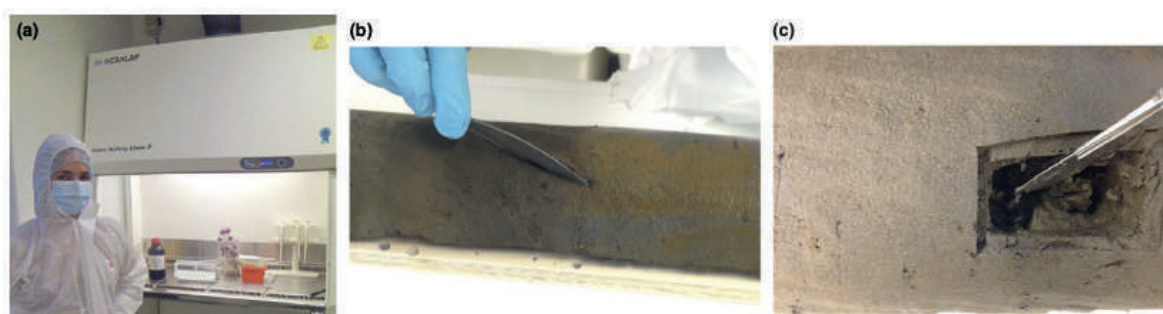


Fig. 4 A full bodysuit, shoe cover, hairnet, facemask, hood, gloves and sleeve guards are necessary during DNA extraction from a sediment core for ancient DNA (aDNA) analyses in an aDNA laboratory (a). During subsampling in a clean laboratory, surface contamination from the sediment core is removed with sterilized razors (b), and non-contaminated material from within the intact cores is extracted for DNA extraction (c).

Figura 3. Laboratorio de DNA antiguo y preparación de muestreo de sedimentos. Extraído de Parducci et al. 2017. Ancient plant in lake sediments.

Como se mencionó anteriormente, los salares también han sido de importancia para encontrar ADN. Mayormente se encuentran bacterias asociadas a sales como es el caso del género Halobacterias. Este género está asociado a ambientes salinos u oceánicos y han sido encontradas en diferentes capas de depósitos extraídos en Sudamérica como es el caso de Salar Grande en Chile (Gramain et al. 2011). Por lo que los Salares de distintas regiones del Perú pueden contar con un gran potencial, como es el caso del Salar de Maras (Cusco - Perú).

Así mismo, depósitos de ámbar se encuentran en todo el mundo y la diversidad de vida incrustada en ellos (artrópodos, moluscos, anélidos, rotíferos, nematodos y plantas) abre una puerta a los análisis de ADN antiguo y la investigación de la evolución molecular a lo largo del tiempo. Los análisis han demostrado que las principales capacidades de conservación del ámbar son la acción antimicrobiana de la resina y cómo ésta extrae la humedad de los tejidos originales, lo que da como resultado una alta momificación (Poinar et al. 1994)

En el Perú, la cuenca amazónica occidental cuenta con depósitos de ámbar (ámbar de Iquitos), donde se ha reportado fauna de artrópodos fósiles y abundantes inclusiones de microfósiles (polen, esporas, algas y cianofíceas) (Antoine et al. 2006). En la última década, nuevas especies de este ámbar de la Amazonía occidental del Mioceno medio se han clasificado en función de sus caracteres morfológicos (Perrichot et al. 2014, Petruličius et al. 2011)

Sin embargo, incluso cuando las reconstrucciones paleoclimáticas se realizan en base a la clasificación morfológica de las especies, los métodos de ADN antiguo (ADNa) proporcionan un medio para registrar cambios genéticos en tiempo real y en escalas de tiempo geológicas cortas (Willerslev and Cooper 2005). Lo que significa que podemos

estudiar patrones de variación en el genoma que pueden explicar la adaptación y evolución de las poblaciones a través del tiempo. En este sentido, la paleogenómica puede resolver interrogantes de investigación como en el caso del fósil en ámbar de la mosquita hematófaga *Sycorax peruensis* y determinar su relación filogenética con otras especies recientes de *Sycorax* y/o su cercanía evolutiva a vectores de la Leishmaniasis ya que todos ellos pertenecen a la familia Psychodidae (Petruličius et al. 2011).

## CONCLUSIONES

En el presente trabajo buscamos definir y explicar la importancia del uso de aDNA (ADN antiguo) en especies marinas, para comprender su historia evolutiva, además de la historia de explotación y utilización de los recursos pesqueros desde tiempos antiguos en el Perú. El estudio genético de estos hallazgos zoológicos y fósiles nos permitirán entender las interacciones culturales y climáticas de la época. Generar información sobre especies extintas y conocer más sobre el proceso evolutivo no solo de plantas, animales sino también la evolución del proceso cultural de diferentes culturas prehispanicas. Si bien actualmente no es posible realizar los análisis in situ, proponemos un desarrollo y colaboración científica entre universidades peruanas y extranjeras. Lo que brindará oportunidades para obtener información precisa de la diversidad marina del pasado, además de crear nuevos puentes de colaboraciones para el futuro científico de nuestro país.

## REFERENCIAS

Antoine, Pierre-Olivier., De Franceschi D., Flynn J., Nel, A., Baby, P., Benammi, M., Calderón, Y., Espurt, N., Goswami, A., and Salas-Gismond, R.. 2006. "Amber from Western Amazonia Reveals Neotropical Diversity during the Middle Mio-

cene.” *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 103 (37): 13595–600.

Apolín, J., and Vargas, P. n.d. “La Importancia Del Tiburón En La Cultura Lima: Un Estudio de Las Figuras de Selacios Y Sus Restos Biológicos. 2006.” *Cuadernos de Investigación/INC* 1: 3–16.

Carøe, C., Gopalakrishnan, S., Vinner, L., Mak, S., Sinding, M.H.S., Samaniego, J., Wales, N., Sicheritz-Pontén, T., and Gilbert, M.T.P. 2018. “Single-tube Library Preparation for Degraded DNA.” Edited by Susan Johnston. *Methods in Ecology and Evolution / British Ecological Society* 9 (2): 410–19.

Carpenter, M. L., Buenrostro, J.D., Valdiosera, C., Schroeder, H., Allentoft, M.E., Sikora, M., Rasmussen, M., et al. 2013. “Pulling out the 1%: Whole-Genome Capture for the Targeted Enrichment of Ancient DNA Sequencing Libraries.” *American Journal of Human Genetics* 93 (5): 852–64.

Esperante, R., Brand, L., Chadwick, A., and Poma, O. 2015. “Taphonomy and Paleoenviromental Conditions of Deposition of Fossil Whales in the Diatomaceous Sediments of the Miocene/Pliocene Pisco Formation, Southern Peru—A New Fossil-Lagerstätte.” *Palaeogeography, Palaeoclimatology, Palaeoecology* 417 (January): 337–70.

Fish, S.A., Shepherd, T.J., McGenity, T.J., and Grant, W.D. 2002. “Recovery of 16S Ribosomal RNA Gene Fragments from Ancient Halite.” *Nature* 417 (6887): 432–36.

Galik, A., Mohandesan, E., Forstenpointner, G., Scholz, U.M., Ruiz, E., Krenn, M., Burger, P. 2015. “A Sunken Ship of the Desert at the River Danube in Tulln, Austria.” *PloS One* 10 (4): e0121235.

Gramain, A., Chong Díaz G., Demergasso, C., Lowenstein, T.K., McGenity, T.J. 2011. “Archaeal Diversity along a Subterranean Salt Core from the Salar Grande (Chile).” *Environmental Microbiology* 13 (8): 2105–21.

Guevara, E.K., Palo, J.U., Guillén, S., Sajatila, A. 2016. “MtDNA and Y-Chromosomal Diversity in the Chachapoya, a Population from the Northeast Peruvian Andes-Amazon Divide.” *American Journal of Human Biology: The Official Journal of the Human Biology Council* 28 (6): 857–67.

Hofreiter, M., Paijmans, J.L.A., Goodchild, H., Speller, C., Barlow, A., Fortes, G.G., Thomas, J.A., Ludwig, A., Collins, M. 2015. “The Future of Ancient DNA: Technical Advances and Conceptual Shifts.” *BioEssays: News and Reviews in Molecular, Cellular and Developmental Biology* 37 (3): 284–93.

Kapp, J.D., Green, R.E., Shapiro, B. 2021. “A Fast and Efficient Single-Stranded Genomic Library Preparation Method Optimized for Ancient DNA.” *The Journal of Heredity* 112 (3): 241–49.

Keatinge, Richard. 1990. “Peruvian Prehistory / An overview of pre-Inca society (Berthold Riese)” *Præhistorische Zeitschrift* 65 (1): 66–67. <https://doi.org/10.1515/pz-1990-0110>

Keighley, X., Bro-Jørgensen, M.H., Jordan, P., Tange Olsen, M. 2018. “Ancient Pinnipeds : What Paleogenetics Can Tell Us about Past Human-Marine Mammal Interactions.” *SAA Archaeological Record* 18 (4): 38–45.

Keighley, X., Pálsson, S., Einarsson, B.F., Petersen, A., Fernández-Coll, M., Jordan, P., Tange Olsen, M., and Malmquist H.J. 2019. “Disappearance of Icelandic Walruses Coincided with Norse Settlement.” *Molecular Biology and Evolution* 36 (12): 2656–67.

Keighley, X., Bro-Jørgensen, M.H., Ahlgren, H., Szpak, P., Ciucani, M.M., Sánchez Barreiro, F., Howse, L., et al. 2021. “Predicting Sample Success for Large-Scale Ancient DNA Studies on Marine Mammals.” *Molecular Ecology Resources*, January. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.13331>.

Klaus, H.D., Wilbur, A.K., Temple, D.H., Buikstra, J.E., Stone, A.C., Fernandez, M., Wester, C., Tam, M.E. 2010. “Tuberculosis on the North Coast of Peru: Skeletal and Molecular Paleopathology of Late Pre-Hispanic and Postcontact Mycobacterial Disease.” *Journal of Archaeological Science* 37 (10): 2587–97.

López de la Lama, R., De la Puente, S., Sueiro J., and Chan K. 2021. “Reconnecting with the Past and Anticipating the Future: A Review of Fisheries-derived Cultural Ecosystem Services in pre-Hispanic Peru.” *People and Nature* 3 (1): 129–47.

Lord, E., Collins, C., deFrance S., LeFebvre M.J., Pigièrè F., Eeckhout, P., Erauw, C. et al. 2020. “Ancient DNA of Guinea Pigs (*Cavia* Spp.) Indicates a Probable New Center of Domestication and Pathways of Global Distribution.” *Scientific Reports* 10 (1): 8901.

Marcus, J., J. D. Sommer, and C. P. Glew. 1999. “Fish and Mammals in the Economy of an Ancient Peruvian Kingdom.” *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 96 (11): 6564–70.

McHugo, G.P., Dover, M.J., MacHugh, D.E. 2019. “Unlocking the Origins and Biology of Domestic Animals Using Ancient DNA and Paleogenomics.” *BMC Biology* 17 (1): 98.

McLeod, B.A., Frasier, T.R., Lucas, Z. 2014. “Assessment of the Extirpated Maritimes Walrus Using Morphological and Ancient DNA Analysis.” *PloS One* 9 (6): e99569.

MINAGRI. 2011. “Diversidad de Especies En El Perú.” 2011. <https://www.minagri.gob.pe/por->



[tal/marco-legal/47-sector-agrario/recurso-biodiversidad/345-diversidad-de-especies](https://doi.org/10.1111/1365-3113.12111). Revisado el 20 de mayo del 2021.

Panzer, S., Peschel, O., Haas-Gebhard, B., Bachmeier, B.E., Pusch, C.M., Nerlich, A.G. 2014. "Reconstructing the Life of an Unknown (ca. 500 Years-Old South American Inca) Mummy--Multidisciplinary Study of a Peruvian Inca Mummy Suggests Severe Chagas Disease and Ritual Homicide." *PLoS One* 9 (2): e89528.

Parducci, L., Bennett, K.D., Ficetola, G.F., Alsos, I.G., Suyama, Y., Wood, J.R., and Winther Pedersen, M. 2017. "Ancient Plant DNA in Lake Sediments." *The New Phytologist* 214 (3): 924–42.

Perrichot, V., Salas-Gismondi, R., Flynn, J., Antoine, P-O., Engel, M.S. 2014. "The Genus *Macroteleia* Westwood in Middle Miocene Amber from Peru (Hymenoptera, Platygastridae S.l., Scelioninae)." *ZooKeys* 426 (July): 119–27.

Petrulevičius, J., Salas-Gismondi, R., Goillot, Flynn, J., Nel, A., Antoine, P-O., De Franceschi, D. 2011. "First Fossil Blood Sucking Psychodidae in South America: A Sycoracine Moth Fly (Insecta: Diptera) in the Middle Miocene Amazonian Amber." *Insect Systematics & Evolution* 42 (1): 87–96.

Popović, D., Molak, M., Ziołkowski, M., Vranich, A., Sobczyk, M., Ulloa Vidaurre, D., Agresti, G. et al. 2021. "Ancient Genomes Reveal Long Range Influence of the Site and Culture of Tiwanaku." *Cold Spring Harbor Laboratory*. <https://doi.org/10.1101/2021.01.22.427554>.

Poinar, G.O., Poinar, H.N., Cano, R.J. 1994. "DNA from Amber Inclusions." In *Ancient DNA: Recovery and Analysis of Genetic Material from Paleontological, Archaeological, Museum, Medical, and Forensic Specimens*, edited by Bernd Herrmann and Susanne Hummel, 92–103. New York, NY: Springer New York.

Prieto, G.. 2014. "La Pesca Prehispánica En La Costa Central: Una Revisión Necesaria a Partir de Los Nuevos Datos Provenientes Del Barrio de Pescadores Del Sitio Huaca 20, Complejo Maranga." *Boletín de Arqueología PUCP*, no. 18 (October): 129–57.

Prieto, G., Verano, J.W., Goepfert, N., Kennett, D., Quilter, J., LeBlanc, S., Fehren-Schmitz, L. et al. 2019. "A Mass Sacrifice of Children and Camelids at the Huanchaquito-Las Llamas Site, Moche Valley, Peru." *PLoS One* 14 (3): e0211691.

Roselló, E., Vásquez V., Morales A., and Rosales T. 2001. "Marine Resources from an Urban Moche (470-600 Ad) Area in the 'Huacas Del Sol Y de La Luna' Archaeological Complex (Trujillo, Peru)." *International Journal of Osteoarchaeology* 11 (1-2): 72–87.

Salo, W.L., Aufderheide, A.C., Buikstrat, J., Holcomb, T.A. 1994. "Identification of Myco-

bacterium Tuberculosis DNA in a Pre-Columbian Peruvian Mummy." *PNAS*. <https://www.pnas.org/content/pnas/91/6/2091.full.pdf>.

Schokker, J., and Koster, E.A. 2004. "Sedimentology and Facies Distribution of Pleistocene Cold-Climate Aeolian and Fluvial Deposits in the Roer Valley Graben (southeastern Netherlands)." *Permafrost and Periglacial Processes* 15 (1): 1–20.

Shady R., Cáceda D. 2008. Áspero, la Ciudad Pesquera de la Civilización Caral. Recuperamos su historia para vincularla con nuestro presente. *Proyecto Especial Arqueológico Caral-Supe/INC* 1: 8-9.

Weinstock, J., Shapiro, B., Prieto, A., Marín, J.C., González, B.A., Gilbert, M.T.P., Willerslev, E. 2009. "The Late Pleistocene Distribution of Vicuñas (*Vicugna vicugna*) and the 'extinction' of the Gracile Llama ('*Lama gracilis*): New Molecular Data." *Quaternary Science Reviews* 28 (15): 1369–73.

Willerslev, Eske, and Alan Cooper. 2005. "Ancient DNA." *Proceedings. Biological Sciences / The Royal Society* 272 (1558): 3–16.