

INFORME DE RESULTADOS

PROYECTO DE INVESTIGACIÓN (PIA) DE COLECCIONES Y FONDOS MUSEOGRÁFICOS ADMINISTRADOS POR EL MINISTERIO DE CULTURA

PIA GENÓMICA POBLACIONAL E IDENTIFICACIÓN GENÉTICA DE PLANTAS ANDINAS EN CONTEXTOS PREHISPÁNICOS

Presentada ante la
Dirección general de la Dirección General de Museos
Ministerio de Cultura

Por

Blgo. (Lic.) Renato Daniel la Torre Ramirez
Dr. Michael David Martin

Lima, 26 de enero del 2026

Contenido

1. Resumen.....	3
2. Antecedentes y problemática	3
3. Objetivos de la investigación	4
3.1 Objetivo principal	4
3.2 Objetivos específicos	4
4. Metodología aplicada en el desarrollo de la investigación	4
4.1 Inventario de restos arqueológicos	4
4.2 Preparación y envío de muestras a laboratorio especializado	5
4.3 Procesamiento molecular	6
4.4 Análisis de secuencias de ADN	6
5. Resultados de la investigación	7
5.1 Envío de las muestras	7
5.2 Características del ADN obtenido	7
5.3 Análisis holístico de identificación	9
5.4 Diversidad genética de huarangos.....	11
6. Acciones de conservación preventiva.....	14
7. Conclusiones y recomendaciones	14
8. Equipo de investigadores y responsabilidades	15
8.1 Director del Proyecto	15
8.2 Especialista en análisis genéticos de ADN antiguo	16
9. Inventario de bienes culturales muebles investigados	16
10. Medios de difusión de la investigación.....	21
11. Bibliografía	21
12. Archivo fotográfico.....	22

Anexo 1. Relación de restos arqueobotánicos provenientes del PIA Samaca 2002 y PIA Samaca 2007 en el Museo Regional de Ica “Adolfo Bermúdez Jenkins”

1.- Resumen

La gran biodiversidad del Perú tiene una larga historia, con especies de plantas cultivadas desde hace miles de años. La diversidad genética es un componente fundamental para explicar y medir la variabilidad de poblaciones, especies y sus funciones. Recientes avances tecnológicos permiten estudiar el ADN directamente en el pasado a partir de restos fósiles y especímenes de herbario. En este proyecto se realizó el registro, colecta y preparación para exportación de material arqueobotánico de la colección del Museo Regional de Ica “Adolfo Bermúdez Jenkins” a fin de emplear técnicas de procesamiento molecular recientes y evaluar el éxito en la obtención de ADN de plantas peruanas prehispánicas.

Los resultados del proyecto, desarrollados en el presente informe, corresponden a los procedimientos de la toma de muestras. Estos incluyen el inventario de 191 muestras de material arqueobotánico, la autorización del permiso de exportación para un laboratorio especializado en Noruega, y el envío y recepción de las muestras.

2.- Antecedentes y problemática

En el presente proyecto se propuso estudiar colecciones almacenadas en el Museo Regional de Ica “Adolfo Bermúdez Jenkins”, ubicado en la ciudad de Ica, provincia y departamento de Ica. La colección de interés incluyó 3 cajas con bolsas provenientes de la ejecución del PIA Samaca temporada 2002 y PIA Samaca temporada 2007 (Anexo 1). Estas muestras están datadas contextualmente entre períodos incluyendo Nasca Temprano a Horizonte Tardío.

Entre los resultados de estos proyectos, se resaltó el rol ecológico de los antiguos bosques de huarango o algarrobo (**Ex. *Prosopis* sp. ahora *Neltuma* sp.; Ringelberg et al 2022**) en Samaca (Valle bajo de Ica) y su relación con las comunidades prehispánicas (**Beresford-Jones et al. 2022**). Tras un periodo de manipulación y deforestación gradual debido al desarrollo humano, el bosque habría precipitado hacia un nivel de fragilidad en el que eventos climáticos ocasionaron la desertificación y cambio del ecosistema al desierto hiperárido que tenemos actualmente (**Beresford-Jones et al. 2009**).

Tradicionalmente, el mecanismo genético por el cual poblaciones sujetas a una reducción de tamaño se vuelven más vulnerables a cambios en su ambiente se relaciona a un bajo potencial evolutivo (**Forester et al. 2022**). Hasta hace unos años, las interpretaciones sobre los mecanismos que explican la diversidad genética de las especies eran inferidos a partir del estudio de ADN contemporáneo. Sin embargo, estas interpretaciones son oscurecidas por la confluencia de múltiples mecanismos neutrales y adaptativos, así como la desaparición de poblaciones con alta influencia en las poblaciones actuales. Avances tecnológicos y conceptuales permitieron el desarrollo de técnicas para aislar el ADN de fósiles o restos antiguos y analizar la genética directamente en el pasado (**Orlando et al. 2021**). En ese sentido, surge la pregunta, ¿cómo ha cambiado la diversidad genética de las plantas silvestres y cultivables a lo largo del tiempo? Dada la importancia de *Neltuma* sp. para la región, planteo la hipótesis central de que la diversidad genética de esta especie asociada con los primeros asentamientos humanos fue mayor que en tiempos contemporáneos. Por otro lado, al comparar con poblaciones en la costa norte del Perú, espero encontrar señales de diferenciación genética en reflejo de sus diferencias morfológicas y su distinta historia evolutiva cercanamente relacionada con los humanos.

Los huarangos son especies silvestres centrales en el establecimiento de poblaciones humanas, pero otras especies cultivables ayudan en la interpretación del desarrollo de culturas prehispánicas. La selección de plantas con características favorables para su cultivo resulta en cambios en el ADN en un proceso conocido como selección artificial. Por otro lado, una parte del material arqueobotánico es difícil de identificar con fragmentos o sin contar con caracteres morfológicos distinguibles. Para ayudar con la interpretación arqueológica de restos vegetales silvestres y cultivables, el proyecto incluye más plantas prehispánicas con el objetivo de identificarlas usando el concepto del código de barras de ADN y, más aún, compararlas con recursos genéticos contemporáneos a fin de detectar señales genéticas de domesticación. La hipótesis de trabajo es que, debido a la domesticación, se ha reducido la diversidad genética en muchas de estas especies.

Este proyecto de investigación se enmarca en estudios genéticos previos y en curso sobre el algarrobo en la costa norte del Perú, llevados a cabo por el Laboratorio de Genómica y Bioinformática para la Biodiversidad de la Facultad de Ciencias Biológicas de la Universidad Nacional Mayor de San Marcos. Asimismo, este proyecto es parte de un esfuerzo colaborativo con la Universidad Noruega de Ciencia y Tecnología.

El valor de estos resultados para el entendimiento de nuestra biodiversidad e historia será complementado con la identificación genética de restos arqueobotánicos en contextos de culturas prehispánicas, a fin de develar la identidad y variabilidad genética de especies de alto valor para el Perú, y el impacto de nuestra coexistencia en la domesticación de las mismas.

3.- Objetivos de la investigación

3.1.- Objetivo principal

El objetivo principal de la investigación es evaluar el estado de la diversidad genética e identificar plantas utilizadas en el Perú prehispánico.

3.2.- Objetivos específicos:

- 1) Extraer y analizar el ADN de muestras de huarango y otras plantas de restos arqueológicos prehispánicos.
- 2) Secuenciar el ADN y alinearlos a genomas de referencia de las especies botánicas correspondientes.
- 3) Evaluar la estructura poblacional y la diversidad genética de los huarangos en periodos prehispánicos.

4.- Metodología aplicada en el desarrollo de la investigación

4.1.- Inventario de restos arqueológicos

Se registraron individualmente un total de 161 muestras. En cada caso, se fotografió el material y se colocó en una bolsa plástica estéril. Las muestras seleccionadas fueron custodiadas por personal del Museo Regional de Ica hasta la solicitud y obtención del permiso de exportación. El material no seleccionado debido a ser de mínima cantidad o mostrar grados excesivos de degradación fue devuelto a la

colección. Se siguieron los cuidados indicados en la sección 6 con respecto a las acciones de conservación preventiva. A continuación, se muestra un resumen del material seleccionado. El inventario detallado se encuentra en la sección 9.

Tabla 1. Relación de muestras de macrofósiles botánicos y características para la exportación a la Universidad Noruega de Ciencia y Tecnología.

Especie	Material	Procedencia	Contexto	Número	Peso (gr)
<i>Prosopis limensis</i>	Tallos/ramas, semillas, hojas, raíces, vainas	PIA Samaca 2002 (n=38) PIA Samaca 2007 (n=4)	Paleoambientales y herbarios, potencialmente con altos niveles de degradación del sitio arqueológico de Samaca almacenadas en las colecciones museográficas del Museo Regional de Ica “Adolfo Bermúdez Jenkins”	42	7.89
<i>Phragmites australis</i>	Tallos	PIA Samaca 2002 (n=7) PIA Samaca 2007 (n=9)		16	2.02
<i>Inga fuelleii</i>	Vainas, hojas	PIA Samaca 2002 (n=5) PIA Samaca 2007 (n=4)		9	3.19
<i>Gossypium</i>	Semillas, fibra	PIA Samaca 2002 (n=9) PIA Samaca 2007 (n=11)		20	15.22
<i>Zea mays</i>	Raquis	PIA Samaca 2002 (n=5) PIA Samaca 2007 (n=10)		15	17.95
<i>Phaseolus</i>	Semillas	PIA Samaca 2002 (n=1) PIA Samaca 2007 (n=6)		7	3.58
<i>Cucurbita</i>	Semillas	PIA Samaca 2002 (n=5) PIA Samaca 2007 (n=2)		7	0.29
<i>Salix humboldtiana</i>	Hojas	PIA Samaca 2002 (n=2)		2	0.14
<i>Erythroxylum coca</i>	Hojas	PIA Samaca 2002 (n=3)		3	0.07
Otros	Coprolito	PIA Samaca 2002 (n=1) PIA Samaca 2007 (n=5)		6	8.24
Planta no identificada	Hojas, semillas	PIA Samaca 2002 (n=22) PIA Samaca 2007 (n=12)		34	4.79
11 Especies		PIA Samaca 2002 (n=98) PIA Samaca 2007 (n=63)	TOTAL	161	63.38

4.2.- Preparación y envío de muestras a laboratorio especializado

Las muestras se procesarán en un laboratorio especializado dedicado para el manejo de muestras antiguas en el Museo de Ciencias de la Universidad Noruega de Ciencia y Tecnología (NTNU). Esto se justifica en que el laboratorio cuenta con las condiciones, insumos y equipos de alta tecnología necesarios para un aislamiento limpio de ADN fragmentado como es el de restos arqueológicos. Las medidas incluyen lámparas UV, flujo de aire con filtración, ventilación con alta presión positiva, trajes de

aislamiento en múltiples capas y protocolos de operación estandarizados para la esterilización periódica de muebles y materiales. Estas medidas son necesarias para la validez de los resultados dada la alta probabilidad de contaminación cruzada en condiciones normales.

4.3.- Procesamiento molecular

Todas las muestras fueron procesadas en el laboratorio especializado (“Clean Lab”) del Museo Universitario de la Universidad Noruega de Ciencia y Tecnología (NTNU). Este laboratorio está acondicionado para minimizar la contaminación de las muestras mediante el mantenimiento de un alto nivel de esterilidad y protocolos de operación estrictos. Por ejemplo, el laboratorio mantiene una presión de aire positiva con respecto al exterior, cuenta con luces UV encendidas durante la noche, y requiere del uso de indumentaria de cuerpo entero para su ingreso. Estas medidas son particularmente importantes para muestras antiguas como macrofósiles botánicos, los cuales naturalmente cuentan con un ADN altamente degradado y en mínima cantidad, por lo que cualquier contaminación por ADN contemporáneo interfiere en su detección.

Para la desinfección de las muestras, hasta 100 mg de cada muestra fue enjuagada con alcohol y agua, antes de ser sometidas a UV directamente durante por lo menos 2 minutos. En este caso, se evitó usar hipoclorito al 0.5% dado que algunos tejidos porosos absorben los líquidos y pueden aumentar la degradación del ADN. Para la disrupción mecánica de los tejidos se usó una esfera de acero inoxidable de 3 mm de diámetro por muestra en un agitador TissueLyser LT por hasta 4 minutos a 50 Hz. Algunos tejidos duros o flexibles difíciles de reducir mediante este método necesitaron cortes manuales usando hojas de bisturí o pulverización con un martillo.

Para la extracción de ADN se usará el protocolo de extracción de **Wales y Kistler (2019)**. Este protocolo está optimizado para el aislamiento de ADN de plantas de restos de sitios arqueológicos, contextos paleoambientales y herbarios, potencialmente con altos niveles de degradación. El protocolo incluye la lisis en una solución tampón específica para muestras antiguas, y la purificación en base a solventes orgánicos y columnas de sílice. Luego, se prepararon librerías de secuenciación usando un protocolo de tubo único (**Caroe et al. 2017**). Luego de reparar los fragmentos de ADN y añadir adaptadores, el protocolo requiere de una amplificación con qPCR para verificar el número de ciclos necesarios para la obtención de ADN detectable. Este punto es crucial para evaluar el éxito de una librería en comparación con los controles negativos. Las muestras positivas para qPCR fueron reamplificadas usando PCR convencional con cebadores con códigos de barras únicos para diferenciarlas al recibir los resultados de secuenciación. Finalmente, las librerías preparadas fueron purificadas usando perlas magnéticas SPRI y cuantificadas en un analizador de fragmentos TapeStation 4200 (Agilent) de Alta Sensibilidad o un cuantificador fluorométrico Qubit (Thermo Fisher Scientific) de Alta Sensibilidad para ser mezcladas en cantidades equimolares. Estas mezclas equimolares fueron secuenciadas en una plataforma Illumina HiSeq4000.

4.4.- Análisis de secuencias de ADN

Durante el análisis de los resultados de secuenciación, se filtraron las secuencias de ADN provenientes de contaminantes (ADN exógeno) y adaptadores. El ADN restante se contrastó contra una base de datos de ADN cloroplastidial de todas las especies del América disponibles en el repositorio NCBI. Este método holístico no asume una identificación de especie *a priori* y se basa en comparaciones competitivas (**La Torre et al. 2025a**). Luego, las lecturas de ADN procesadas fueron mapeadas a bases de datos

de ADN nuclear de los géneros o familias más probables usando el pipeline Paleomix (**Schubert et al. 2014**), a partir del cual se obtuvieron estadísticos de resumen de éxito de mapeo como profundidad de mapeo. En el caso de identificaciones ambiguas, se mantuvo el nombre en común más reciente hasta el nivel de familia. Identificaciones ambiguas por encima del nivel de Familia fueron consideradas como fallidas.

Para realizar análisis más profundos con las muestras de huarango, se obtuvieron frecuencias alélicas mediante el software ANGSD (**Korneliussen et al. 2014**). Estas fueron empleadas en un análisis exploratorio de componentes principales usando PCangsd (**Meisner et al. 2018**) y para obtener parámetros de diversidad genética a lo largo del genoma usando realSFS (**Nielsen et al. 2012**). El ADN cloroplastidial fue empleado en un análisis filogenómico usando RAxML (**Stamatakis, 2014**) para determinar la diversidad de linajes cloroplastidiales. A fin de tener un punto de referencia para comparación de los resultados, se incluyó información de ADN de muestras modernas.

5.- Resultados de la investigación

5.1.- Envío de las muestras

En coordinación con el personal profesional encargado del almacenamiento del material arqueológico en el Museo Regional de Ica “Adolfo Bermúdez Jenkins”, el material arqueobotánico seleccionado fue manipulado con materiales estériles descartables. Las bolsas individuales con cada una de las muestras fueron guardadas en una caja hasta su envío a Lima y luego a Trondheim, Noruega. Las muestras seleccionadas se detallan más adelante en el inventario y archivo fotográfico (sección 9 y 12, respectivamente).

Se tramitó el permiso de exportación de muestras arqueológicas con fines científicos (Resolución Viceministerial N° 000284-2024-VMPCIC/MC) en el cual se resuelve autorizar dicha exportación, autorizar el servicio de Courier internacional “FedEx Corporation” para efectuar el traslado hacia Noruega, y disponer la redacción de un informe de resultados a la Dirección General de Patrimonio Arqueológico Inmueble en el plazo máximo de un año.

Las muestras fueron embaladas en un paquete y recogidas en Ca. Justiniano Minaya Sosa N° 329 por “FedEx Corporation” el 22 de octubre de 2024 para ser enviadas al Museo Universitario de la Universidad Noruega de Ciencia y Tecnología, Erling Skakkes Gate 47A, Trondheim 7012, Noruega. El número de guía aérea fue 7794 4103 0349. Las muestras fueron recibidas en el destino el 5 de noviembre de 2024. Tras verificarse el buen estado de cada una de las muestras, estas fueron almacenadas en su respectiva bolsa contenedora, a temperatura ambiente y baja humedad hasta su traslado al laboratorio especializado para el procesamiento molecular.

5.2.- Características del ADN obtenido

El procesamiento molecular inicial consistió del aislamiento y purificación de ADN. Alrededor de un tercio de las muestras no rindieron ADN detectable (**33%, Figura 1**). Entre las muestras con extracción positiva, la concentración de ADN fue generalmente baja, con la mayoría entre 0.05 y 2.49 ng/μl. Curiosamente, 3 muestras de huarango, 1 de maíz y 1 de una planta no identificada rindieron concentraciones bastante altas (> 22 ng/μl), lo cual podría indicar la contaminación por ADN moderno durante su manejo.

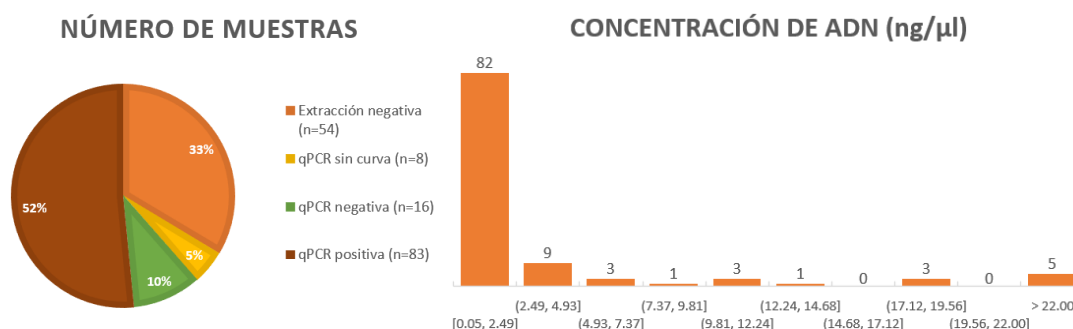


Figura 1. Éxito de procesamiento molecular. A la izquierda, el número de muestras procesadas fallidas durante la extracción y la qPCR, y muestras exitosas. A la derecha, la concentración de ADN genómico para todas las muestras, mostrando que la mayoría resultó en valores muy bajos.

La amplificación por qPCR permitió estimar el número de ciclos necesarios para detectar ADN para la secuenciación. Este número de ciclos es directamente proporcional a la cantidad inicial de ADN en la muestra. Al mismo tiempo que las muestras, se incluyeron controles negativos en la qPCR, los cuales no contaban con ADN presente. Las 16 muestras retiradas del análisis debido a una qPCR negativa presentaron una curva de amplificación igual o peor que los controles negativos (Figura 2).

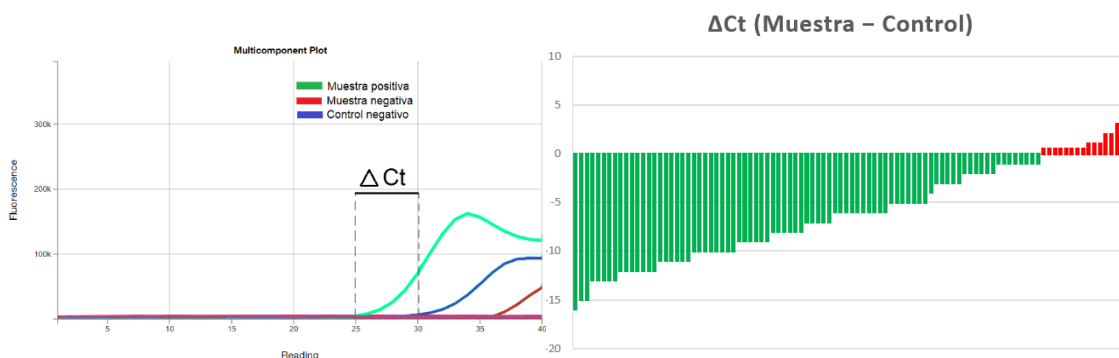


Figura 2. Detalle de amplificación negativa y positiva. A la izquierda, ilustración sobre el criterio para muestras en qPCR. Si la curva de la muestra se encuentra antes de la curva del control negativo ($\Delta C_t < 0$), la muestra se considera positiva. Si la curva de la muestra se encuentra después de la curva del control negativo ($\Delta C_t \geq 0$), la muestra se considera negativa. A la derecha, el resultado de qPCR para todas las muestras.

Las 83 muestras que resultaron positivas en qPCR fueron secuenciadas y procesadas para eliminar secuencias repetitivas, duplicadas y de baja calidad. El porcentaje de lecturas útiles con respecto a los datos crudos varió desde 13.5% hasta 80.27%. Como se esperó, solo se retuvieron fragmentos cortos, observándose un promedio de longitud de fragmentos por muestra de entre pares de base.

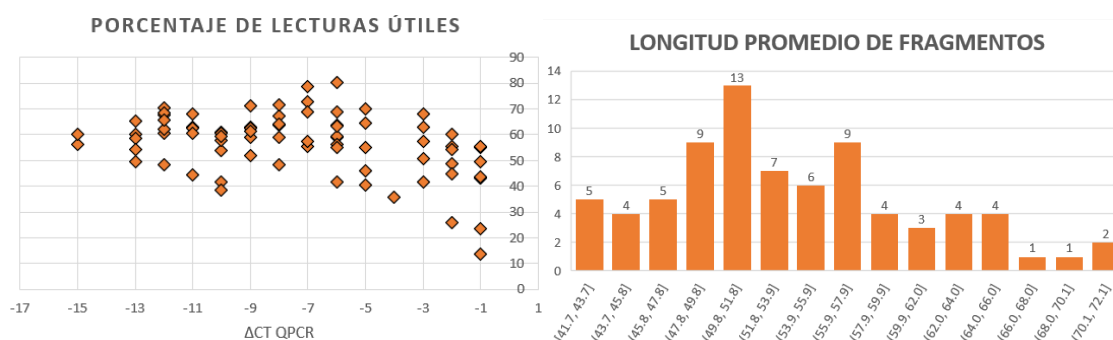


Figura 3. Resultados del procesamiento de lecturas de secuenciación. A la izquierda, el porcentaje de lecturas útiles (número de lecturas filtradas / número de lecturas crudas x 100) según la amplitud de diferencia en amplificación por qPCR (ΔCt). A la derecha, la distribución de longitudes de lectura promedio por muestra. Por su antigüedad, el ADN de muestras antiguas suele estar fragmentado.

5.3.- Análisis holístico de identificación

Se realizó una identificación genética usando una base de datos de cloroplastos de especies distribuidas en Perú. Un total de 47 muestras alcanzaron una clasificación taxonómica, de las cuales 30 contaron con una identificación morfológica previa y 17 fueron de plantas no identificadas. Para las muestras con identificación previa, hubo una coincidencia en la identificación en 13 casos: 6 muestras de huarango (Sam010, Sam087, Sam143, Sam042, Sam055 y Sam078), 2 muestras de mate (Sam057 y Sam081), 2 muestras de maíz (Sam108 y Sam099), 2 muestras de algodón (Sam101 y Sam022) y una muestra de pacay (Sam019).

Tabla 2. Comparación entre la identificación macroscópica y genética de cada muestra mediante el método holístico. Se señalan las concordancias con un superíndice en los códigos de las muestras y se discuten las discordancias en el texto.

Muestra	Identificación morfológica	Nombre común	Número de lecturas	Identificación holística
Sam010 ^C	<i>Prosopis limensis</i>	Huarango	24920	<i>Neltuma</i>
Sam019 ^C	<i>Inga fuellei</i>	Pacay	18818	<i>Inga</i>
Sam087 ^C	<i>Prosopis limensis</i>	Huarango	16621	<i>Neltuma</i>
Sam073	<i>Salix humboldtiana</i>	Sauce	10050	<i>Diplostephium</i>
Sam074	<i>Salix humboldtiana</i>	Sauce	5637	<i>Diplostephium</i>
Sam143 ^C	<i>Prosopis limensis</i>	Huarango	2865	<i>Neltuma</i>
Sam042 ^C	<i>Prosopis limensis</i>	Huarango	1109	<i>Neltuma</i>
Sam057 ^C	<i>Lagenaria</i>	Mate	662	<i>Lagenaria</i>
Sam055	<i>Gossypium</i>	Algodón	568	<i>Neltuma</i>
Sam138	<i>Zea mays</i>	Maíz	513	<i>Triticum</i>

Sam081 ^C	<i>Lagenaria</i>	Mate	504	<i>Lagenaria</i>
Sam108 ^C	<i>Zea mays</i>	Maíz	489	<i>Zea</i>
Sam106	<i>Gossypium</i>	Algodón	450	<i>Neltuma</i>
Sam101 ^C	<i>Gossypium</i>	Algodón	317	<i>Gossypium</i>
Sam022 ^C	<i>Gossypium</i>	Algodón	182	<i>Gossypium</i>
Sam078 ^C	<i>Prosopis limensis</i>	Huarango	150	<i>Neltuma</i>
Sam118	<i>Zea mays</i>	Maíz	147	<i>Andropogon</i>
Sam133	<i>Zea mays</i>	Maíz	141	<i>Streptochaeta</i>
Sam099 ^C	<i>Zea mays</i>	Maíz	139	<i>Zea</i>
Sam115 ^C	<i>Prosopis limensis</i>	Huarango	97	<i>Neltuma</i>
Sam014	<i>Gossypium</i>	Algodón	96	<i>Phaseolus</i>
Sam149	<i>Prosopis limensis</i>	Huarango	68	<i>Erithroxylum</i>
Sam117	<i>Zea mays</i>	Maíz	45	<i>Triticum</i>
Sam020	<i>Cucurbita</i>	Calabaza	37	<i>Phaseolus</i>
Sam037	<i>Gossypium</i>	Algodón	33	<i>Neltuma</i>
Sam025	<i>Prosopis limensis</i>	Huarango	25	<i>Lablab</i>
Sam050	<i>Inga fuellei</i>	Pacay	23	<i>Senegalia</i>
Sam059	<i>Prosopis limensis</i>	Huarango	20	<i>Gossypium</i>
Sam029	<i>Zea mays</i>	Maíz	13	<i>Poaceae</i>
Sam154	<i>Zea mays</i>	Maíz	8	<i>Tripsacum</i>

La mayoría de las discordancias fueron debido a una cantidad insuficiente de datos (< 100 lecturas; Sam014, Sam020, Sam025, Sam029, Sam037, Sam050, Sam059, Sam117, Sam149, Sam154). Por otro lado, las muestras de hojas de sauce (Sam073 y Sam074) fueron identificadas como la asterácea *Diplostephium*, lo cual podría indicar la necesidad de una limpieza más exhaustiva de la superficie de la hoja para eliminar tejido microscópico perteneciente a otras plantas. Del mismo modo, las muestras de algodón Sam055 y Sam106 identificadas como huarango pueden haber tenido hojas u otros tejidos mezclados entre sus fibras, dificultando el aislamiento de solo una de las especies. Finalmente, debido a la similitud entre secuencias cloroplastidiales de especies de poáceas, es común que las muestras de maíz se identifiquen como otras especies dentro del mismo linaje. Esto resalta la necesidad de métodos alternativos para la identificación genética de muestras de maíz, como el uso de ADN nuclear o mitocondrial.

Se identificó genéticamente una variedad de plantas a partir de muestras no identificadas. Entre las muestras con alto soporte se incluyen mayormente asteráceas *Diplostephium* (Sam076), *Symphyotrichum* (Sam068), *Pluchea* (Sam075, Sam144), *Baccharis* (Sam067 y Sam091); y fabáceas como *Parkinsonia* (Sam026 y Sam064), *Phaseolus* (Sam137 y Sam116). Otras identificaciones fueron la poácea *Arundo* (Sam096) y el algodón (Sam112, Sam125 y Sam128). Otras identificaciones menos confiables (< 100 lecturas) fueron obtenidas para las muestras Sam077, Sam102 y Sam136, y requieren una confirmación posterior con ADN nuclear o mitocondrial.

Tabla 3. Comparación entre la identificación macroscópica y genética de cada muestra mediante el método.

Muestra	Identificación morfológica	Número de lecturas	Identificación holística
Sam076	Planta no identificada	9402	<i>Diplostephium</i>
Sam068	Planta no identificada	6553	<i>Symphyotrichum</i>
Sam075	Planta no identificada	5258	<i>Pluchea</i>
Sam064	Planta no identificada	4659	<i>Parkinsonia</i>
Sam144	Planta no identificada	4474	<i>Pluchea</i>
Sam067	Planta no identificada	4157	<i>Baccharis</i>
Sam137	Planta no identificada	2630	<i>Phaseolus</i>
Sam096	Planta no identificada	1330	<i>Arundo</i>
Sam116	Planta no identificada	808	<i>Phaseolus</i>
Sam112	Planta no identificada	437	<i>Gossypium</i>
Sam128	Planta no identificada	316	<i>Gossypium</i>
Sam091	Planta no identificada	286	<i>Baccharis</i>
Sam125	Planta no identificada	134	<i>Gossypium</i>
Sam026	Planta no identificada	129	<i>Parkinsonia</i>
Sam102	Planta no identificada	21	<i>Mucuna</i>
Sam077	Planta no identificada	9	<i>Diplostephium</i>
Sam136	Planta no identificada	5	<i>Corchorus</i>

5.4.- Diversidad genética de huarangos

A fin de emplear datos de ADN antiguo en un estudio profundo de diversidad genética, se realizó un mapeo genético del ADN procedente de las muestras de huarango. Se secuenciaron un total de 43.3 billones de pares de base a partir de las muestras Sam010, Sam021, Sam025, Sam041, Sam042, Sam059, Sam078, Sam079, Sam086, Sam087, Sam089, Sam115, Sam143 y Sam149. Al mapearse al genoma de referencia del algarrobo (**La Torre et al. 2025b, Caycho et al. 2023**), se retuvieron en total 51,583,515 lecturas de distintos tamaños. Sin embargo, esta información alcanzó niveles de cobertura (promedio de información por cada sitio en el genoma) bajos, entre poco más de 0 X y 0.21 X, excepto para la muestra Sam010 que llegó hasta 6.6 X. A fin de obtener un número de individuos suficiente para la estimación de índices de diversidad genética a nivel poblacional, se incluyeron muestras antiguas de otras fuentes (por ejemplo, muestras recién excavadas con mayor éxito de secuenciación de la PIA dirigida por el Arq. George Chauca, y muestras preservadas por el Dr. Beresford-Jones). En total, el número de muestras antiguas con ADN analizable fue 12, de las cuales solo 3 fueron obtenidas a partir de las muestras en este proyecto. Dado el bajo éxito de obtención de ADN para estudios poblacionales usando secuenciación masiva para estas muestras, se recomienda el uso de métodos de secuenciación alternativos como las técnicas de enriquecimiento por Captura de Blancos (Target Capture). Este método usa sondas específicas para capturar el ADN de una especie de interés y eliminar el resto, aumentando así el éxito de secuenciación.

A fin de comparar los resultados de los análisis poblacionales, se incluyeron muestras contemporáneas procedentes de una investigación relacionada (**La Torre et al. 2025c**). El análisis de componentes principales permite explorar los patrones de estructuración poblacional usando datos genéticos. En general, la agrupación de muestras contemporáneas estuvo asociada con su ubicación geográfica, con la población de huarangos de Ica muy cercana a las muestras antiguas del mismo lugar. Sin embargo, a diferencia de la mayoría de muestras modernas, algunos individuos

antiguos se ubican en la región intermedia entre los grupos norte y sur, posiblemente reflejando un mayor grado de conectividad y flujo génico en el pasado.

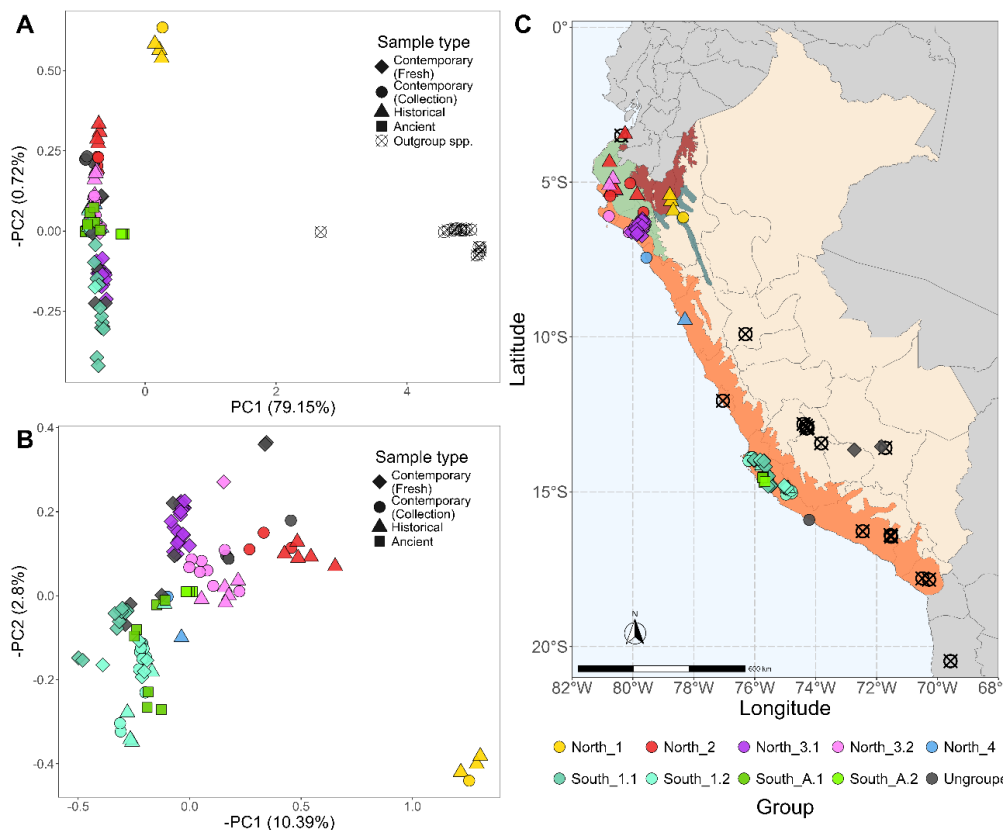


Figura 4. Patrones genéticos asociados con ubicación geográfica extraído de La Torre et al. 2025c. Los círculos, rombos, triángulos y rectángulos indican muestras contemporáneas frescas, contemporáneas de herbario, históricas y antiguas, respectivamente. Las muestras correspondientes a este informe final son las antiguas (Ancient, South_A.1, South_A.2). (A) PCA de todas las muestras, distribución entre PC1 y PC2. (B) PCA sin especies secundarias, distribución entre PC1 y PC2. (C) Distribución de muestras a través del área de estudio. Las áreas de color representan diferentes ecorregiones, en naranja el Desierto de Sechura, en verde el bosque seco de Tumbes-Piura, en marrón el bosque montano Cordillera Real, y en azul el bosque seco del Marañón.

La heterocigosidad es un índice de diversidad genética, el cual está asociado con el número de sitios en el genoma de un individuo donde el ADN de los padres es distinto (heterocigoto). Cuando una población se reduce, hay más probabilidades de que individuos relacionados se apareen entre sí, dando lugar a una reducción en heterocigosidad. En el caso de los huarangos, se nota una diferencia significativa en heterocigosidad comparando muestras contemporáneas y antiguas. Esta reducción de diversidad genética está probablemente relacionada con la degradación de los bosques secos en el sur del Perú desde la intensificación de la agricultura y la sobre-explotación que conllevó. Este resultado rechaza la hipótesis de que el huarango sea una especie que naturalmente tiene niveles de diversidad genética contemporánea bajos. En cambio, su estado actual responde a una erosión genética continua a lo largo de nuestro establecimiento y degradación.

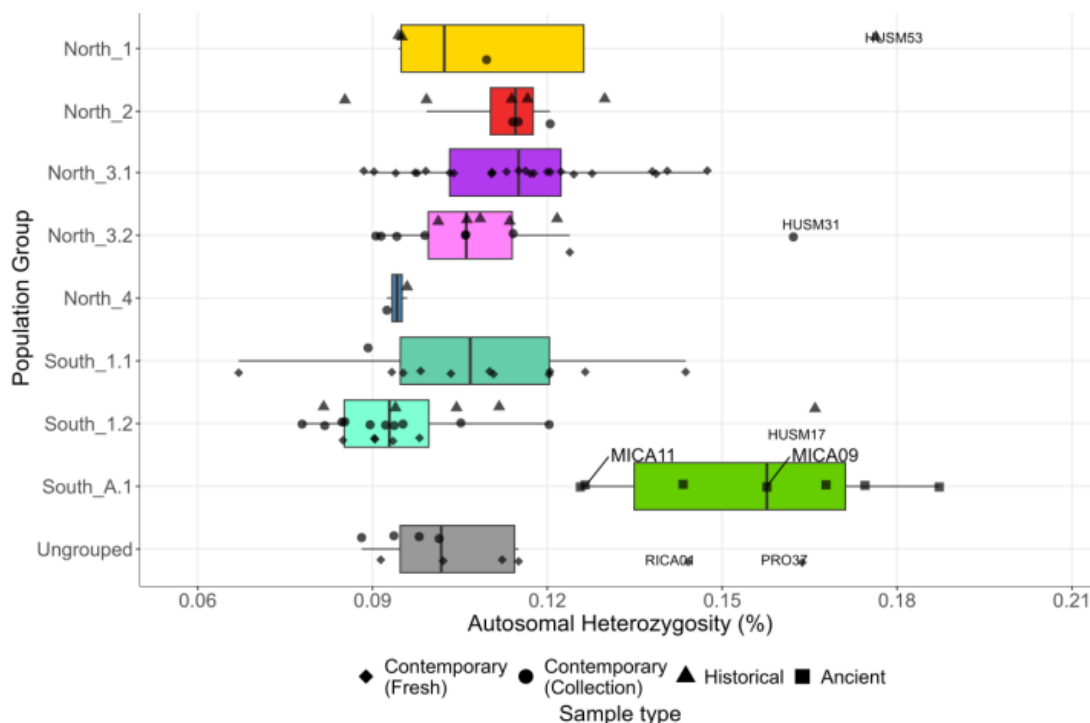


Figura 5. Heterocigosidad a lo largo del genoma de los huarangos extraído de La Torre et al. 2025c. Se muestran las estimaciones para cada población, donde la correspondiente a las muestras de este informe es South_A.1. Los diamantes, círculos, triángulos y cuadrados son muestras contemporáneas frescas, contemporáneas de herbario, históricas y antiguas, respectivamente. Se observa una diferencia significativa en heterocigosidad entre las muestras antiguas y las contemporáneas y modernas.

Finalmente, se estudió la diversidad genética a nivel cloroplastidial, dado que las poblaciones de cualquier especie cuentan con linajes específicos según su historia evolutiva. En general, se encontraron tres linajes cloroplastidiales, los cuales se encontraron en proporciones similares en poblaciones contemporáneas del norte y sur. Sin embargo, para muestras antiguas en el sur, se encontró solo dos linajes en igual proporción, lo cual se desvió significativamente de las proporciones esperadas si las frecuencias no hubieran cambiado en el tiempo. De este modo, se observa que acompañando a la pérdida de diversidad genética a nivel nuclear, el número y proporciones de linajes cloroplastidiales sufrió un cambio significativo.

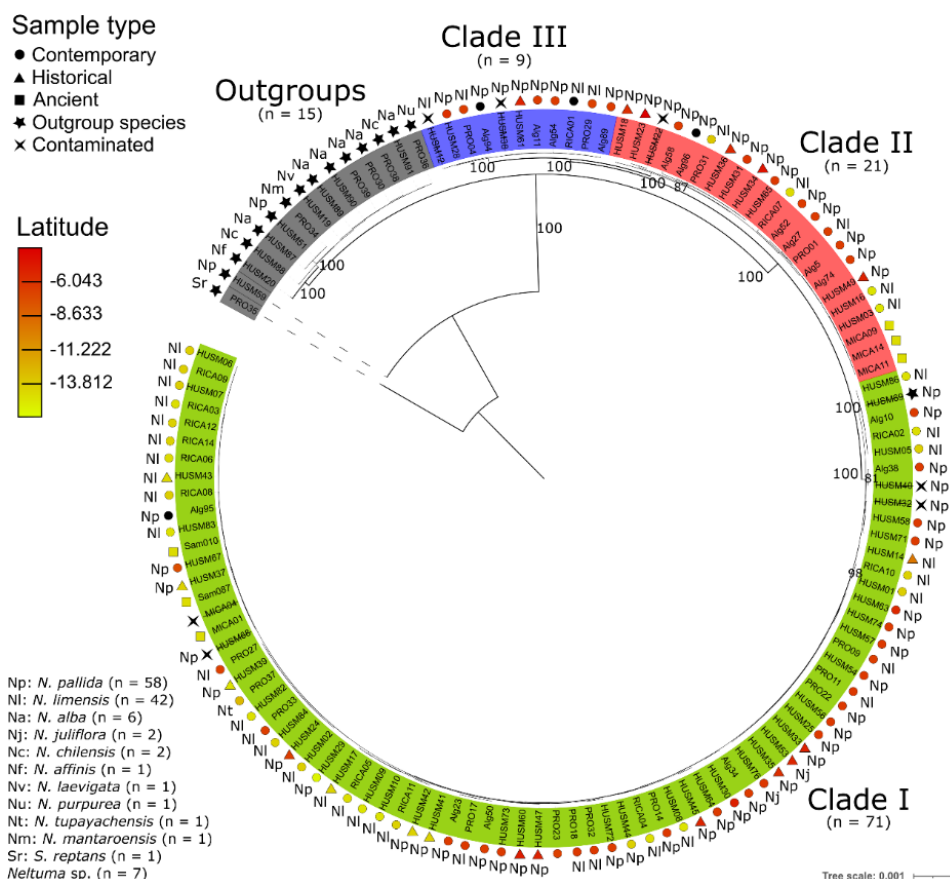


Figura 6. Árbol filogenético de máxima verosimilitud extraído de La Torre et al. 2025c. Los círculos, triángulos y rectángulos indican muestras contemporáneas, históricas y antiguas, respectivamente. Las muestras correspondientes a este informe final son las históricas y contemporáneas de herbario. Se muestra el linaje I en verde, el linaje II en rojo y el linaje III en azul. Las muestras en círculos negros son aquellas con lugar de colecta desconocidos. Las muestras de especies fuera del grupo *N. pallida* y *N. limensis* se indican con una equis. Se muestran las identificaciones morfológicas en la esquina inferior izquierda. Los números en los nodos representan valores de soporte *bootstrap*.

6.- Acciones de conservación preventiva

Para la manipulación de las muestras se siguieron las pautas indicadas en la guía “Criterios básicos para la entrega de bienes culturales muebles procedentes de proyectos de intervención arqueológica al Ministerio de Cultura”. En particular, las muestras arqueobotánicas seleccionadas fueron limpiadas con material estéril descartable para retirar el polvo u otro elemento adherido. Estas acciones se realizaron en coordinación con el personal profesional encargado del almacenamiento de material arqueológico del Museo Regional de Ica “Adolfo Bermúdez Jenkins”

7.- Conclusiones y recomendaciones

Se logró un inventariado, preparación y envío exitoso de las muestras arqueobotánicas seleccionadas de la colección del Museo Regional de Ica “Adolfo Bermúdez Jenkins”. La manipulación de las muestras se realizó en consideración de la

fragilidad e importancia del material arqueológico, y en coordinación con el personal encargado de las colecciones sin presentar ninguna complicación.

Se logró la extracción de ADN de 107/161 muestras, de las cuales 83 contaron con suficiente ADN para la secuenciación. De estas, 47 muestras alcanzaron una identificación genética mediante el alineamiento a genomas de referencia, muchas veces concordante con la identificación previa. Las muestras identificadas genéticamente incluyeron 17 que no pudieron ser identificadas morfológicamente, resaltando el uso del ADN para evaluaciones de material degradado o difícil de examinar. La mezcla de las muestras durante la colecta y manipulación confunde la identificación genética, especialmente cuando hay poca información disponible en el espécimen. Se recomienda una limpieza profunda del material colectado para análisis de ADN, por ejemplo limpiando la superficie de los tejidos usando enjuagues de agua limpia y secados sucesivos.

Los resultados de otros PIA muestran una mejor obtención de ADN de material recién excavado, indicando que el ADN se degrada durante el almacenamiento en la colección de museo. De este modo, se recomienda el uso de protocolos específicos para la preservación de material genético, como el almacenamiento de una submuestra en un tubo de microplástico en refrigeración. No es necesario guardar todo el material, sino hasta 100 mg.

Tomando al huarango como un ejemplo, se logró evaluar la estructuración poblacional y diversidad genética en periodos prehispánicos, evidenciando un profundo cambio a lo largo del tiempo. Primero, coincidiendo con estudios evidenciando un bosque seco con mayor extensión en el sur, se encontraron individuos con ancestría mixta y cercanos a las poblaciones del norte, indicando una mayor conectividad en el pasado. Segundo, la diversidad genética se redujo drásticamente en un periodo de tiempo relativamente corto, posiblemente debido a la deforestación y degradación de las poblaciones en el sur debido a la intensificación en agricultura y sobreexplotación, dejando poblaciones frágiles a nivel genético que vemos hoy en día. Tercero, las consecuencias a la diversidad genética del huarango también se reflejan en la diversidad cloroplastidial, pues se evidenció un cambio significativo en la proporción poblacional de linajes. Finalmente, la mayoría de muestras antiguas provinieron de otros estudios, ya que la degradación del ADN en tejidos almacenados en colecciones hace necesario el uso de otros métodos de secuenciación como Target Capture, incluso en una región hiperárida como Ica donde la mayoría de muestras mostraron una alta integridad. Dado que la degradación en las muestras de colección es continua, se recomienda el submuestreo de material valioso y almacenamiento en refrigeración para futuros análisis genéticos. Asimismo, para las muestras de nuevas excavaciones, se recomienda el almacenamiento inmediato de una muestra de hasta 100 mg en refrigeración.

8.- Equipo de investigadores y responsabilidades

8.1.- Director del Proyecto

Blgo. (Lic.) Renato Daniel La Torre Ramirez – Universidad Nacional Mayor de San Marcos

Responsabilidades:

- Solicitar el permiso para investigar las colecciones

- Examinar y seleccionar las muestras botánicas de periodos prehispánicos
- Extraer una submuestra de las muestras seleccionadas y retornar las muestras no seleccionadas
- Coordinar el análisis con el especialista
- Análisis molecular y genético
- Redactar el informe final

8.2.- Especialista en análisis genéticos de ADN antiguo

Dr. Michael D. Martin – Universidad Noruega de Ciencia y Tecnología

Responsabilidades:

- Procesamiento molecular de las submuestras
- Análisis genético en laboratorio especializado
- Redactar el informe final

9.- Inventario de bienes culturales muebles investigados

PIA SAMACA 2002									
N°	Código	N° Caja	N° Reg Mat.	Sector	UE	Pozo	Capa/Nivel	Especie	Peso (gr.)
1	Sam001	8	50	H-13/C	46	7	Nivel 2	<i>Prosopis limensis</i>	0.38
2	Sam002	8	52	H-13/H	55	8	Capa A	<i>Prosopis limensis</i>	0.76
3	Sam003	8	49	H-13/C	44	7	Capa Sup.	<i>Prosopis limensis</i>	0.06
4	Sam004	8	44	H-13/Dii	43	6 A/B	Superficie	<i>Prosopis limensis</i>	0.01
5	Sam005	8	44	H-13/Dii	43	6 A/B	Superficie	Planta no identificada	0.01
6	Sam006	8	35	H-13/D	32	5	Capa A	<i>Gossypium</i>	0.68
7	Sam007	8	47A	H-13/Dii	50	6	Capa B	<i>Prosopis limensis</i>	0.34
8	Sam008	8	53	H-13/H	56	8	Capa B	<i>Phragmites australis</i>	0.01
9	Sam009	8	53	H-13/H	56	8	Capa B	<i>Prosopis limensis</i>	0.01
10	Sam010	8	53	H-13/H	56	8	Capa B	<i>Prosopis limensis</i>	0.08
11	Sam011	8	53	H-13/H	56	8	Capa B	<i>Prosopis limensis</i>	0.05
12	Sam012	8	45	H-13/Dii	45	6 A/B	Capa A	<i>Prosopis limensis</i>	1.13
13	Sam013	7	38	H-13/D	48	5	Capa B Nivel 2	<i>Gossypium</i>	8.7
14	Sam014	7	36	H-13/D	41	5	Capa B Nivel 1	<i>Gossypium</i>	0.53
15	Sam015	7	40	H-13/D	54	5 B y C	Capa D	<i>Prosopis limensis</i>	0.48
16	Sam016	7	40	H-13/D	54	5 B y C	Capa D	<i>Cucurbita</i>	0.01
17	Sam017	7	28	H-13/H	56	8	Capa B	<i>Phragmites australis</i>	0.14
18	Sam018	7	39	H-13/D	51	5	Capa C Nivel 1	<i>Prosopis limensis</i>	0.27
19	Sam019	7	39	H-13/D	51	5	Capa C Nivel 1	<i>Inga fuellei</i>	0.05
20	Sam020	7	39	H-13/D	51	5	Capa C Nivel 1	<i>Cucurbita</i>	0.01
21	Sam021	7	39	H-13/D	51	5	Capa C Nivel 1	<i>Prosopis limensis</i>	0.05

PIA – GENÉTICA DE PLANTAS ANDINAS PREHISPÁNICAS

22	Sam022	7	39	H-13/D	51	5	Capa C Nivel 1	<i>Gossypium</i>	0.26
23	Sam023	7	32	H-13/F	40	4	Capa E	<i>Prosopis limensis</i>	0.15
24	Sam024	7	34	H-13/D	31	5	Superficie	<i>Prosopis limensis</i>	0.32
25	Sam025	7	36	H-13/D	41	5	Capa B Nivel 1	<i>Prosopis limensis</i>	0.24
26	Sam026	7	36	H-13/D	41	5	Capa B Nivel 1	Planta no identificada	0.21
27	Sam027	7	36	H-13/D	41	5	Capa B Nivel 1	<i>Erythroxylum coca</i>	0.01
28	Sam028	7	36	H-13/D	41	5	Capa B Nivel 1	<i>Zea mays</i>	0.07
29	Sam029	7	36	H-13/D	41	5	Capa B Nivel 1	<i>Zea mays</i>	0.18
30	Sam030	7	36	H-13/D	41	5	Capa B Nivel 1	<i>Cucurbita</i>	0.01
31	Sam031	7	36	H-13/D	41	5	Capa B Nivel 1	<i>Phragmites australis</i>	0.63
32	Sam032	7	36	H-13/D	41	5	Capa B Nivel 1	<i>Phaseolus</i>	1.14
33	Sam033	7	36	H-13/D	41	5	Capa B Nivel 1	<i>Cucurbita</i>	0.05
34	Sam034	7	36	H-13/D	41	5	Capa B Nivel 1	<i>Inga fuellei</i>	0.37
35	Sam035	7	36	H-13/D	41	5	Capa B Nivel 1	<i>Prosopis limensis</i>	0.77
36	Sam036	7	42	H-13/D	59	5 B y C	Capa D	<i>Prosopis limensis</i>	0.04
37	Sam037	7	42	H-13/D	59	5 B y C	Capa D	<i>Gossypium</i>	0.03
38	Sam038	7	42	H-13/D	59	5 B y C	Capa D	<i>Gossypium</i>	0.01
39	Sam039	7	42	H-13/D	59	5 B y C	Capa D	<i>Gossypium</i>	0.02
40	Sam040	7	42	H-13/D	59	5 B y C	Capa D	<i>Prosopis limensis</i>	0.14
41	Sam041	7	42	H-13/D	59	5 B y C	Capa D	<i>Prosopis limensis</i>	0.03
42	Sam042	7	42	H-13/D	59	5 B y C	Capa D	<i>Prosopis limensis</i>	0.5
43	Sam043	7	35	H-13/D	32	5	Capa A	<i>Phragmites australis</i>	0.19
44	Sam044	7	35	H-13/D	32	5	Capa A	<i>Erythroxylum coca</i>	0.02
45	Sam045	7	35	H-13/D	32	5	Capa A	<i>Erythroxylum coca</i>	0.04
46	Sam046	7	35	H-13/D	32	5	Capa A	Planta no identificada	0.04
47	Sam047	7	35	H-13/D	32	5	Capa A	Planta no identificada	0.16
48	Sam048	7	35	H-13/D	32	5	Capa A	<i>Cucurbita</i>	0.12
49	Sam049	7	35	H-13/D	32	5	Capa A	<i>Zea mays</i>	3.71
50	Sam050	7	35	H-13/D	32	5	Capa A	<i>Inga fuellei</i>	0.09
51	Sam051	7	35	H-13/D	32	5	Capa A	<i>Prosopis limensis</i>	1.44
52	Sam052	7	35	H-13/D	32	5	Capa A	<i>Prosopis limensis</i>	0.08
53	Sam053	7	38	H-13/D	48	5 B y C	Capa B Nivel 2	<i>Inga fuellei</i>	0.01
54	Sam054	7	38	H-13/D	48	5 B y C	Capa B Nivel 2	<i>Inga fuellei</i>	0.01
55	Sam055	7	38	H-13/D	48	5 B y C	Capa B Nivel 2	<i>Gossypium</i>	0.16
56	Sam056	7	38	H-13/D	48	5 B y C	Capa B Nivel 2	Planta no identificada	0.03
57	Sam057	7	38	H-13/D	48	5 B y C	Capa B Nivel 2	Planta no identificada	0.07

PIA – GENÉTICA DE PLANTAS ANDINAS PREHISPÁNICAS

58	Sam058	7	38	H-13/D	48	5 B y C	Capa B Nivel 2	<i>Prosopis limensis</i>	0.1
59	Sam059	7	38	H-13/D	48	5 B y C	Capa B Nivel 2	<i>Prosopis limensis</i>	0.05
60	Sam060	7	38	H-13/D	48	5 B y C	Capa B Nivel 2	<i>Phragmites australis</i>	0.16
61	Sam061	7	38	H-13/D	48	5 B y C	Capa B Nivel 2	<i>Zea mays</i>	0.13
62	Sam062	7	38	H-13/D	48	5 B y C	Capa B Nivel 2	<i>Prosopis limensis</i>	0.48
63	Sam063	7	24	H-13/A	2	3	Capa Superf.	Planta no identificada	0.1
64	Sam064	7	24	H-13/A	2	3	Capa Superf.	Planta no identificada	0.01
65	Sam065	7	24	H-13/A	2	3	Capa Superf.	Planta no identificada	0.06
66	Sam066	7	24	H-13/A	2	3	Capa Superf.	Planta no identificada	0.01
67	Sam067	7	24	H-13/A	2	3	Capa Superf.	Planta no identificada	0.04
68	Sam068	7	24	H-13/A	2	3	Capa Superf.	Planta no identificada	0.02
69	Sam069	7	24	H-13/A	2	3	Capa Superf.	<i>Gossypium</i>	0.2
70	Sam070	7	24	H-13/A	2	3	Capa Superf.	<i>Prosopis limensis</i>	0.01
71	Sam071	7	24	H-13/A	2	3	Capa Superf.	<i>Prosopis limensis</i>	0.06
72	Sam072	7	24	H-13/A	2	3	Capa Superf.	<i>Prosopis limensis</i>	0.04
73	Sam073	7	26	H-13/A	12	3	Relleno	<i>Salix humboldtiana</i>	0.01
74	Sam074	7	26	H-13/A	12	3	Relleno	<i>Salix humboldtiana</i>	0.13
75	Sam075	7	26	H-13/A	12	3	Relleno	Planta no identificada	0.01
76	Sam076	7	26	H-13/A	12	3	Relleno	Planta no identificada	0.01
77	Sam077	7	26	H-13/A	12	3	Relleno	Planta no identificada	0.04
78	Sam078	7	26	H-13/A	12	3	Relleno	Planta no identificada	0.03
79	Sam079	7	2	H-13/C	5	1 A	Capa A	Planta no identificada	0.03
80	Sam080	7	2	H-13/C	5	1 A	Capa A	Planta no identificada	0.01
81	Sam081	7	1	H-13/C	3	1 A,B,C	Capa Superf.	Planta no identificada	0.41
82	Sam082	7	1	H-13/C	3	1 A,B,C	Capa Superf.	<i>Zea mays</i>	0.06
83	Sam083	7	1	H-13/C	3	1 A,B,C	Capa Superf.	<i>Prosopis limensis</i>	0.04
84	Sam084	7	1	H-13/C	3	1 A,B,C	Capa Superf.	Coprolito	0.13
85	Sam085	7	4	H-13/C	14	1 A	Capa C	Planta no identificada	0.04
86	Sam086	7	4	H-13/C	14	1 A	Capa C	<i>Prosopis limensis</i>	0.01
87	Sam087	7	7	H-13/C	18	1 C	Capa A	<i>Prosopis limensis</i>	0.04
88	Sam088	7	6	H-13/C	17	1 B	Capa A	<i>Prosopis limensis</i>	0.01
89	Sam089	7	5	H-13/C	16	1 A	Capa D	<i>Prosopis limensis</i>	0.03
90	Sam090	7	5	H-13/C	16	1 A	Capa D	<i>Prosopis limensis</i>	0.06
91	Sam091	7	5	H-13/C	16	1 A	Capa D	Planta no identificada	0.01
92	Sam092	7	15	H-13/C	37	1 B	Capa E	<i>Prosopis limensis</i>	0.06
93	Sam093	7	13	H-13/C	34	1 B	Capa D	<i>Prosopis limensis</i>	0.1

PIA – GENÉTICA DE PLANTAS ANDINAS PREHISPÁNICAS

94	Sam094	7	11	H-13/C	24	1 B	Capa C	<i>Prosopis limensis</i>	0.14
95	Sam095	7	11	H-13/C	24	1 B	Capa C	<i>Phragmites australis</i>	0.01
96	Sam096	7	9	H-13/C	22	1 C	Capa B	Planta no identificada	0.01
97	Sam097	7	9	H-13/C	22	1 C	Capa B	<i>Phragmites australis</i>	0.07
98	Sam098	7	9	H-13/C	22	1 C	Capa B	<i>Prosopis limensis</i>	0.03

PIA SAMACA 2007							
N°	Código	N° Caja	Rasgo	Unidad Estrat.	Pozo	Material	Peso (gr.)
99	Sam099	12	1	3001	1	<i>Zea mays</i>	3.94
100	Sam100	12	1	3001	1	<i>Prosopis limensis</i>	0.48
101	Sam101	12	1	3001	1	<i>Gossypium</i>	1.51
102	Sam102	12	1	3001	1	Planta no identificada	0.3
103	Sam103	12	1	3001	1	<i>Phaseolus</i>	0.31
104	Sam104	12	1	3010	2	<i>Phragmites australis</i>	1.46
105	Sam105	12	1	3010	2	<i>Zea mays</i>	2.07
106	Sam106	12	1	3010	2	<i>Gossypium</i>	0.06
107	Sam107	12	1	3010	2	<i>Zea mays</i>	2.95
108	Sam108	12	1	3010	2	<i>Zea mays</i>	0.27
109	Sam109	12	21	7016	5	<i>Gossypium</i>	1.35
110	Sam110	12	21	7031	S706	<i>Gossypium</i>	0.07
111	Sam111	12	1	3004	1	<i>Phragmites australis</i>	0.17
112	Sam112	12	1	3004	1	Planta no identificada	0.06
113	Sam113	12	1	3004	1	<i>Gossypium</i>	1.12
114	Sam114	12	1	3004	1	<i>Phaseolus</i>	0.01
115	Sam115	12	1	3004	1	<i>Prosopis limensis</i>	0.21
116	Sam116	12	1	3004	1	Planta no identificada	0.12
117	Sam117	12	1	3004	1	<i>Zea mays</i>	0.1
118	Sam118	12	1	3002	1	<i>Zea mays</i>	1.82
119	Sam119	12	1	3002	1	<i>Gossypium</i>	0.08
120	Sam120	12	1	3002	1	<i>Phragmites australis</i>	0.23
121	Sam121	12	1	3002	1	<i>Phragmites australis</i>	0.06
122	Sam122	12	1	3002	1	<i>Gossypium</i>	0.05
123	Sam123	12	1	3003	1	<i>Gossypium</i>	0.46
124	Sam124	12	1	3003	1	<i>Phaseolus</i>	0.17
125	Sam125	12	1	3003	1	Planta no identificada	0.08
126	Sam126	12	1	3003	1	<i>Phragmites australis</i>	0.24

PIA – GENÉTICA DE PLANTAS ANDINAS PREHISPÁNICAS

127	Sam127	12	1	3004	1	Planta no identificada	0.25
128	Sam128	12	1	3004	1	Planta no identificada	0.07
129	Sam129	12	1	3004	1	Planta no identificada	0.04
130	Sam130	12	1	3004	1	<i>Cucurbita</i>	0.08
131	Sam131	12	1	3004	1	Planta no identificada	0.13
132	Sam132	12	1	3004	1	<i>Phaseolus</i>	1.22
133	Sam133	12	1	3004	1	<i>Zea mays</i>	1.41
134	Sam134	12	1	3004	1	<i>Phragmites australis</i>	0.29
135	Sam135	12	1	3002	1	<i>Phaseolus</i>	0.89
136	Sam136	12	1	3002	1	Planta no identificada	0.19
137	Sam137	12	1	3002	1	Planta no identificada	0.05
138	Sam138	12	1	3002	1	<i>Zea mays</i>	0.01
139	Sam139	12	1	3002	1	<i>Gossypium</i>	0.32
140	Sam140	12	1	3002	1	<i>Inga fuellei</i>	1.15
141	Sam141	12	1	3002	1	<i>Phragmites australis</i>	0.26
142	Sam142	12	1	3002	1	<i>Inga fuellei</i>	0.01
143	Sam143	12	1	3016	2	<i>Prosopis limensis</i>	0.14
144	Sam144	12	1	3016	2	Planta no identificada	0.01
145	Sam145	12	1	3016	2	<i>Cucurbita</i>	0.01
146	Sam146	12	1	3016	2	<i>Zea mays</i>	0.06
147	Sam147	12	1	3016	2	<i>Phragmites australis</i>	0.12
148	Sam148	12	1	3010	2	<i>Inga fuellei</i>	0.27
149	Sam149	12	1	3010	2	<i>Prosopis limensis</i>	0.04
150	Sam150	12	1	3010	2	<i>Phaseolus</i>	0.01
151	Sam151	12	1	3010	2	<i>Gossypium</i>	0.54
152	Sam152	12	1	3012	2	<i>Phragmites australis</i>	0.25
153	Sam153	12	1	3012	2	<i>Inga fuellei</i>	0.14
154	Sam154	12	1	3012	2	<i>Zea mays</i>	1.17
155	Sam155	12	1	3012	2	<i>Gossypium</i>	0.23
156	Sam156	12	21	7006	3	Coprolito	4.09
157	Sam157	12	21	7006	3	Coprolito	0.3
158	Sam158	12	21	7010	5	Coprolito	0.55
159	Sam159	12	1	3002	1	Planta no identificada	2.23
160	Sam160	12	21	7012	5	Coprolito	0.21
161	Sam161	12	21	7008	2	Coprolito	2.96

10.- Medios de difusión de la investigación

El medio de difusión de los resultados de esta investigación es principalmente mediante revistas científicas revisadas por pares aún por identificar, una vez que se finalicen con los análisis bioinformáticos. La identificación de la revista se realizará cuando se culmine con los análisis genéticos.

11.- Bibliografía

1. Ringelberg, J. J., Koenen, E. J., Iganci, J. R., de Queiroz, L. P., Murphy, D. J., Gaudeul, M., ... & Hughes, C. E. (2022). Phylogenomic analysis of 997 nuclear genes reveals the need for extensive generic re-delimitation in Caesalpinioideae (Leguminosae). *PhytoKeys*, 205, 3.
2. Orlando, L., Allaby, R., Skoglund, P., Der Sarkissian, C., Stockhammer, P. W., Ávila-Arcos, M. C., ... & Warinner, C. (2021). Ancient DNA analysis. *Nature reviews methods primers*, 1(1), 14.
3. Forester, B. R., Beever, E. A., Darst, C., Szymanski, J., & Funk, W. C. (2022). Linking evolutionary potential to extinction risk: applications and future directions. *Frontiers in Ecology and the Environment*, 20(9), 507-515.
4. Beresford-Jones, D. G., & Whaley, O. Q. (2022). Prosopis in the history of the coast of Peru. Prosopis as a Heat Tolerant Nitrogen Fixing Desert Food Legume, 95-103.
5. Beresford-Jones, D. G., Arce, S., Whaley, O. Q., & Chepstow-Lusty, A. J. (2009). The role of Prosopis in ecological and landscape change in the Samaca Basin, lower Ica Valley, south coast Peru from the Early Horizon to the Late Intermediate Period. *Latin American Antiquity*, 20(2), 303-332.
6. Wales, N., & Kistler, L. (2019). Extraction of ancient DNA from plant remains. *Ancient DNA: Methods and protocols*, 45-55.
7. Schubert, M., Ermini, L., Sarkissian, C. D., Jónsson, H., Ginolhac, A., Schaefer, R., ... & Orlando, L. (2014). Characterization of ancient and modern genomes by SNP detection and phylogenomic and metagenomic analysis using PALEOMIX. *Nature protocols*, 9(5), 1056-1082.
8. Carøe, C., Gopalakrishnan, S., Vinner, L., Mak, S. S., Sinding, M. H. S., Samaniego, J. A., ... & Gilbert, M. T. P. (2018). Single-tube library preparation for degraded DNA. *Methods in ecology and evolution*, 9(2), 410-419.
9. Korneliussen, T. S., Albrechtsen, A., & Nielsen, R. (2014). ANGSD: analysis of next generation sequencing data. *BMC bioinformatics*, 15(1), 1-13.
10. Meisner, J., & Albrechtsen, A. (2018). Inferring population structure and admixture proportions in low-depth NGS data. *Genetics*, 210(2), 719-731.
11. Nielsen, R., Korneliussen, T., Albrechtsen, A., Li, Y., & Wang, J. (2012). SNP calling, genotype calling, and sample allele frequency estimation from new-generation sequencing data.
12. Stamatakis, A. (2014). RAxML version 8: a tool for phylogenetic analysis and post-analysis of large phylogenies. *Bioinformatics*, 30(9), 1312-1313.

13. Caycho, E., La Torre, R., & Orjeda, G. (2023). Assembly, annotation and analysis of the chloroplast genome of the Algarrobo tree *Neltuma pallida* (subfamily: Caesalpinioideae). *BMC Plant Biology*, 23(1), 570.
14. La Torre, R., Kosel, P., Bieker, V. C., Westergaard, K. B., Mykkeltvedt, J. L., Yildirim, K. L., ... & Martin, S. L. (2025a). Sedimentary ancient DNA metagenomic analysis provides new insights into farming in central Norway from the Bronze Age to late Medieval period. *bioRxiv*, 2025-06.
15. La Torre, R., Hamilton, J. P., Saucedo-Bazalar, M., Caycho, E., Vaillancourt, B., Wood, J. C., ... & Orjeda, G. (2025b). A chromosome-level genome assembly of the Peruvian Algarrobo (*Neltuma pallida*) provides insights on its adaptation to its unique ecological niche. *G3: Genes, Genomes, Genetics*, 15(2), jkae283.
16. La Torre, R. D., Bieker V. C., Martin M. D. (2025c). *A Spatiotemporal Genomic Investigation of Diversity, Adaptation and Utilization in Peruvian Algarrobos (Neltuma pallida and N. limensis): Keystone Species of a Deteriorating Neotropical Seasonally Dry Woodland* (Master's thesis, NTNU).

12.- Archivo fotográfico

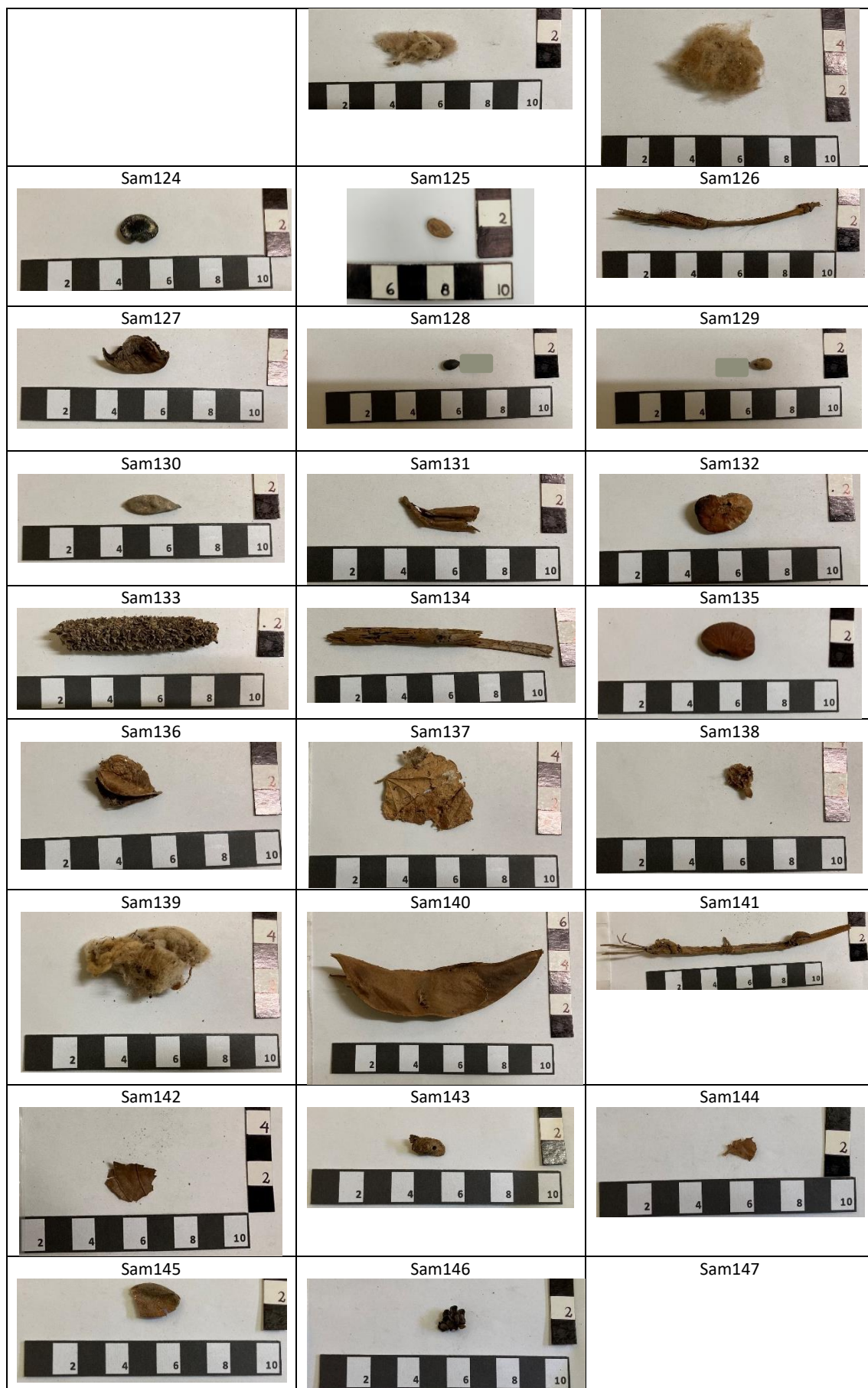


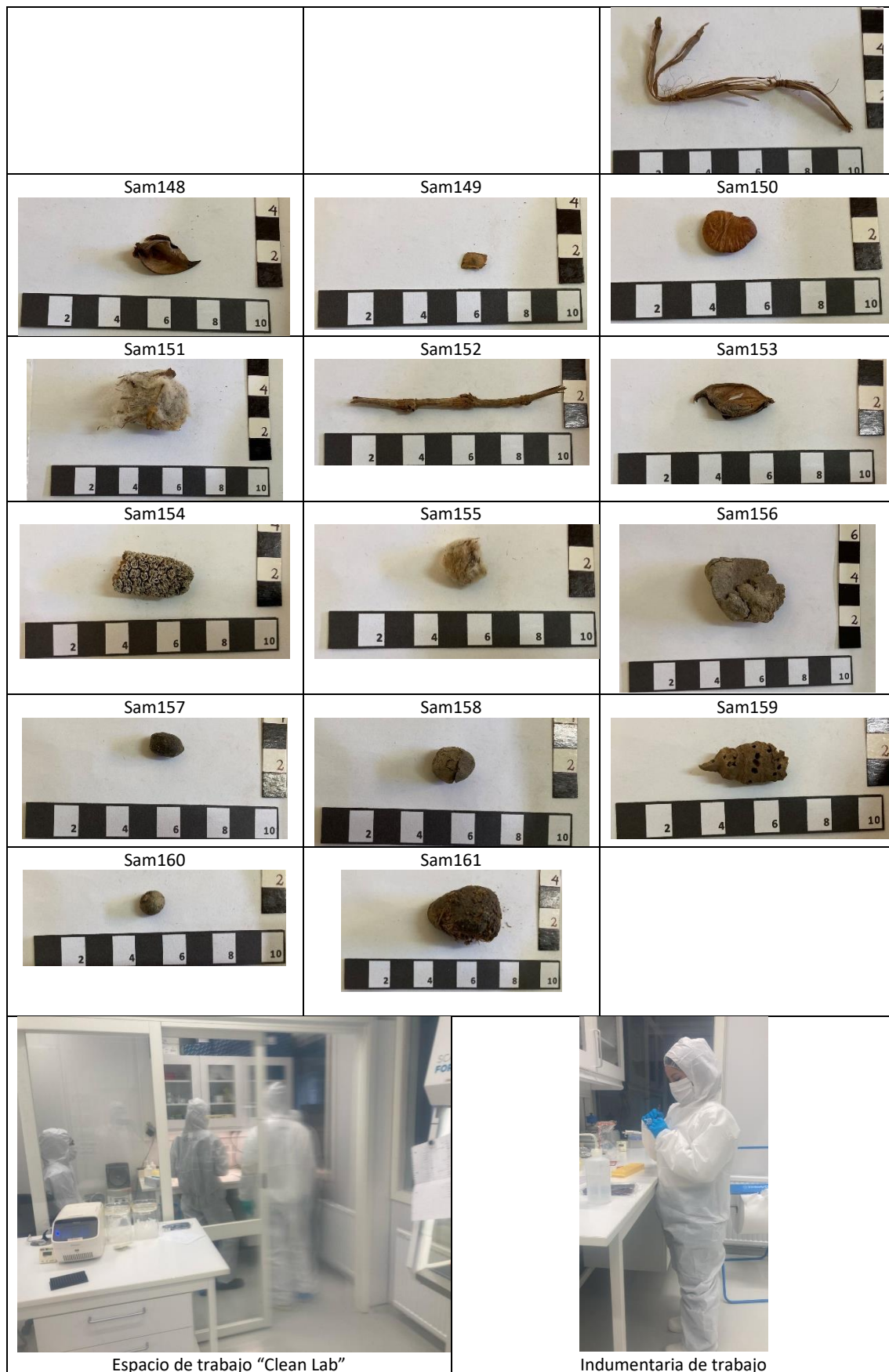


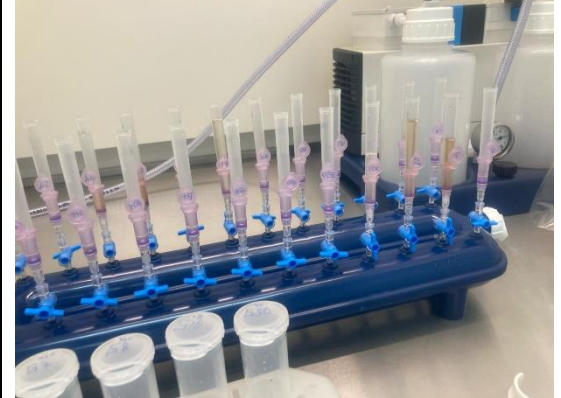
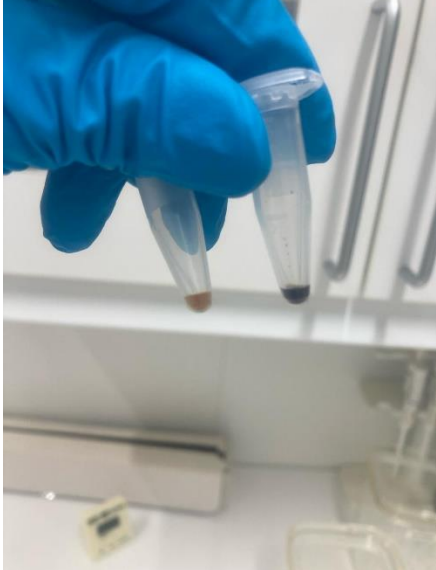










	
Destrucción de material con martillo para procesamiento	Destrucción de material con sierra para procesamiento
	
Adición de reactivos a las muestras para lisis	Filtrado de solución de lisis para retención de ADN
	
Resultados de extracción. Hubo una correlación negativa entre la coloración y el éxito de extracción.	

ANEXO 1

**RELACIÓN DE RESTOS ARQUEOBOTÁNICOS PROVENIENTES DEL PIA SAMACA 2002 Y
PIA SAMACA 2007 EN EL MUSEO REGIONAL DE ICA “ADOLFO BERMÚDEZ JENKINS”**

PIA SAMACA 2002						
N° Caja	Rasgo	Unidad Estrat.	Pozo	Trinchera/ Capa/Nivel	Peso	Observaciones
7	001	3	1 A,B,C	Capa Superf.	44	-
7	002	5	1 A	Capa A	3	-
7	003	11	1 A	Capa B	2	-
7	004	14	1 A	Capa C	10	-
7	005	16	1 A	Capa D	2	
7	006	17	1 B	Capa A	0.5	
7	007	18	1 C	Capa A	0.5	
7	008	21	1 B	Capa B	1	
7	008-011	21-24	1 B	Capas B y C	151	
7	009	22	1 C	Capa B	2	
7	010	23	1 C	Capa B intrusión	0.5	
7	011	24	1 B	Capa C	22	
7	012	25	1 C	Capa C	2	
7	013	35	1 B	Capa D	1	
7	015	37	1 B	Capa E	1	
7	024	2	3	Capa Superf.	17	
7	026	12	3	Relleno	40	
7	028	19	4	Capa A	0.5	
7	032	40	4	Capa E	0.5	
7	034	31	5	Superficie	6	
7	035	32	5	Capa A	128	
7	036	41	5	Capa B Nivel 1	290	
7	038	48	5 B y C	Capa B Nivel 2	45	
7	039	51	5	Capa C Nivel 1	41	
7	040	54	5 B y C	Capa C Nivel 2	87	
7	042	59	5 B y C	Capa D	214	
8	044	43	6	Superficie	4	
8	045	45	6	Capa A	7	
8	047	50	6	Capa B	52	Bolsa a
8	047	50	6	Capa B	2	Bolsa b
8	049	44	7	Capa Sup.	36	
8	050	46	7	Nivel 2	335	
8	051	47	7	Nivel 3	16	
8	052	55	8	Capa A	534	
8	053	56	8	Capa B	115	
8	054	-	-	Superficie	271	

PIA SAMACA 2007						
N° Caja	Rasgo	Unidad Estrat.	Pozo	Trinchera/Capa/Nivel	Peso	Observaciones
12	1	3001	1	-	23	Superficie
12	1	3001	1	-	209	-
12	1	3002	1	-	77	Bolsa 1 de 4
12	1	3002	1	-	118	Bolsa 2 de 4
12	1	3002	1	-	84	Bolsa 3 de 4
12	1	3002	1	-	389.4	Bolsa 4 de 4
12	1	3003	1	-	93	-
12	1	3004	1	-	178.5	Bolsa 2 de 2
1	1	3004	1	-	92	Bolsa 1 de 2
12	1	3010	2	-	284	Bolsa 1 de 2
12	1	3010	2	-	76.5	Bolsa 2 de 2
12	1	3012	2	-	89.6	Algodón y otros
12	1	3013	2	-	8.3	-
12	1	3016	2	-	13.4	-
12	21	7006	S703	-	30	-
12	21	7010	5	-	32	-
12	21	7016	5	-	30	Algodón
12	21	7031	S706	-	4	Algodón