



Estructura genética de poblaciones humanas del Curso Superior del río Aconcagua mediante SNPs informativos de ancestría

Tesis

Entregada A La
Universidad De Chile
En Cumplimiento Parcial De Los Requisitos
Para Optar Al Grado De

Magíster en Ciencias Biológicas

Facultad De Ciencias

Por

Michael Eduardo Orellana Soto

Noviembre, 2018

Director de Tesis Dr. Mauricio Moraga Vergara

Co-Director de Tesis Dr. David Véliz Baeza

FACULTAD DE CIENCIAS

UNIVERSIDAD DE CHILE

INFORME DE APROBACION

TESIS DE MAGÍSTER

Se informa a la Escuela de Postgrado de la Facultad de Ciencias que la Tesis de Magister presentada por el candidato.

Michael Eduardo Orellana Soto

Ha sido aprobada por la comisión de Evaluación de la tesis como requisito para optar al grado de Magíster en Ciencias Biológicas, en el examen de Defensa Privada de Tesis rendido el día 3 de julio del 2018.

Director de Tesis:

Dr. Mauricio Moraga V.

Co-Director de Tesis:

Dr. David Véliz B.

Comisión de Evaluación de la Tesis

Dr. Elie Poulin C.

Dra. Alejandra González V.

BIOGRAFÍA



Antropólogo con mención en antropología física, realicé mis estudios de pregrado en la Universidad de Concepción. Durante el pregrado, prontamente comencé a interesarme en la variabilidad biológica de las poblaciones humanas. Fue durante mi práctica profesional y memoria realizada en el laboratorio de Genética de Poblaciones y Evolución Humana, Facultad de Medicina, Universidad de Chile, a cargo del Dr. Mauricio Moraga, donde me interioricé en el estudio de la variabilidad genética humana, específicamente, de las poblaciones mestizas e indígenas chilenas. En marzo del 2015 ingresé al programa de Magíster en Ciencias Biológicas de la Facultad de Ciencias de la Universidad de Chile donde profundicé mis conocimientos tomando cursos de ecología molecular, estadística y realizando una unidad de investigación en el Laboratorio GENOMED, Facultad de Medicina, Universidad de Chile, a cargo del Dr. Ricardo Verdugo, donde me familiaricé con algunas herramientas bioinformáticas. Además, obtuve una beca de la Vicerrectoría de Asuntos Académicos de la Universidad de Chile la que me permitió realizar una estancia de investigación en el LIIGH (Laboratorio Internacional de Investigación sobre el Genoma Humano), UNAM, México, a cargo de la Dra. María Ávila Arcos, donde profundicé mis conocimientos en bioinformática. Complementariamente participo en actividades de docencia en la Universidad de Chile y la Universidad de Concepción. Esta tesis es fruto de mi profundo interés en el conocimiento de la composición genética de Chile y de los factores culturales, ecológicos y demográficos que la modelan.

“Este valle de Aconcagua es mejor y más abundoso que todos los pasados; Tiene tres leguas de ancho por las más parte y por otras partes poco menos. Tiene de la sierra a la mar xx leguas; tiene ovejas y mucho maíz y algarrobales. Corre por este valle un río caudaloso; tienen sacado los naturales xx y dos acequias grandes para regar todas las tierras que cultivan y siembran...”

(Extracto de *Crónica y relación copiosa y verdadera de los reynos de Chile*, Gerónimo de Bibar, pp.37).

AGRADECIMIENTOS

A la Vicerrectoría de Asuntos académicos del Departamento de Posgrado y Postítulo de la Universidad de Chile por el apoyo en la realización de mi estancia de investigación en el Laboratorio Internacional de Investigación sobre el Genoma Humano, UNAM, Querétaro, México.

Al laboratorio de Genética de poblaciones y Evolución humana por el humor característico, apoyo y comprensión en momentos de estrés.

A Paloma Contreras, Alejandro Blanco, Alejandro Sepúlveda y Karen Oróstica por la ayuda bioinformática aportada durante mi unidad de investigación en el laboratorio GENOMED.

A las investigadoras y estudiantes del LIIGH que siempre me hicieron sentir como en casa y fueron un gran apoyo estando a muchos kilómetros de Chile.

Al profesor Mauricio Moraga por la paciencia, confianza y apoyo en la realización de la presente tesis.

Al profesor David Véliz por el apoyo, acotaciones y ánimo entregado en momentos complejos.

A mis padres por confiar en mis capacidades y apoyarme en todo momento en el transcurso de este posgrado.

A mi chilanga querida, gracias por el apoyo y cariño desde las tierras mesoamericanas.

ÍNDICE

RESUMEN	1
ABSTRACT	2
INTRODUCCIÓN	5
ANTECEDENTES VALLE DE ACONCAGUA.....	7
Geografía.....	7
Arqueología.....	9
Etnohistoria e historia	17
Genética	20
HIPÓTESIS.....	24
OBJETIVO GENERAL	24
OBJETIVOS ESPECÍFICOS.....	24
MATERIALES Y MÉTODOS.....	26
Muestras, genotipificación y control de calidad.....	26
Análisis estadísticos	27
RESULTADOS	33
DISCUSIÓN	45
CONCLUSIÓN.....	51
BIBLIOGRAFÍA.....	53
MATERIAL SUPLEMENTARIO	63

Lista de Tablas

Tabla S1. Análisis de asignación poblacional de cada individuo a los valles de Putaendo, Santa María y Los Andes.....	60
---	----

Lista de Figuras

Figura 1. Mapa Curso superior del río Aconcagua.....	7
Figura 2. Secuencia Crono-cultural de los periodos y desarrollos culturales del valle de Aconcagua.....	10
Figura 3. Errores de validación cruzada de ADMIXTURE considerando K=1 a K=10.....	31
Figura 4. Proporciones de ancestría estimado por ADMIXTURE en modo supervisado considerando K = 3 y K = 4.....	32
Figura 5. Boxplot de la comparación de proporciones de componente europeo (CEU), africano (YRI) e indígena (NA) entre los valles de Los Andes, Putaendo y Santa María.....	33
Figura 6. Boxplot de la comparación de proporciones de componentes indígena norte (AYM) e indígena centro sur (PEH-HUI) entre los valles de Los Andes, Putaendo y Santa María.....	34
Figura 7. Resultado del análisis de Componentes Principales (PC1 y PC2).....	35
Figura 8. Resultado del análisis de Componentes Principales (PC2 y PC3).....	36
Figura 9. Análisis discriminante de componentes principales.....	38
Figura S1. Resumen estadístico de datos perdidos por individuo y por SNPs.....	56
Figura S2. Proporciones de ancestría estimado por ADMIXTURE en modo no supervisado	

considerando $K = 3$ y $K = 4$	57
Figura S3. Análisis de correlación entre los componentes ancestrales derivados del análisis de ADMIXTURE supervisado y no supervisado.....	58
Figura S4. Densidades de individuos función discriminante 1 y 2 dado los resultado de DAPC.....	59
Figura S5. Inferencia de número de clústers (K) en el set de datos del valle de Aconcagua según los valores de BIC (Bayesian Information Criterion).....	60

RESUMEN

La arqueología y la historia del Valle de Aconcagua dan cuenta de una gran variabilidad cultural. Recientes prospecciones arqueológicas sugieren que desde el Periodo Alfarero Temprano se visualizan dos áreas diferenciadas culturalmente: valle de Putaendo y valle de Los Andes. Estas áreas muestran diferencias en relación al tipo de cerámica, desarrollo de petroglifos y patrones mortuorios. Junto con ello, las características geográficas del valle de Aconcagua, específicamente la presencia del río Aconcagua se presenta como una posible barrera geográfica que influiría en el flujo de personas. A pesar de las implicancias que puede traer el estudiar poblaciones mestizas, las poblaciones de Aconcagua presentan características demográficas que permitirían acercarnos a dilucidar estas diferencias, por lo que en este estudio se evaluó la existencia de diferencias genéticas entre las poblaciones del Curso Superior del río Aconcagua (valle de Aconcagua) dada las diferencias culturales y la presencia del río Aconcagua en el área. Se genotipificaron 40 individuos del valle de Putaendo, 28 individuos del valle de Santa María y 45 individuos del valle de Los Andes para 148 SNPs informativos de ancestría. Los resultados de ancestría muestran que las tres poblaciones presentan en promedio proporciones de los componentes ancestrales europeo (~54%), africano (~6%), indígena del norte (~13%) e indígena del sur (~27%) muy similares. El análisis de componentes principales muestra que no existe subestructuración genética entre las poblaciones del valle de Aconcagua, formando un único clúster. Los valores de F_{ST} entre las poblaciones

son muy bajos, lo cual es congruente con una escasa diferenciación genética entre las poblaciones. El análisis Discriminante de Componentes Principales muestra una sutil diferencia entre el valle de Putaendo y el valle de Santa María y el valle de Los Andes. El análisis de asignación es coherente con los demás resultados, mostrando que el ~39% de los individuos es asignado correctamente a la población a la cual pertenece. Los resultados sugieren una baja señal de diferenciación genética entre las poblaciones en estudio, aunque esta puede haber sido influenciada por el proceso de mestizaje durante la colonización europea, la cantidad de marcadores usados y/o la potencia de éstos para distinguir dicha diferenciación o que el río Aconcagua no funcionó necesariamente como una barrera el flujo de personas entre los valles existentes, sino más bien como una barrera cultural y, posteriormente político-administrativa.

ABSTRACT

The archaeology and history of the Aconcagua Valley account for a great cultural variability. Recent archaeological surveys suggest that from the Early Potter Period two culturally differentiated areas are visualized: Putaendo valley and Los Andes valley. These areas show differences in relation to the type of ceramics, development of petroglyphs and mortuary patterns. Along with this, the geographical characteristics of the Aconcagua Valley, specifically the presence of the Aconcagua River, is presented as a possible geographic barrier that would influence the flow of people. Despite the implications of

studying mestizo populations, the populations of Aconcagua have demographic characteristics that would allow us to elucidate these differences, so in this study, the existence of genetic differences between the Upper Aconcagua River courses (Aconcagua Valley) was evaluated, given the cultural differences and the presence of the river in the area. Forty individuals from the Putaendo Valley, 28 individuals from the Santa María Valley and 45 individuals from the Los Andes Valley were genotyped for 148 ancestry information SNPs. The ancestry results show that the three populations present on average proportions of the European (~ 54%), African (~ 6%), northern (~ 13%) and southern indigenous (~ 27%) ancestral components very similar. The analysis of Principal Components shows that there is no genetic substructure among the populations of the Aconcagua Valley, forming a single cluster. The values of F_{ST} between the populations are very low, which is consistent with a low genetic differentiation among the populations. The Principal Components Discriminant analysis shows a subtle difference between the Putaendo Valley and the Santa María Valley and the Los Andes Valley. The allocation analysis is consistent with the other results, showing that ~ 39% of the individuals are correctly assigned to the population to which they belong. The results suggest a low signal of genetic differentiation among the populations studied, although this may have been influenced by the process of crossbreeding during European colonization, the amount of markers used and/or the potency of these to distinguish this differentiation or that the Aconcagua river did not necessarily function as a barrier to the flow of people between the existing valleys, but rather as a cultural barrier and, subsequently, political-

administrative.

INTRODUCCIÓN

La estructura genética de las poblaciones humanas está modelada por factores geográficos, climáticos, demográficos, lingüísticos y culturales. De este modo, el conocimiento de estos factores respecto de una población determinada se vuelve relevante, puesto que tendrán implicancias en la comprensión de la composición genética de dichas poblaciones (Mielke & Fix, 2007).

Los grupos humanos que habitaron el valle de Aconcagua se encontraban en un contexto geográfico y cultural peculiar, considerado una frontera entre los desarrollos culturales propios del Norte Chico y Chile Central. Sumado a ello, el valle se caracteriza por hitos geográficos que no pasan desapercibidos y que modelaron su desarrollo, siendo el río Aconcagua el más importante, ya que recorre de este a oeste toda el área (Sánchez, 2004). La arqueología del valle de Aconcagua da cuenta de una gran variabilidad cultural. Prospecciones arqueológicas evidencian la existencia de dos áreas diferenciadas culturalmente: una asociada a lo que es actualmente el valle de Putaendo y otra asociada al valle de Los Andes. Las piezas claves para determinar dicho contexto están dadas por diferencias en la tipología de la cerámica, aspectos mortuorios y desarrollos artísticos (González, 2001; Hermosilla et al. 2004; Troncoso, 2005; Pavlovic, 2006). Junto con ello, el área del valle de Putaendo habría tenido fuertes y perdurables interacciones con los desarrollos del Norte Chico a diferencia de lo que ocurría en el valle de Los Andes donde las relaciones eran más bien con el valle de Maipo-Mapocho hacia el sur (Pavlovic et al.

2005).

La llegada de los conquistadores en el contexto del descubrimiento y conquista de América marcará un hito que tendrá consecuencias a nivel cultural y biológico en las poblaciones de América (Adhikari et al. 2007). A pesar de ello, los datos históricos muestran que las poblaciones del valle de Aconcagua, desde el punto de vista demográfico, han sido bastante estables (Leiva, 2010). Dado lo anterior, se propone como un buen sustrato para estudiar fenómenos relacionados con aspectos tempranos de la conformación de las poblaciones del Curso superior del río Aconcagua. Específicamente, permite indagar en cómo el contexto cultural y geográfico favorecería la disminución del flujo de personas y, posiblemente el flujo genético entre los valles, derivando en una diferenciación genética entre éstos. De esta manera, en el transcurso de esta investigación se pretende probar la existencia de diferencias genéticas entre las poblaciones del Valle de Aconcagua dado el contexto en que se han desarrollado éstas.

ANTECEDENTES VALLE DE ACONCAGUA

Geografía

El conocimiento de la geografía donde habita un grupo humano es muy importante al momento de comprender la variabilidad biológica y cultural existente en este. El contexto geográfico en que se desarrolle un grupo humano determinará, en parte, los patrones de subsistencia, la movilidad espacial y las relaciones sociales y biológicas que mantendrá en el tiempo dentro de él y con otros grupos (Harcourt, 2016). En este sentido, valles, ríos, montañas, etc. pueden eventualmente funcionar como barreras naturales frente al intercambio e interacción entre diferentes poblaciones humanas. Evidentemente, el desarrollo de obras viales y de nuevos medios de transporte, permiten hoy en día superar muchas de las barreras geográficas existentes, pero en el pasado el movimiento espacial y las relaciones entre las poblaciones estaban dadas, en mayor grado, por el contexto geográfico en el cual se desarrollaban (Rothhammer & Dillehay, 2009). Desde esta perspectiva, es relevante tener en cuenta las características geográficas de una región determinada, ya que estas pueden llegar a constituir no solo barreras culturales, sino también barreras al flujo genético.

El valle de Aconcagua correspondiente al curso superior del río Aconcagua es una cuenca de origen cordillerano, la cual se encuentra ubicada en la Región de Valparaíso, Chile. Dentro del valle se pueden evidenciar 3 áreas: valle de Putaendo, valle de Santa María y

el valle de Los Andes (Figura 1). La geografía del Valle es muy particular, ya que se encuentra en una zona de transición orográfica entre el relieve transversal típico del Norte Chico y los ejes longitudinales presentes en Chile Central, observándose además una transición climática entre el clima semiárido y el clima mediterráneo (Quintanilla, 1975).

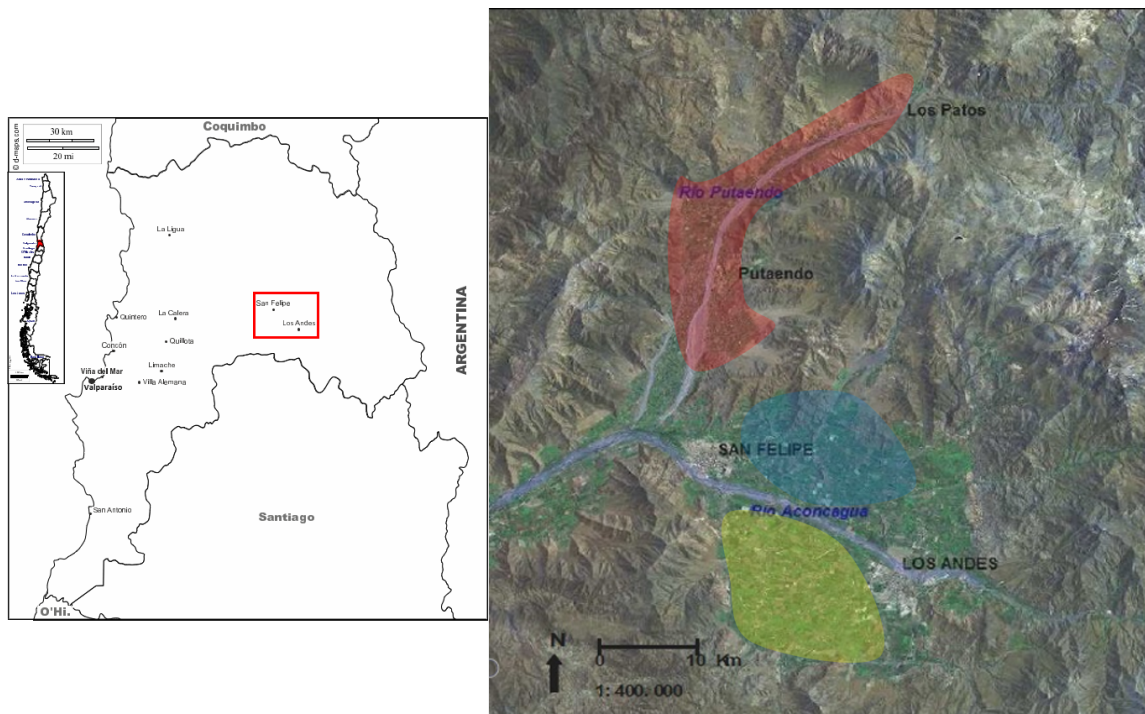


Figura 1. Mapa Curso superior del río Aconcagua. Contexto geográfico y las tres áreas principales: valle de Putaendo (rojo), valle de Santa María (celeste) y valle de Los Andes (amarillo) (Modificado de Pavlovic, 2006).

A causa de estas características es que presenta una gran variedad de accidentes geográficos como serranías, cajones montañosos, cerros islas, etc. los cuales actuarían como límites naturales entre los valles presentes en la zona de estudio. Junto con los

correspondientes hitos geográficos se encuentra el río Aconcagua, el cuál recorre todo el valle. Este río posee un régimen nivo pluvial, con escurrimiento superficial (Sánchez, 2004), por lo que no es arriesgado sugerir que el constante flujo de agua podría traer como consecuencias, en ciertas épocas del año, inundaciones en las poblaciones cercanas a su curso. El río Aconcagua ha sido un importante afluente que ha permitido la subsistencia de las poblaciones del valle del Aconcagua, siendo considerado como límite natural, en lo que respecta a la transición Norte Chico – Núcleo Central (Allesch et al. 1975). Cortez & Mardones (2009) han sugerido que, teniendo en cuenta que hace tan solo 200 años se construyó el primer puente que unía al valle de Putaendo y valle de Santa María al valle de Los Andes, el río Aconcagua habría actuado siempre como una barrera geográfica natural, lo que permitió incluso que durante el siglo XIX fuera usado como límite político-administrativo en el Aconcagua, llevando a la división del Valle de Aconcagua en el Departamento de San Felipe y el Departamento de Los Andes.

Arqueología

El estudio de los restos materiales es una de las formas más directas de conocer las culturas prehispánicas que habitaron el actual territorio del Curso Superior del río Aconcagua (valle de Aconcagua). Su análisis no solo permite individualizar una cultura, sino que también permite establecer relaciones de dicha cultura con otros desarrollos culturales y a partir de ahí realizar inferencias respecto a las dinámicas sociales y

demográficas en un tiempo y lugar determinado (Watson, 1976). Una aproximación muy importante al estudio de las dinámicas culturales es el intercambio, el cual permite conocer la interacción intra e interpoblacional entre diferentes poblaciones, dilucidando de esta forma posibles contactos entre diferentes áreas geográficas (Renfrew & Bahn, 2016). En vista de lo anterior, el análisis de estilos cerámicos, artefactos mortuorios y manifestaciones artísticas en general, no es un ejercicio trivial, puesto que a partir de estos se define la identidad, límites y distribución en el espacio y el tiempo de una cultura, logrando de esta forma desmarañar las redes de interacción entre las diferentes poblaciones. En contexto arqueológico, estas redes de interacción son definidas por artefactos que son intercambiados entre los diferentes grupos, lo que da cuenta de posibles contactos repetitivos entre personas, los cuales pueden mantenerse en el tiempo mediante parentesco y/o matrimonios (Rowlands, 1998). Lo anterior es una consideración relevante, ya que permite conocer el patrón en que se desarrollan los matrimonios junto a las relaciones de parentesco legitimado por una cultura, lo cual trae consecuencias a nivel genético en las poblaciones que participan de dichos procesos (Walker et al. 2011). Desde esta perspectiva, el estudio de restos arqueológicos permite hacer inferencias entorno al contexto sociocultural en el cual se desarrolla una cultura, delimitando redes de interacción sociocultural, conociendo las formas en que se legitima el parentesco, lo cual nos lleva a entender un plano de interacción biológica entre las poblaciones en cuestión.

El valle del Aconcagua presenta una secuencia crono-cultural básica la cual está dada

principalmente por los patrones de asentamiento, estrategias de subsistencia y la organización social e ideológica elaborada por las poblaciones prehispánicas que habitaron el actual territorio de Chile central, específicamente en el Curso Superior del río Aconcagua. La Prehistoria del Valle de Aconcagua se divide en tres grandes etapas (Figura 2): El Periodo Paleoindio, el Arcaico y el Alfarero (Temprano, Intermedio Tardío y Tardío-Inka) (Pavlovic, 2006).

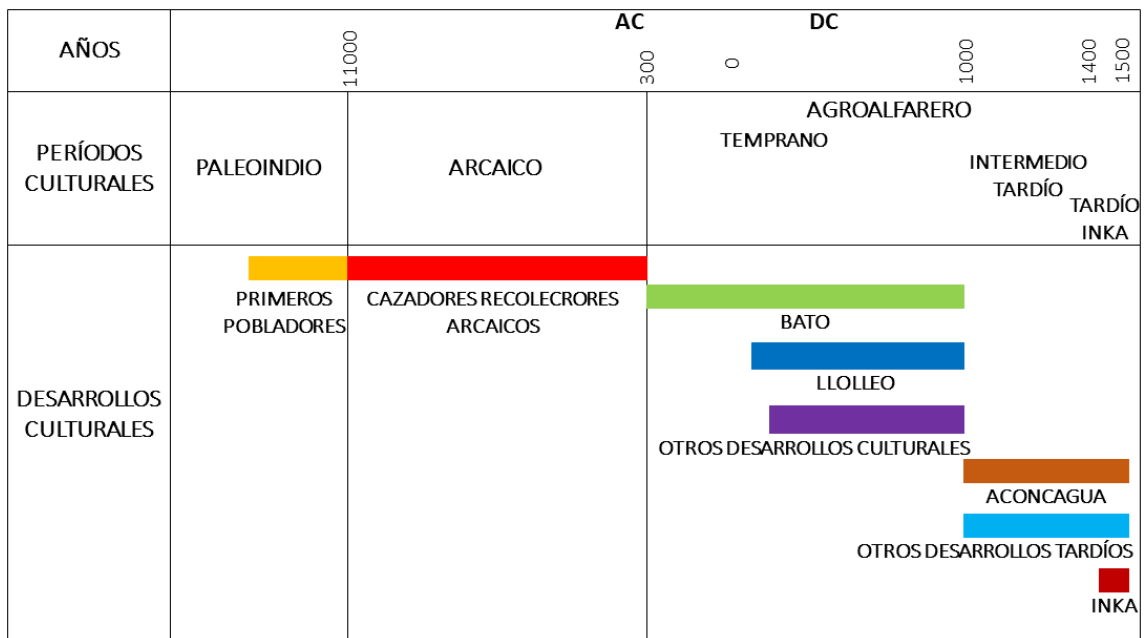


Figura 2. Secuencia Crono-cultural de los periodos y desarrollos culturales del valle de Aconcagua. Largo de rectángulos corresponde a la duración temporal de cada desarrollo cultural (Modificado de Pavlovic et al. 2003).

El Periodo Paleoindio está caracterizado por la llegada de las primeras poblaciones humanas al continente americano vía Estrecho de Bering hace 20.000-15.000 años atrás

(Goebel et al. 2008). Estos grupos se expandieron rápidamente por el continente ocupando territorios y aprovechando los recursos que este les proporcionaba. La única evidencia del Paleoindio en Aconcagua corresponde a la Caverna Piuquenes (Stehberg et al. 2012).

Durante el Periodo Arcaico (11.000 - 300 AC) hubo un cambio climático a nivel global, dando como resultado un clima más templado (Messerli et al. 2000). La extinción de la megafauna produjo un quiebre en el modo de vida de los grupos humanos, lo que los llevó a adoptar una estrategia de vida nómada cazador-recolector. Dicho cambio, tuvo implicancias en el patrón de asentamiento de las poblaciones, las que tuvieron que explotar otros recursos para sobrevivir y, por ende, optar por una mayor movilidad en el área (Vilches & Saavedra, 1994). Estas sociedades cazadoras-recolectoras se movilizaban en pequeños grupos, los cuales mantendrían relaciones de parentesco y estaban en constante interacción con otros grupos, lo que habría permitido el intercambio no sólo de material cultural, sino también de individuos (Hamilton et al. 2007). Las características de estos grupos cazadores recolectores, sugiere que la variabilidad genética de estos sería baja y que procesos de deriva genética estarían moldeando de forma importante su genoma dado el reducido tamaño efectivo poblacional (O'Connell, 1999).

El Periodo Alfarero Temprano (300 AC – 1000 DC) se caracterizó por el desarrollo de la agricultura incipiente y la producción alfarera. Estos hechos tendrán como consecuencia que los grupos comiencen paulatinamente a asentarse más prolongadamente y que haya un aumento poblacional a consecuencia de mayores insumos alimenticios (Pavlovic et al.

2003). La producción alfarera es un desarrollo muy importante, ya que a través del análisis de las características de la alfarería se pueden realizar inferencias con respecto a las interacciones existentes entre los diferentes grupos en un espacio y tiempo determinado, además de posibles cambios demográficos asociadas a ésta (Mills et al. 2013).

Dos grupos culturales son bien definidos para este periodo que estarían cohabitando en Chile Central: La Tradición Cultural Bato y El Complejo Cultural Lollole (Sanhueza & Falabella, 1999-2000). La Tradición Cultural Bato presenta un modo de vida cazador recolector, con una distribución espacial al interior de los valles de Aconcagua, Cuenca de Santiago y precordillera del Maipo. Estudios arqueológicos sugieren pequeñas unidades familiares con alta movilidad, con poca diferenciación entre ellas y una subsistencia basada en la caza y recolección de recursos silvestres complementado con productos cultivados como la quínoa y el maíz (Sanhueza et al. 2003; Rivas & González, 2008).

El Complejo Cultural Lollole estaría más ligado a la horticultura, desarrollándose principalmente en los valles interiores del Aconcagua, Maipo-Mapocho y Cachapoal donde importantes ríos permitieron su desarrollo (Falabella & Stehberg, 1989). Estudios sugieren que se trataba de grupos de unas pocas unidades familiares que cohabitaban en un mismo espacio y con una economía de autoabastecimiento (Falabella & Planella, 1991). Además de sus modos de vida distintivos y la coexistencia, se observarían diferencias en sus manifestaciones culturales (Venegas et al. 2011). Sumado a los desarrollos culturales Bato y Lollole, habrían existido otros que se relacionarían con poblaciones que habitaban en valles del Choapa, Norte Chico (Pavlovic et al. 2001) y las

provincias argentinas de San Juan y Mendoza (Lagiglia, 1977).

Con respecto al Valle de Aconcagua, las investigaciones realizadas en los sitios arqueológicos del Valle de Putaendo en el Periodo Alfarero Temprano (PAT), dan cuenta de elementos decorativos y morfológicos tales como: bases cóncavas, planas sencillas, incisos toscos, incisos lineal punteados, entre otras, que no se encuentran muy frecuentemente en desarrollos de Chile central, sino que por el contrario sugieren fuertes semejanzas con desarrollos culturales del Norte Chico y del valle de Choapa (Pavlovic, 1999; Pavlovic, 2000; Pavlovic, 2001; Pavlovic et al. 2003; Hermosilla et al. 2004; Pavlovic, 2006), además de similitudes con poblaciones trasandinas del Centro Oeste Argentino relacionadas con las culturas Agrelo o Calingasta de allende Los Andes (Gambier, 1993; Pavlovic et al. 2004). Bajo este contexto y considerando las similitudes encontradas en la alfarería de estos grupos con poblaciones emplazadas hacia el norte del valle de Aconcagua, no es arriesgado pensar que dichas interacciones hayan sido potenciadas por relaciones de parentesco, aunque no hay que descartar que estas similitudes pueden haber sido dadas netamente por difusión de ideas y no necesariamente asociado a interacciones biológicas (Meggers, 1998).

Durante el Periodo Intermedio Tardío (1000 – 1450 DC) se produjeron cambios culturales importantes en la zona. Se ha sugerido que estos cambios pueden haber sido provocados o por la llegada de nuevas poblaciones al territorio o simplemente por la adopción cultural desde territorios al norte del valle (Cornejo, 1997), aunque investigaciones recientes sugieren que las mismas poblaciones del Periodo Alfarero Temprano son quienes

participaron de las transformaciones (Cornejo, 2009). Dentro de este contexto se enmarca la Cultura Aconcagua, la cual tuvo sus manifestaciones en el área central de Chile durante este periodo (Sánchez & Massone, 1995). Las unidades mínimas de vida social están relacionadas con caseríos localizados en lugares con buen abastecimiento de agua, lo cual permitió un desarrollo agrícola importante y, junto con ello, un modo de vida más sedentaria e incremento demográfico (Falabella et al. 2016).

En el valle de Putaendo, prospecciones arqueológicas desarrolladas en los últimos años, sugieren que para este periodo se caracterizan dos áreas culturales diferenciadas: un núcleo cultural correspondiente al valle de Putaendo y otro correspondiente al valle de San Felipe-Los Andes (Pavlovic et al. 2008). La alfarería presente en Putaendo se caracteriza por decoración estrellada, piezas rojo engobada que no presentan la típica decoración cuatripartita, ni la misma arcilla del tipo Aconcagua. Además, la presencia exclusiva de jarros cerveceros y escudillas de paredes rectas, entre otras particularidades, se encuentran ausente en los contextos del Valle de San Felipe- Los Andes (Pavlovic et al. 2003; Sánchez et al. 2004; Pavlovic et. al. 2005; Pavlovic et al. 2008). El tipo Putaendo Policromo está constituido por piezas muy similares a las vasijas de la cultura diaguita (González, 2001). Otras diferencias estarían relacionadas con la ausencia de arte rupestre en el valle de San Felipe-Los Andes en comparación a la riqueza artística del Valle de Putaendo, la cual reforzaría sus relaciones con los valles del Norte Chico (Michieli & Gambier, 1998; Pavlovic et al. 2004; Pavlovic et al. 2005; Troncoso, 2005). El contexto mortuario presentaría diferencias en estas áreas culturales definidas, donde en el Valle

de Putaendo se observa un cementerio Tumuliforme (Necrópolis), mientras que en San Felipe-Los Andes se presentarían los clásicos cementerios de túmulos colectivos (Pavlovic et al. 2005). Desde esta perspectiva, la mantención de las diferencias culturales que se hacen evidentes durante el Periodo Alfarero Temprano y potenciado en el Periodo Intermedio Tardío, da cuenta de una continuidad en la interacción entre las poblaciones del valle de Putaendo y las poblaciones de los valles del Norte Chico.

Entre el 1400 DC y el 1536 DC, se extiende el periodo Tardío-Inka caracterizado por la llegada del Inka a Chile Central. La ocupación del valle de Aconcagua por el imperio Inka implicó el establecimiento de una red vial y la ocupación discontinua de los territorios (Sánchez, 2004), lo cual permitió la mantención de la cultura local. Lo anterior se puede evidenciar en el patrón de asentamiento, ya que regiones que se encontraban densamente pobladas durante el PIT también presentan asentamientos para este periodo. Asimismo, se evidencia la misma diferenciación cultural entre el Valle de Putaendo y el Valle de San Felipe-Los Andes que el encontrado durante el PIT, lo que apoya la continuidad de estas poblaciones en el territorio (Troncoso, 2004; Pavlovic, 2006; Pavlovic et al. 2012). Cabe destacar que, como parte de la presencia y dominación impuestos por el Inka en la zona, el sistema de mitas podría haber ocasionado flujos de población del norte hacia la población de Aconcagua, junto a otros flujos poblacionales (Stehberg, 1995).

En síntesis, los antecedentes arqueológicos del valle nos sugieren dos áreas diferenciadas culturalmente. Por un lado, el Valle de Putaendo con similitudes con poblaciones del

Norte Chico y regiones trasandinas y, por otro lado, el valle de San Felipe-Los Andes más cercano a los valles al sur de esta área. Dicha diferenciación comenzaría a partir del Periodo Alfarero Temprano extendiéndose hasta el Periodo Tardío-Inka.

Etnohistoria e historia

Durante el siglo XVI, el descubrimiento y conquista de América provocó importantes cambios en las poblaciones nativas de América. Estos cambios se tradujeron en una disminución de estos grupos debido a enfermedades y a la guerra (Bianchi et al. 2003).

A pesar de ello, los conquistadores registraron una gran cantidad de información referente a las poblaciones que habitaron el valle de Aconcagua. Cuando arribaron al valle encontraron nativos que hablaban diferentes lenguas, además de evidenciar contactos entre las comunidades indígenas y zonas adyacentes (Orellana, 1994), lo cual es concordante con lo sugerido por la arqueología. Con respecto al modo de vida, describieron a los nativos como agricultores con asentamientos permanentes y otros grupos de individuos cazadores recolectores cordilleranos estacionales, donde el tránsito de grupos indígenas de otros valles e incluso transcorderanos era constante (Farga, 1995).

Durante las primeras décadas de ocupación del actual territorio chileno, se inició la repartición de tierras entre los conquistadores junto con sus respectivas encomiendas (grupo de indígenas). Se usó a los indígenas como fuerza de trabajo para labores de

agricultura, ganadería y minería. Así, los indígenas muchas veces debieron vender sus tierras, pero se veían en la obligación de trabajarlas (Venegas et al. 2011). Sin embargo, en algunas ocasiones se trasladaban indígenas de sus asentamientos hasta zonas mineras u otras regiones donde el encomendero lo requiriera. La mayoría de dichos movimientos comprendió población masculina y en menor grado población femenina (Valenzuela, 2014). Un aspecto importante lo constituye el hecho que algunas comunidades indígenas en el valle de Aconcagua, a pesar de los cambios ligados a la colonización europea, mantenían un dominio persistente de sus tierras, además de reconectar las redes sociales indígenas que durante el periodo prehispánico existían (Contreras, 2006).

Durante el Periodo Colonial (1598-1810), el proceso de mestizaje entre población masculina europea y población femenina indígena trajo consigo un sincretismo cultural y un cambio en la estructura genética de los antiguos pobladores de la región del valle del Aconcagua, donde la construcción de la sociedad mestiza chilena fue el resultado del entrecruzamiento de dos pools génicos diferentes y geográficamente distantes (Valenzuela, 2010). En primera instancia fueron los inquilinos, trabajadores de las haciendas, los descendientes de los primeros mestizos del Aconcagua Colonial (Guerra, 2005). Cabe señalar, que el Valle de Aconcagua durante el siglo XVII y XVIII fue una importante región exportadora de trigo y de productos mineros, esto provocó, en parte la mantención de la población local, puesto que era necesaria constante mano de obra para satisfacer la producción (Jara, 1958). Además, es importante en esta región los llamados pueblos de indios, en los cuales predominaban individuos indígenas y mestizos.

De esta manera, es en el inquilinaje donde predomina la herencia indígena local junto con el componente europeo inicial (Gongora, 1960).

En términos demográficos no hay suficiente información con respecto a las dinámicas específicas de cada zona en el valle de Aconcagua, pero en un trabajo de Cavieres (1983), donde estudió la demografía de la ciudad de San Felipe, se sugiere que para el siglo XVIII casi el 80% de los contrayentes fueron originarios de la jurisdicción, y que además el 20 % restante correspondían a residentes de Quillota, La Ligua, otras localidades del Norte Chico y Santiago. Además, el mismo autor alude a la disminución de la llegada de forasteros. Esta supuesta estabilidad presentada durante este periodo se extendería hasta nuestros días, según lo sugerido por Leiva (2010) al analizar los censos de Aconcagua entre los años 1875 y 1960. En un estudio más preciso realizada en localidades del valle de Putaendo, se menciona que este valle presenta una alta emigración, con una tendencia a migrar más los hombres que las mujeres y, además de un bajo crecimiento poblacional con poco desarrollo urbano y mucha ruralidad (Gómez, 1981).

Un aspecto importante a señalar, es que el río Aconcagua se constituyó por muchas décadas como una frontera natural, pero también política y administrativa que configuró los espacios políticos, separando los departamentos de San Felipe y de Los Andes al menos hasta finales del siglo XIX (Cortez & Mardones, 2009).

Genética

El estudio de la variabilidad genética tiene implicancias para muchas disciplinas como la biología evolutiva, genética de poblaciones, antropología molecular, medicina, entre otras. En los seres humanos la variabilidad genética está influenciada por muchos factores, tanto culturales, como ecológicos y geográficos. De la misma forma, estudiar la variabilidad genética de las poblaciones humanas nos permite conocer la manera en que esos factores se encuentran moldeando la composición genética de dichas poblaciones (Cavalli-Sforza & Feldman, 2003). Para ello, se debe caracterizar genéticamente a las poblaciones, mediante el análisis de marcadores moleculares de herencia uniparental (DNA mitocondrial y Cromosoma Y) y/o de herencia autosómica. Dichos análisis han permitido generar fructíferos conocimientos relacionados con la evolución humana tales como procesos migratorios y poblamiento, señales de selección, entre otros, junto con las fuerzas evolutivas relacionadas a estos procesos (flujo genético, selección y deriva genética), los cuales han sido temas centrales en genética de poblaciones humanas (Templeton, 2007).

El análisis de la estructura genética de diversas poblaciones humanas ha sido un tema de profundo interés. El avance de técnicas y metodologías para la caracterización genética de diversas poblaciones ha permitido estudiar, mediante la incorporación de información histórica, demográfica, arqueológica y ecológica, procesos locales de estructuración genética (November & Ramachandran, 2011). De esta manera, muchos estudios han

permitido evaluar el impacto de la historia (Hunley & Healy, 2011; Koehl & Long, 2017), geografía (Rangel-Villalobos et al. 2016; Campoy & González-Martín, 2017) y la cultura (Madrigal et al. 2001; De la Fuente et al. 2015) en la estructura genética de diversas poblaciones humanas modernas.

En contexto de las investigaciones realizadas en Chile, éstas estuvieron, en primera instancia, direccionadas a caracterizar grupos sanguíneos y enzimas eritrocitarias (Harb, Z. 2004), y posteriormente la caracterización de marcadores uniparentales (Moraga et al. 2016) y variantes autosomales (Cifuentes, 2016), tanto de poblaciones indígenas, como de poblaciones mestizas. Como fruto de estos estudios, se ha logrado caracterizar ciertas variantes distribuidas en proporciones diferentes a lo largo de Chile, definiendo una clina de variabilidad genética y logrando observar subestructuración entre las poblaciones de Chile (de Saint Pierre et al. 2012; Cifuentes, 2016), información concordante con la historia biológica de las actuales poblaciones chilenas.

Los estudios de la composición genética del valle de Aconcagua son bastante recientes. Leiva (2010), caracterizó por primera vez, mediante haplogrupos de ADN mitocondrial, poblaciones urbanas de Aconcagua: San Felipe y Los Andes. Dicha investigación mostró un sutil aumento de frecuencias de los haplogrupos mitocondriales B2 y C1b encontrados en alta frecuencia en poblaciones ubicadas en el norte de Chile, en comparación a lo ocurrido en el área centro sur de Chile, donde las frecuencias de estos haplogrupos son bastante bajas (de Saint Pierre et al. 2012).

Orellana (2014), teniendo en cuenta antecedentes arqueológicos e históricos del Valle de

Aconcagua, caracterizó haplogrupos de ADN mitocondrial (ADNmt) en poblaciones rurales correspondientes a las dos áreas geográficas que la conforman: valle de Putaendo y valle de Los Andes. El enfoque apuntó a poblaciones rurales, ya que es en estas donde se encuentra el reservorio genético más próximo a las poblaciones que dieron origen al valle, facilitado por el desarrollo del Inquilinaje. En dicho estudio no se evidenciaron diferencias genéticas significativas entre las poblaciones de ambas áreas, las que si presentan distancias genéticas distintivas con otras poblaciones de Chile. Por un lado, el valle de Putaendo presentó distancias genéticas menores con poblaciones del Norte Chico, mientras que el valle de Los Andes presentó cercanía genética con poblaciones al sur, lo cual concuerda con los antecedentes. Junto con lo anterior, también el autor caracterizó el haplogrupo D1j que sugiere contactos transcordilleranos.

En estudios preliminares, realizados con el fin de obtener una imagen global de la estructura genética materna del valle de Aconcagua, se muestreó y analizaron las frecuencias de haplogrupos de ADNm del valle de Santa María. Los resultados muestran que el valle de Santa María posee diferencias significativas con el valle de Los Andes (Orellana et al. 2015). Complementariamente, en este mismo estudio se tipificaron los haplogrupos de cromosoma Y, todos los cuales resultaron ser haplogrupos de origen europeo.

Los resultados de estos estudios, si bien aportan información de utilidad para la comprensión de la historia biológica de las poblaciones de esta zona, representan sólo una parte de la diversidad genética de estas poblaciones. Por lo mismo resulta necesario

incorporar marcadores autosomales con el fin de determinar la existencia de diferencias entre las poblaciones del valle tal como lo sugieren los antecedentes arqueológicos, etnohistóricos y genéticos.

Los antecedentes del Valle del Aconcagua sugieren que Las poblaciones correspondientes al Curso Superior del río Aconcagua han manifestado desde tiempos prehispánicos una gran heterogeneidad en términos culturales. A pesar de esta evidente diversidad, antecedentes arqueológicos e históricos establecen que habría existido dos áreas diferenciadas: el Valle de Putaendo y el Valle de Los Andes. Esta diferenciación comenzaría a ser evidente desde el Periodo Alfarero Temprano hasta el Periodo Inka e incluso se extendería hasta la etapa de La Colonia. Dicho esto, la diferenciación propuesta no puede ser entendida solo en términos culturales, ya que la geografía característica del valle podría estar participando como un factor complementario en dicho proceso, contribuyendo a una disminución del flujo genético entre los valles.

HIPÓTESIS

Dada las diferencias culturales en tiempos prehispánicos e históricos entre las poblaciones de la rivera norte y sur del río Aconcagua, junto con la presencia e importancia del río Aconcagua en términos geográfico y político-administrativo, es admisible pensar que dicho río ha constituido un punto de convergencia de grupos poblaciones del Norte Chico y la Zona Central del país y/o una barrera al flujo de individuos entre las poblaciones que cohabitan en el Curso Superior del río Aconcagua.

OBJETIVO GENERAL

Determinar la importancia del río Aconcagua en términos geográficos y político-administrativo sobre la estructura genética poblacional del Valle de Putaendo, Valle de Santa María y Valle de Los Andes del Curso Superior del río Aconcagua.

OBJETIVOS ESPECÍFICOS

Genotipificar las muestras del Valle del Aconcagua para un panel de 150 *loci* informativos de ancestría determinados por el Proyecto Chile Genómico.

Realizar un análisis de ancestría global para los individuos genotipificados del Valle de

Aconcagua.

Evaluar la existencia de diferenciación genética entre las poblaciones del valle de Aconcagua.

MATERIALES Y MÉTODOS

Muestras, genotipificación y control de calidad

Las muestras corresponden a DNA genómico de individuos provenientes de zonas rurales del Valle de Aconcagua, las cuales fueron obtenidas de investigaciones anteriores (Leiva, 2010 y Orellana, 2014; 2015). El criterio de inclusión fue que los individuos no se encuentren emparentados y que hubiesen nacidos en el área de estudio. Se obtuvo un total de 141 muestras correspondientes a los valle de Putaendo (n=59), Santa María (n=32) y Los Andes (n=50).

La genotipificación se realizó para un panel de 150 marcadores informativos de ancestría diseñado por el proyecto Chile Genómico¹. Estos marcadores genéticos fueron escogidos por el proyecto Chile Genómico para caracterizar la ancestría global de los chilenos, distinguiendo ancestría europea, africana e indígena, en esta última teniendo la capacidad de distinguir un componente indígena norte y un componente indígena centro-sur de Chile. Para la preparación de las muestras se siguieron las instrucciones disponibles en la página web de la empresa². Se enviaron 2 µg de ADN en un volumen final de 100 µL en agua libre de nucleasas. Las muestras fueron cuantificadas mediante visualización directa de ADN genómico por medio de electroforesis en gel de agarosa al 1%, determinando la

¹ FONDEF D10I1007

² LGC Limited, Middlesex, UK

cantidad de ADN de acuerdo con la intensidad de las bandas. Luego, se descartaron las que tenían una baja concentración de DNA. Las muestras seleccionadas con una cantidad adecuada de DNA (2 µg) fueron dispuestas en placas de 96 pocillos BioRad BLU/CLR # HSP 963 y selladas con Microseal 'F' foil seals catalog # MSF1001 también de BioRad.

En total fueron genotipificadas 113 muestras (Valle de Putaendo [n=40], valle de Santa María [n=28] y valle de Los Andes [n=45]) para 148 marcadores. Los datos de genotipo fueron transformados mediante el programa R v3.2.3 (R Core Team, 2017) a formato binario PLINK (Purcell et al. 2007), puesto que es un formato computacionalmente más eficiente y adecuado para el manejo de gran cantidad de marcadores. Se realizó un control de calidad de los datos utilizando el programa PLINK v1.9 (Purcell et al. 2007), con el cual se determinó el número de genotipos perdidos por individuos, el número de genotipos perdidos por SNP y el cálculo de desviaciones al Equilibrio de Hardy-Weinberg para cada SNP (Wigginton et al. 2005). A los p-values del cálculo de desviación del Equilibrio de Hardy-Weinberg se les realizó una corrección para pruebas múltiples con el método FDR (Benjamini & Hochberg, 1995) integrado en el software R. Los resultados fueron graficados con el programa RStudio v1.1.419 (RStudio Team, 2015).

Análisis estadísticos

Con el propósito de conocer la contribución genética de poblaciones ancestrales en las poblaciones en estudio, se realizó un análisis de ancestría global con el programa

ADMIXTURE v1.3.0 (Alexander et al. 2009). ADMIXTURE usa un algoritmo “model-based” de Máximo Verosimilitud para estimar proporciones de ancestría en individuos no-relacionados desde datos de SNP multi-locus. Para esto, ADMIXTURE estima dos parámetros: Las frecuencias alélicas de las poblaciones ancestrales inferidas y las fracciones de ancestría. Para estimar las proporciones de ancestría genética existente de cada población ancestral en los individuos o poblaciones mezcladas, se asume un determinado número de K poblaciones que contribuyen a la composición genética de un individuo. ADMIXTURE utiliza el error de validación cruzada para conocer cuál es el valor de K que tiene la mejor capacidad predictiva sobre los datos observados, lo cual es realizado mediante el enmascaramiento o la mantención de un subconjunto de genotipos, prediciendo dichos genotipos enmascarados. De esta forma, se escoge el valor de K que presente el menor error de validación cruzada en la predicción.

Se obtuvieron datos genotípicos de poblaciones de referencia del Proyecto 1000 genomas (The 1000 Genomes Project Consortium, 2015) correspondiente a 30 individuos de ancestría africana (YRI: Yoruba de Nigeria), 30 individuos de ancestría europea (CEU: Residentes de Utah, EEUU con ancestría del Norte y Oeste de Europa) y datos de genotipos de poblaciones de referencia indígenas extraídos del servidor del Laboratorio GENOMED³ correspondiente a 30 individuos de ascendencia indígena del norte de Chile⁴ y 30 individuos de ascendencia indígena del centro-sur de Chile⁵.

³ <http://genomed.med.uchile.cl/>

⁴ Dr. Andrés Moreno Estrada, Bustamente Lab, Stanford University.

⁵ FONDECYT 1140544

Dado que el modelo propuesto por ADMIXTURE asume que los individuos no están relacionados y que existe equilibrio de ligamiento entre los marcadores, con el programa PLINK v1.9 se filtraron los individuos que tuvieran un IBD (PI HAT) > 0.3 , y se eliminaron los marcadores que se encontraban en desequilibrio de ligamiento (LD, por sus siglas en inglés), medido por el valor de $r^2 \geq 0.2$ en ventanas de 50 SNPs deslizando 10 SNPs a la vez. Se corrió ADMIXTURE estimando valores de $K=1$ a $K=10$ y junto con ello los errores de validación cruzada para cada valor de K . Los resultados de errores de validación cruzada y las proporciones de ancestría se graficaron con RStudio.

Además, se analizó la estructura genética poblacional del Valle de Aconcagua utilizando un análisis de Componentes Principales (PCA, por sus siglas en inglés). Se usó el programa SMARTPCA v5.0, el cual se encuentra incorporado en el paquete eigenstrat v2.0 (Patterson et al. 2006). SMARTPCA aplica un PCA a partir de datos de genotipos de individuos para calcular los Componentes Principales (PC, por sus siglas en inglés). Estos componentes principales son ejes de variación de combinaciones lineales de SNPs que explican mejor la variabilidad genotípica entre n muestras de individuos. De este modo, PC1 explicaría la mayor varianza de los datos genéticos entre los individuos, pudiendo visualizar este resultado a través de clústers. Se calcularon los eigenvalores (peso de cada loci en cada PC) y eigenvectores (coordenada de cada individuo), los cuales fueron graficados con el programa RStudio.

Para cuantificar la diferencia genética entre las poblaciones del valle de Aconcagua, se calculó el índice de fijación F_{ST} entre pares de poblaciones con el paquete de R HIERFSTAT

v0.04-22 (Goudet, 2004). Este índice de fijación refleja la subestructuración de las poblaciones, evaluando la reducción de la diversidad genética en las subpoblaciones, relativa a la diversidad genética de la población total. Dado que las poblaciones no presentan igual número de individuos, se escogió calcular el F_{ST} de Weir & Cockherman (1984), porque es un estimador que soluciona el problema existente con los tamaños muestrales diferentes entre poblaciones. Se eliminaron los SNPs que estuvieran en desequilibrio de ligamiento $r^2 > 0.2$ en ventanas de 50 SNPs deslizando 10 SNPs a la vez y se transformaron los datos al formato input del paquete mediante el programa PGDSpider v2.1.1.3 (Lischer & Excoffier, 2012). Puesto que la estimación de F_{st} con el paquete HIERFSTAT no entrega valores de p-value, complementariamente se usó el programa Arlequin v3.5.2.2 (Excoffier & Lischer, 2010) para calcular F_{st} entre pares de poblaciones con los respectivos p-values asociados.

Si bien, el análisis de Componentes Principales es un método multivariado que permite visualizar clústers en los datos genéticos, este resume toda la variabilidad, incluyendo la variación entre los grupos y dentro de los grupos. En contexto de la presente investigación, es necesario un método que maximice la variación inter-poblacional, más que la variación intra-poblacional. El análisis discriminante de componentes principales (Jombart et al. 2010), implementado en el paquete de R adegenet (Jombart, 2008) proporciona una buena aproximación, ya que es un análisis multivariado que busca combinaciones lineales de las variables originales (alelos) que muestre diferencias entre los grupos de la mejor manera posible, mientras que minimiza la variación dentro de los

grupos. Basado en la retención de funciones discriminantes, el análisis deriva probabilidades de cada individuo de pertenecer a cada uno de los diferentes grupos. El análisis en primer lugar hace una transformación de los datos por medio de un PCA previo al análisis discriminante, haciendo variables ortogonales lo que permite que las variables no estén correlacionadas. Para este análisis, Adegenet permite seleccionar un número adecuado de PC con el fin de no sobreparametrizar el análisis de Discriminantes. Para retener un número óptimo de PCs, Adegenet propone un procedimiento de optimización basado en el cálculo de a-score (Jombart & Collins, 2017) que mide la diferencia entre la proporción de reasignación exitosa del análisis (discriminación observada) y los valores obtenidos usando grupos aleatorios (discriminación aleatoria), de este modo se facilita la elección de la cantidad de PCs a retener optimizando a-score. Luego de realizar la retención respectiva de las variables, se procede a retener las funciones discriminantes. Para el análisis se transformaron los datos genéticos a formato STRUCTURE (Pritchard et al. 2000) con el programa PGDSpider v2.1.1.3, el cual es uno de los formatos soportado como input por adegenet. Los resultados de a-score y el DAPC fueron graficados con RStudio v1.1.419.

Puesto que lo análisis anteriores tiene un enfoque más poblaciones que individual, se realizó un análisis de asignación (allocation assignment). El análisis calcula la probabilidad de pertenencia de cada individuo a poblaciones predefinidas de acuerdo a los genotipos de estos. El análisis de asignación se realizó con el programa GENECLASS2 v2.0.h (Piry et al. 2004). Conforme a los criterios de análisis, se aplicó un umbral de asignación de 0.05,

escogiendo el criterio basado en frecuencias de Paetkau et al. 1995. El cálculo de la probabilidad (remuestreo Monte-Carlo) de cada individuo a pertenecer a cada población se realizó con el método propuesto por Paetkau et al. 2004 con 10.000 individuos simulados y considerando un error tipo I de 0.01 (individuos falsamente asignados). Los resultados comprenden la probabilidad de pertenencia o exclusión de cada individuo a cada población de referencia.

RESULTADOS

Se genotipificó un total de 113 muestras para 148 marcadores autosomales, obteniéndose una alta tasa de genotipificado (0.997). Lo anterior, es soportado por el resumen estadístico relativo al número de genotipos perdidos por individuo (Figura S1A) y por el número de genotipos perdidos por SNP (Figura S1B). Por otro lado, todos los SNPs, luego de la corrección por el método FDR no mostraron desviaciones significativas al EHW considerando un $p < 0.05$.

Se corrió ADMIXTURE combinando los genotipos de las poblaciones de referencia y las poblaciones del Valle de Aconcagua. El análisis de IBD mostró que ~11% de las comparaciones entre pares de individuos presentan un PI HAT > 0.3 , mientras que el análisis de ligamiento mostró que hay 53 SNPs en desequilibrio de ligamiento ($r^2 \geq 0.2$). A pesar de lo anterior, se consideraron todos los individuos y todos los marcadores por dos motivos: por un lado, para el análisis de IBD, PLINK recomienda realizar el cálculo de IBD con un set > 1000 SNPs⁶, para una mejor estimación y, por otro lado, respecto de los resultados de LD para los marcadores, estos pueden ser sobreestimados cuando se consideran poblaciones mezcladas como es el caso de las poblaciones del presente estudio (Silva et al. 2009; Zaitlen et al. 2017). Se eliminó un solo SNP por ser monomórfico. En resumen, se corrió ADMIXTURE en modo no supervisado considerando para el análisis 233 individuos y 147 SNPs. Los valores de error de validación cruzada (Figura 3) muestran

⁶ <http://zzz.bwh.harvard.edu/plink/ibdibs.shtml>

que el número de K que tiene una mayor predicción de los datos es para un K=4 (0.48842), aunque también puede ser aceptado un K=3 (0.49205), ya que muestra una estructura conocida y relacionada con la historia de las poblaciones en estudio. Los resultados de ADMIXTURE en modo no supervisado se muestran en la figura S2.

Se realizó un análisis de ADMIXTURE en modo supervisado considerando los valores de K=3 y K=4, ya que este permite una mayor precisión en la estimación de las proporciones de ancestría (Alexander & Lange, 2011). Con el fin de esclarecer la existencia de diferencias entre las estimaciones de proporciones de ancestría del análisis supervisado y no supervisado se calculó el coeficiente de correlación. Los resultados mostraron la existencia de correlación positiva, siendo éstas significativas para cada una de las proporciones de ancestría (Figura S3A, B, C y D).

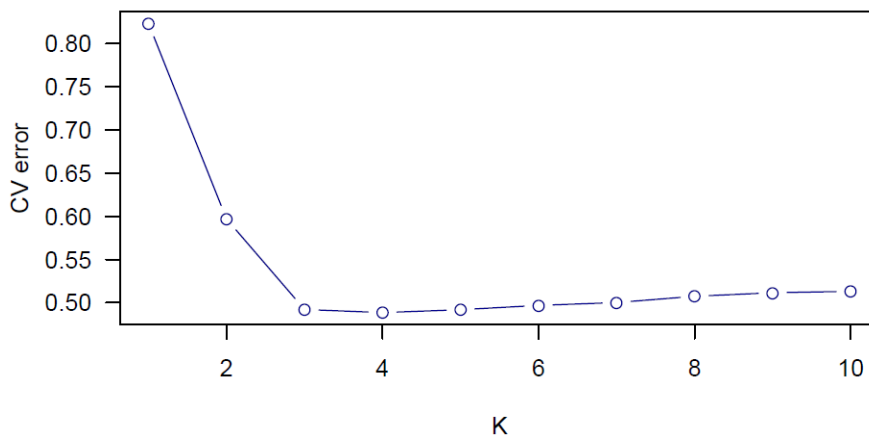


Figura 3. Errores de validación cruzada de ADMIXTURE considerando K=1 a K=10. Estimación de K poblaciones que tiene la mejor predicción sobre los datos, considerando el menor valor de error de validación cruzada.

K=3 muestra los componentes genéticos continentales correspondiente a europeo (CEU), africano (YRI) e indígena (AYM; PEH-HUI). En el valle de Aconcagua específicamente, se observó que los tres componentes están presentes (Figura 4), existiendo en promedio una predominancia del componente europeo (54%, SD = 0.077) por sobre el componente indígena (40%, SD = 0.071), siendo el componente africano muy bajo (6%, SD = 0.032). Con respecto a la distribución de las proporciones de ancestría entre los valles, los componentes ancestrales se distribuyeron de forma bastante similar entre ellos, por lo que a este nivel no se observó diferencias evidentes (Figura 5).

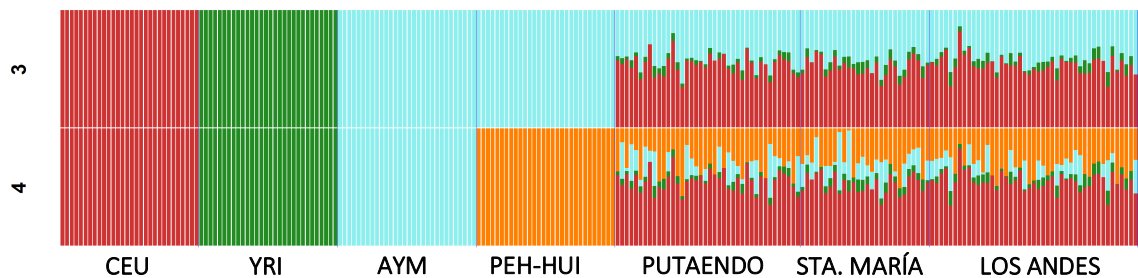


Figura 4. Proporciones de ancestría estimado por ADMIXTURE en modo supervisado considerando K = 3 y K = 4. El eje X corresponde a individuos de poblaciones de referencia (CEU, YRI, AYM, PEH-HUI) y poblaciones del valle de Aconcagua (Putaendo, Santa María y Los Andes), y el eje Y corresponde la proporción de los componentes ancestrales. Los colores corresponden a los componentes ancestrales.

Considerando un K=4, correspondiente al que tiene un menor error de validación cruzada, se aprecia una subestructuración en las poblaciones indígenas, las cuales se encuentran

relacionadas con un componente indígena norte (Aymará) y un componente indígena centro-sur (Pehuenche-Huilliche) de Chile (Figura 4).

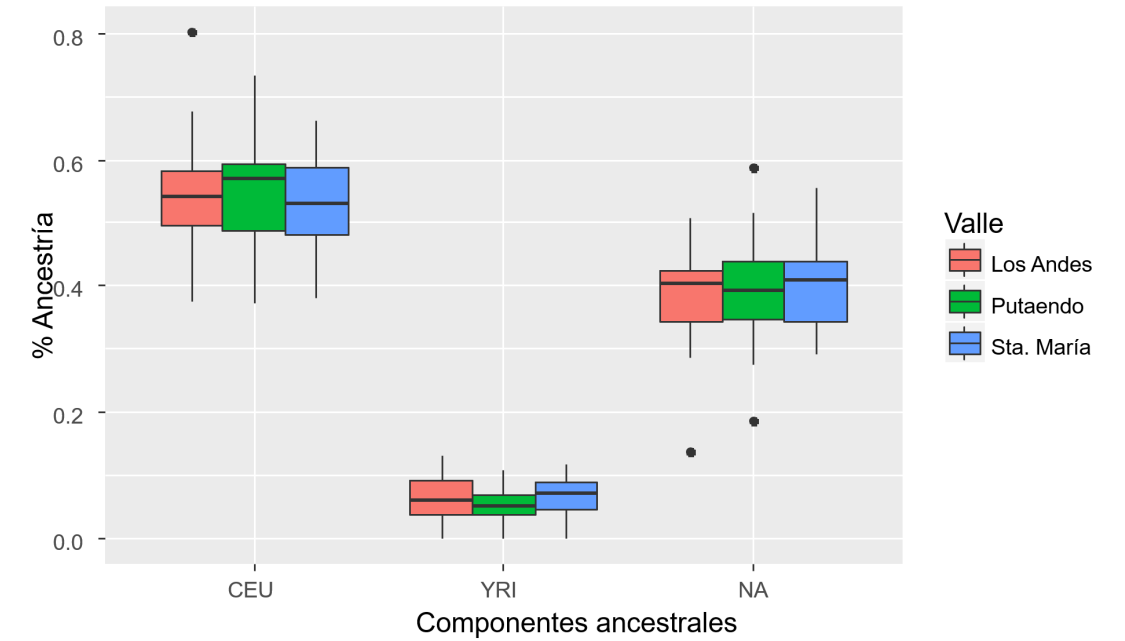


Figura 5. Boxplot de la comparación de proporciones de componente europeo (CEU), africano (YRI) e indígena (NA) los valles de Los Andes, Putaendo y Santa María. Los puntos corresponden a outliers.

Con respecto al valle de Aconcagua, las proporciones correspondientes a los componentes nativo norte y nativo del centro sur de Chile se presentan en promedio en un 13% (SD = 0.116) y 27% (SD = 0.098), respectivamente. La distribución de las proporciones de ancestría correspondiente a los componentes nativo norte y nativo centro sur de Chile se presenta bastante uniforme entre el valle de Los Andes, Putaendo

y Santa María (Figura 6), aunque existe una tendencia de las poblaciones a presentar mayores proporciones de ancestría nativo del centro sur, más que del norte de Chile. Estos resultados sugieren que no habría una diferenciación en la proporción de estos componentes en las poblaciones del valle de Aconcagua.

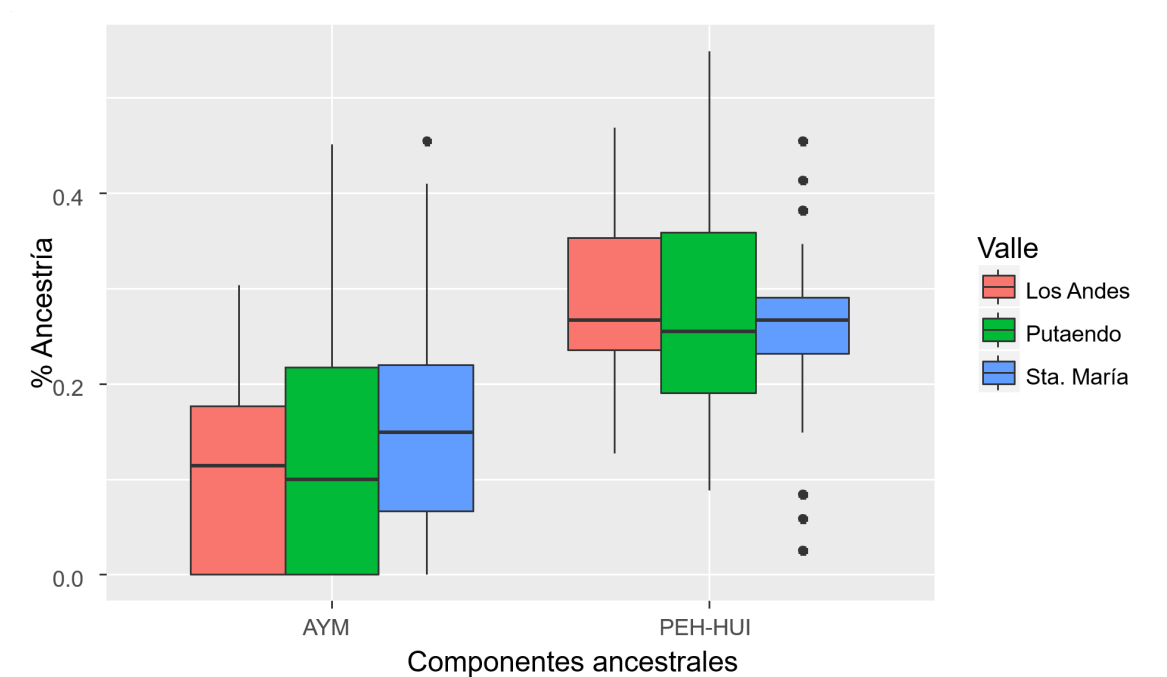


Figura 6. Boxplot de la comparación de proporciones de componentes indígena norte (AYM) e indígena centro sur (PEH-HUI) entre los valles de Los Andes, Putaendo y Santa María. Los puntos corresponden a outliers.

Los resultados de ADMIXTURE son concordantes con el proceso de mestizaje ocurrido durante la conquista de América, caracterizado por el entrecruzamiento entre las poblaciones nativas del actual territorio chileno y los conquistadores europeos.

El análisis de componentes principales desarrollado con el smartpca fue realizado con el mismo set de datos utilizado con ADMIXTURE. Los resultados muestran que PC1 y PC2 explican la mayor parte de la varianza, explicando el 38.41% y 14.34%, respectivamente. En este análisis el PC1 segrega a la población de África con el resto de las poblaciones, mientras que PC2 separa a la población europea de las poblaciones nativas del norte y del centro sur de Chile (Figura 7). Con respecto al valle de Aconcagua, se visualiza que los valles de Putaendo, Santa María y Los Andes forman un clúster ubicado entre la población europea y las poblaciones nativas, lo cual es concordante con el grado de mestizaje que poseen estas poblaciones en estudio y con el análisis de ADMIXTURE.

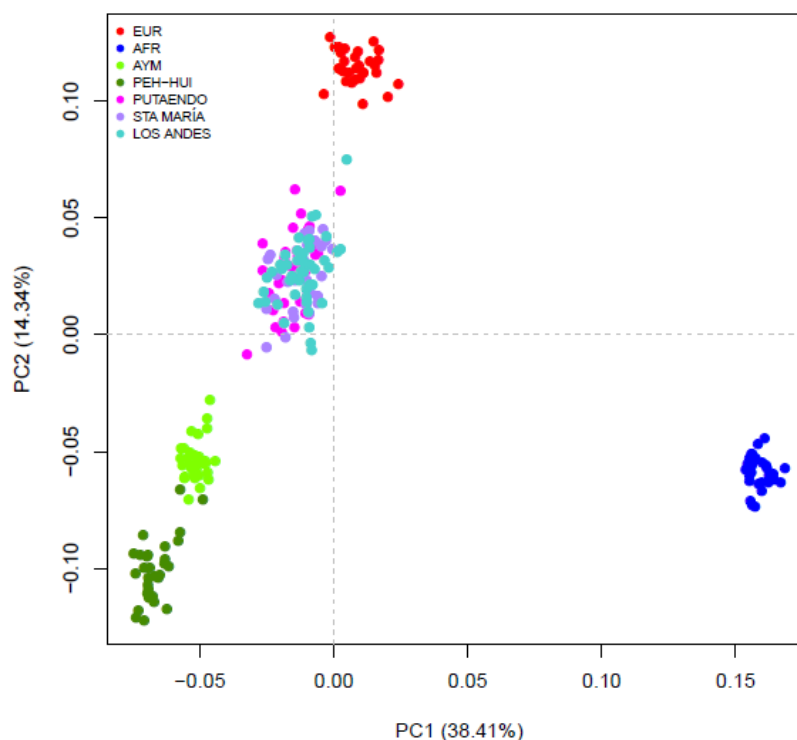


Figura 7. Resultado del análisis de Componentes Principales (PC1 y PC2). Ambos PCs explican el 52.85% de la varianza. Los círculos representan cada individuo de las poblaciones de referencia (EUR, AFR, AYM y PEH-HUI) y las poblaciones del valle de Aconcagua (PUTAENDO, SANTA MARÍA y LOS ANDES).

El PC2 (14.34%) segregó la población europea y las poblaciones nativas, mientras que el PC3 (2.22%) separó claramente las poblaciones indígenas del norte y las del centro sur de Chile, observándose nuevamente a los individuos de las poblaciones del valle de Aconcagua entre la población europea y las poblaciones nativas (Figura 8).

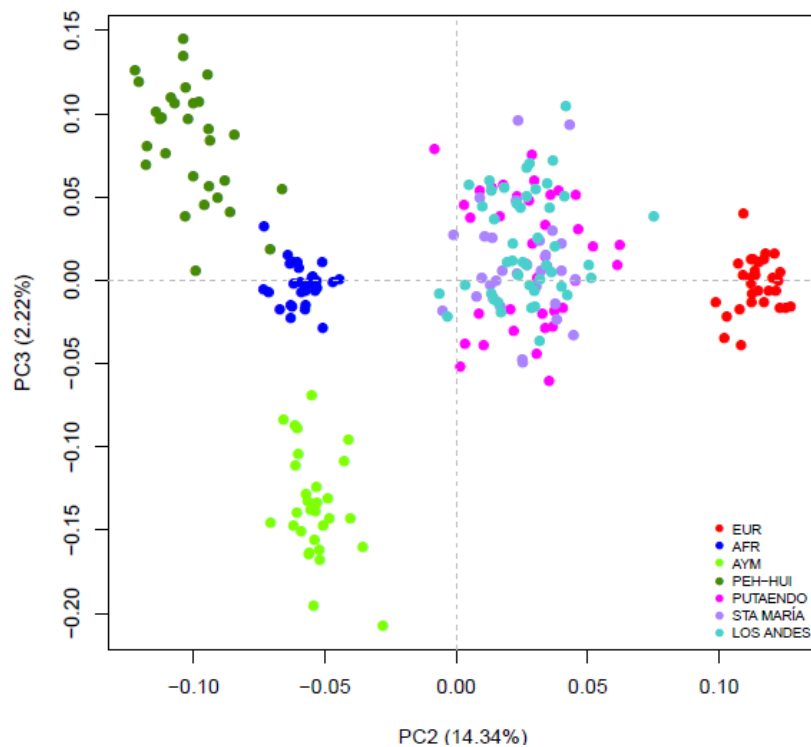


Figura 8. Resultado del análisis de Componentes Principales (PC2 y PC3). Ambos PCs explican el 16.56% de la varianza. Los círculos representan a los individuos de las poblaciones de referencia (EUR, AFR, AYM y PEH-HUI) y las poblaciones del valle de Aconcagua (PUTAENDO, SANTA MARÍA y LOS ANDES).

Estos resultados son concordantes con los resultados de ADMIXTURE, potenciando la idea que las poblaciones del Valle de Aconcagua forman un solo clúster, no existiendo diferenciación aparente entre el valle de Putaendo, Santa María y Los Andes. Además, se observó que las poblaciones del Valle de Aconcagua tienden a encontrarse más cerca de las poblaciones nativas del centro sur que del norte de Chile.

Considerando solo las poblaciones del valle de Aconcagua y 147 SNPs, mostró que los

valles de Putaendo, Santa María y Los Andes evidenciaron muy bajas diferencias entre ellos. Los valores de F_{ST} para los respectivos pares de poblaciones fueron: Putaendo – Santa María ($F_{ST} = 0.0038$), Putaendo – Los Andes ($F_{ST} = 0.0036$) y Santa María – Los Andes ($F_{ST} = 0.0019$). Estos resultados muestran que no hay una diferenciación importante entre las poblaciones del valle de Aconcagua, por lo que estaríamos ante una población bastante homogénea en términos genéticos. A pesar de lo anterior, y teniendo en cuenta el contexto de bajos valores de F_{ST} , se puede observar que el valle de Putaendo presenta valores de F_{ST} más altos con los valles de Santa María y de Los Andes, siendo estas dos poblaciones las que presentan el valor más bajo de F_{ST} . Los valores de F_{st} estimado con el programa Arlequin son levemente inferiores, pero concordantes con los valores de F_{st} estimados entre pares de poblaciones, siendo estos: Putaendo – Santa María (0.0036, $p=0.03287$), Putaendo – Los Andes (0.0034, $p=0.01327$) y Santa María – Los Andes (0.0017, $p=0.14187$), mostrando valores significativos ($p<0.05$) de F_{st} sólo los pares Putaendo – Santa María y Putaendo – Los Andes.

El análisis de DAPC, realizado con 147 SNPs, mostró ciertas diferencias en los sitios del valle de Aconcagua. El análisis de a-score mostró que el número apropiado de PCs que pueden ser retenidos sin sobreajustar los datos es 39 PCs, de este modo, el análisis de DAPC se realizó reteniendo 39 PCs y 2 funciones discriminantes. Los resultados mostraron que las funciones discriminantes 1 y 2 explican el 58.87 % y el 36.49 % de la varianza acumulada, respectivamente. El DAPC mostró un traslape, pero con una leve separación entre los valles de Putaendo, Santa María y Los Andes (Figura 9). Específicamente, la

función discriminante 1 muestra una relativa separación del Valle de Putaendo con respecto al Valle de Santa María y al Valle de Los Andes (Figura S4A), siendo explicada ésta por 13 SNPs: rs12142199, rs3738800, rs13021734, rs7631391, rs1532948, rs115969489, rs3777722, rs6463531, rs6995710, rs2768288, rs3814614, rs8020002, rs12906805. Mientras que la función discriminante 2 a pesar de no ser muy informativa, muestra una leve separación del Valle de Santa María en comparación con los otros dos valles (Figura S5B). La función discriminante 1 es concordante con los valores de F_{ST} entre los valles de Putaendo, Santa María y Los Andes.

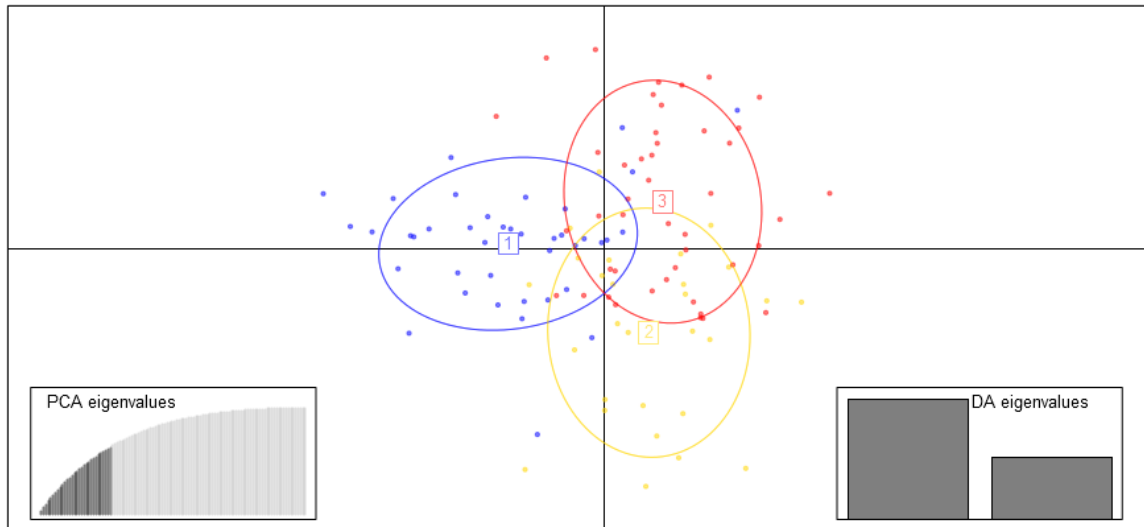


Figura 9. Análisis discriminante de componentes principales. 39 componentes principales y 2 funciones discriminantes fueron retenidos. Eigenvalores de PCA y DA es la cantidad de variación capturada por el análisis. La función discriminante 1 corresponde al eje X y la función discriminante 2 corresponde al eje Y. Puntos corresponden a individuos. Colores azul, amarillo y rojo corresponden a los valles de Putaendo, Santa María y Los Andes, respectivamente. Elipses representa el 95 % de confianza.

Si bien estos resultados muestran una sutil estructuración entre las poblaciones del valle de Aconcagua, se debe ser cauteloso, puesto que al momento de estimar el número de clúster que hay en los datos usando un método de clustering K-means basado en el valor de BIC (Bayesian Information Criterion) implementado en Adegenet, muestra que el número óptimo de clústers debería ser K=1 (Figura S6).

Los análisis de asignación poblacional fueron realizados para el set de datos del valle de Aconcagua considerando 147 SNPs. Los resultados muestran que hay 39.8 % de los

individuos (n=45) correctamente asignados a la población a la cual pertenecen. Realizando una observación más minuciosa para un individuo, la probabilidad de asignación a una de las tres poblaciones es muy cercana (Tabla S1). Lo anterior es concordante con los análisis anteriores, y suponen que la mayoría de los individuos tiene una alta probabilidad de ser asignado a cualquiera de los tres valles o poblaciones, por ende, se estaría evidenciando que es una población homogénea.

DISCUSIÓN

La inferencia de la estructura genética de las poblaciones prehispánicas mediante el estudio de las poblaciones mestizas es un gran desafío. El proceso de Conquista europea llevado a cabo durante los siglos XVI y XVII trajo consigo importantes consecuencias a nivel cultural y biológico en las poblaciones autóctonas de América. A pesar de ello, estudios enfocados a inferir la estructura genética de las poblaciones indígenas a partir del análisis de la estructura genética de las actuales poblaciones de América, dan cuenta de una concordancia entre la estructura genética de poblaciones mestizas y la subestructuración presente en las poblaciones nativas indígenas (Moreno et al. 2014; Homburger et al. 2015). En este sentido, los antecedentes y las características propias de las poblaciones del Valle de Aconcagua aportan un interesante contexto para estudiar la estructura genética de éstas e indagar en la supuesta diferenciación poblacional, en consideración a los antecedentes.

Con respecto a las muestras del Valle de Aconcagua, éstas presentan una muy buena calidad en cuanto a la genotipificación de los marcadores informativos de ancestría (AIMs). De los 150 SNPs, sólo 2 fallaron la genotipificación, por lo que el número de marcadores se redujo a 148 SNPs. Lo anterior no fue solo en las muestras de Aconcagua, sino que en todas muestras genotipificadas con el chip de Chile Genómico.

Conocer las proporciones de ancestría de las poblaciones en estudio, permite observar el impacto de la colonización europea a nivel genómico. En ese sentido, las proporciones

promedio de ancestría europea (54%), indígena (40%) y africana (6%) que presenta el Valle del Aconcagua concuerdan con la historia de mestizaje ocurrido en Chile durante la colonización europea y en gran parte de La Colonia, siendo estas proporciones muy similares a las encontradas en otras poblaciones de Chile, tales como las ubicadas en la zona central y centro sur de Chile, lo cual se condice con el hecho que el proceso de mestizaje fue bastante homogéneo en esta área (Eyheramendy et al. 2014; Fuentes et al. 2014). Centrándose en las proporciones promedio de los componentes indígena norte y centro sur para los valles de Putaendo, Santa María y Los Andes se percata que no hay diferencias evidentes entre ellas, teniendo en general mayores proporciones de ancestría indígena del centro sur, más que del componente indígena del norte. Esto es contrario a lo que se hubiese esperado para la zona, puesto que la arqueología del valle de Aconcagua propone que el valle de Putaendo ha mantenido contactos con las poblaciones del Norte Chico durante la historia prehispánica más que con los valles ubicados hacia el sur como es el valle del Maipo-Mapocho (Farga, 1995; Pavlovic et al. 2005), por ende, se hubiese esperado que el valle de Putaendo tenga una mayor proporción de componente indígena del norte más que del centro-sur en comparación con el valle de Santa María y Los Andes. Lo anterior se refuerza comparando las proporciones de estos dos componentes indígenas con los observados en Norte Chico, específicamente en la región de Coquimbo, donde las proporciones son en promedio de 24 % y 22 %, para el componente norte y centro sur, respectivamente⁷.

⁷ <http://ancestria.chilegenomico.cl/chilegenomico/index.php>

Esta incongruencia no significa que nunca haya existido esa diferenciación en los componentes, sino que puede haber sido resultado de procesos demográficos y migratorios que hayan borrado este componente, homogenizando genéticamente a las poblaciones del valle de Aconcagua (Hunley & Healy, 2011; Contreras, 2017). El PCA refuerza los resultados mostrados por el análisis de ancestría observándose que las poblaciones del valle de Putaendo se comportan como una población mestiza típica, específicamente PC2 deja en evidencia la presencia de un clúster homogéneo, situando a estas poblaciones entre la población europea e indígena. PC3 por su parte muestra que las poblaciones en estudio tienden a estar más cercanas genéticamente con indígenas del centro sur de Chile, lo cual nuevamente es coherente con el análisis realizado por ADMIXTURE.

En base a la cuantificación de la diferenciación poblacional entre los valles o poblaciones de Putaendo, Santa María y Los Andes, se observan valores muy bajos de F_{ST} , confirmando que el grado de diferenciación poblacional entre las poblaciones es reducida o nula, aunque se puede evidenciar que el valle de Putaendo posee valores de F_{ST} altos con respecto a los valles de Santa María y Los Andes, pero bajo con respecto a lo esperado, presentándose el valor de F_{ST} más bajo entre estos dos últimos. Esta misma situación es complementada al observar el análisis discriminante de componentes principales, donde se evidencia que en la primera función discriminante hay una leve separación del valle de Putaendo con respecto a los valles de Santa María y Los Andes. Aventurarse a determinar si realmente existe una estructuración en el valle de Aconcagua es complejo puesto a que

al estimar el número de K poblaciones existente entre las poblaciones en estudio utilizando el valor de BIC se observa que es un $K=1$ el que tiene mayor valor predictivo de los datos.

Esta inconsistencia entre la historia prehispánica e histórica de las poblaciones del valle de Aconcagua con respecto a los resultados expuesto tiene algunas explicaciones posibles. En primer lugar, el proceso de mestizaje pudo haber borrado cualquier evidencia de diferenciación genética entre las poblaciones prehispánicas que ocupaban el área en estudio, por lo cual mostraría una población genéticamente homogénea, lo que conllevaría a observar una ausencia de subestructuración poblacional (Koehl & Long, 2017). Además, es sabido que, durante las primeras etapas de la colonización, hubo un despoblamiento del valle del Maipo-Mapocho, por lo que se necesitó de movimientos forzados de indígenas desde los valles aledaños, e incluso huarpes de Argentina, para solucionar el problema y poseer así mano de obra (Jara, 1958). No se sabe si puede haber ocurrido lo mismo en el valle de Aconcagua, ya que no existe información directa al respecto.

Otro punto importante, guarda relación con un aspecto metodológico. Los marcadores informativos de ancestría (AIMs) utilizados puede que no tengan el suficiente poder para distinguir genéticamente a las poblaciones en estudio, no pudiendo detectar eventos tan locales como la diferenciación poblacional en cuestión (Kosoy et al. 2009). Estudios sugieren que para poder lograr identificar eventos de diferenciación genética entre poblaciones que son genéticamente homogéneas, es decir, que comparten una historia

demográfica y biológica común, se necesitan miles de SNPs, ya que a medida que se agregan marcadores genéticos aumentan las probabilidades de constatar patrones de diferenciación genética entre poblaciones (Novembre & Peter, 2016). De esta manera caracterizar a las poblaciones del valle de Aconcagua con un set mayor de marcadores podría permitir lograr profundizar en el conocimiento de la historia poblacional del valle y junto con ello resolver la pregunta acerca de la diferenciación genética del área según su historia de poblamiento y contactos entre las poblaciones.

Estudios genéticos más directos, por ejemplo, a través del análisis de DNA antiguo nos permitirían tener una evidencia más certera del proceso que se está estudiando (Leonardi et al. 2017). Además, puesto que diversos estudios relacionados han tratado temáticas muy similares las abordadas en la presente investigación (De la Fuente et al. 2015; Aguirre et al. 2017), no se puede descartar totalmente la posibilidad de que las diferencias genéticas se hayan dado en tiempos prehispánicos en el territorio del valle de Aconcagua. Otra posibilidad es que la presencia del río Aconcagua no hubiese funcionado como una barrera lo suficientemente importante para haber disminuido el flujo genético entre las poblaciones del norte y del sur del valle de Aconcagua, pero sí eventualmente puede que haya sido importante para fijar límites políticos-administrativos y/o culturales entre diferentes áreas, puesto que las barreras geográficas a veces se presentan como hitos importantes para fijar dichos límites (Chang, 2010). A pesar de ello existen estudios donde se evidencia que los hitos geográficos, como por ejemplo los ríos, pueden funcionar como barreras importantes dependiendo del contexto (Krings et al. 1999).

La estructura genética del valle de Aconcagua muestra un panorama poblacional bastante complejo. La caracterización genética del valle de Aconcagua mediante el estudio de variantes en cromosoma Y, ADN mitocondrial y marcadores nucleares muestra diferentes historias. Por esta razón, nuevas metodologías y estrategias de investigación podrían ser complementadas para una comprensión más global de la composición genética de las poblaciones del Curso superior del río Aconcagua.

CONCLUSIÓN

El análisis de ancestría es concordante con una muestra mestiza con altas proporciones de componentes europeo e indígena y una muy baja proporción de componente africano, siendo lo anterior reflejo del impacto a nivel genómico del proceso de la colonización europea en la zona. Considerando los componentes indígenas del norte y centro sur de Chile, las poblaciones del valle de Aconcagua tienen proporciones más altas de componente indígena del centro sur más que del componente indígena del norte.

No existe evidencia de diferenciación genética entre las poblaciones del valle de Aconcagua. Los análisis PCA, F_{ST} y DAPC fueron concordantes en mostrar una baja diferencia entre los sitios, siendo el valle de Putaendo el que tiende a separarse levemente de los demás valles (Santa María y Los Andes).

Finalmente, los resultados no son concluyentes para determinar si la presencia de hitos geográficos, específicamente el río Aconcagua, junto con las diferencias culturales propias funcionaron como barreras geográficas importantes, dada las características mestizas de las poblaciones del valle de Aconcagua. Mas bien, los hitos geográficos presentes parecen constituir límites culturales o político-administrativos, más que barreras físicas al flujo de personas entre los valles.

Futuros estudios podrían estar enfocados a extraer la variabilidad del componente indígena, a modo de sesgar el componente europeo y africano, para lo cual se necesitaría la caracterización de las muestras para un número mucho más elevado de marcadores

moleculares. De una forma más directa, los análisis de DNA antiguo en la zona podrían evaluar directamente la diferenciación genética a investigar.

BIBLIOGRAFÍA

Adhikari, K.; Chacón-Duque, J.C.; Mendoza-Revilla, J.; Fuentes-Guajardo, M.; Ruiz-Linares, A. 2017. The generic diversity of the Americas. *Annual Review of Genomics and Human Genetics* 18: 277-296.

Aguirre-Samudio, A.J.; González-Sobrino, B.Z.; Álvarez-Sandoval, B.A.; Montiel, R.; Serrano-Sánchez, C.; Meza-Peñaloza, A. 2017. Genetic history of classic period Teotihuacan burials in Central México. *Revista Argentina de Antropología Biológica* 19(1): 1-14.

Alexander, D.H.; Novembre, J.; Lange, K. 2009. Fast model-based estimation of ancestry in unrelated individuals. *Genome Research* 19(9): 1655-1664.

Alexander, D.H. & Lange, K. 2011. Enhancements to the ADMIXTURE algorithm for individual ancestry estimation. *BMC Bioinformatics* 12: 246.

Allesch, R.; Morales, R.; Gueren, H. 1975. Algunas consideraciones sobre la evolución de la población minera en la V Región: Periodo intercensal 1960 – 1970. *Revista Geográfica de Valparaíso* 6: 61-67.

Benjamini, Y. & Hochberg, Y. 1995. Controlling the False Discovery Rate: A Practical and Powerful Approach to Multiple Testing. *Journal of the Royal Statistical Society. Series B (Methodological)* 57(1): 289-300.

Bianchi, N.O.; Martínez-Marignac, V.L.; Guanuco, R. 2003. Identificación de amerindios por medio del análisis de ADN. Su aplicación en los litigios por posesión de tierras, y otras temas legales y éticos. *Interciencia* 28(1): 8-17.

Campoy E. & González-Martín, A. 2017. The Geography as a regulator of Genetic Flow and Genetic Structure in Andorra. *Advances in Anthropology* 7: 107-123.

Cavalli-Sforza, L.L. & Feldman, M.W. 2003. The application of molecular genetic approaches to the study of human evolution. *Nature Genetics* 33: 266-275.

Cavieres, E. 1983. Formas de vida y estructuras demográficas de una sociedad colonial: San Felipe en la Segunda mitad del siglo XVIII. *Cuadernos de Historia* 3: 79-97.

Chang, B. 2010. The power of geographical boundaries: Cultural, political, and economic border effects in a unitary nation. *Graduate theses and dissertations*. 11344.

Cifuentes, L. 2016. El Genoma Nuclear de los chilenos. En S. Berríos (ed), El ADN de los chilenos y sus orígenes genéticos. 1° Edición. pp 37-62. Editorial Universitaria, Santiago.

Cornejo, L. E. 1997. El país de los grandes valles: Prehistoria de Chile Central. En L. Cornejo, J. Berenguer, F. Gallardo, C. Aldunate, F. Mena, C. Sinclair (eds), Chile antes de Chile: Prehistoria. 1° Edición. pp 45-57. Museo Chileno de Arte Precolombino. Ilustre Municipalidad de Santiago y Fundación Familia Larraín Echenique, Santiago.

Cornejo, L. 2009. Hacia una hipótesis sobre el surgimiento de la cultura Aconcagua. En Actas del XVII Congreso Nacional de Arqueología Chilena. Tomo I: 341-350. Kultrún, Valdivia.

Contreras, H. 2006. Servicio personal y economía comunitaria de subsistencia en los cacicazgos indígenas de Aconcagua, 1550-1620. En Julio Retamal Ávila (Coord) Estudios Coloniales IV. 1° Edición. Pp 245-270. Centro de Estudios Coloniales, Universidad Andrés Bello, Santiago.

Contreras, H. 2017. Indios de TIERRA ADENTRO en Chile central: Las modalidades de la migración forzosa y el desarraigo (fines del siglo XVI y comienzo del XVII). En J.V. Valenzuela (ed) América en diásporas: Esclavitudes y migraciones forzadas en Chile y otras regiones americanas (siglos XVI-XIX). 1° Edición. pp 161-196. RIL editores – Instituto de Historia, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago.

Cortez, A. & Mardones, M. 2009. Historia de San Esteban, 1740-1936: Territorio, sociedad y vida rural en un espacio local de Aconcagua. 1° Edición. Ediciones Pucuro. Pucuro, Chile.

De la Fuente, C.; Galimany, J.; Kemp, B.M.; Judd, K.; Reyes, O.; Moraga, M. 2015. Ancient Marine Hunter-Gatherers from Patagonia and Tierra Del Fuego: Diversity and Differentiation Using Uniparentally inherited Genetic Markers. *American Journal of Physical Anthropology* 158(4): 719-729.

De Saint Pierre, M.; Bravi, C.M.; Motti, J.M.B.; Fuku, N.; Tanaka, M.; Llop, E.; Bonatto, S. L.; Moraga, M. 2012. An Alternative Model for the Early Peopling of Southern South America Revealed by Analyses of three Mitochondrial DNA Haplogroups. *PloS ONE* 7(9): e43486.

Excoffier, L. & Lischer, H. (2010). Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources* 10(3): 564-567.

Eyheramendy, S.; Martinez, F. I.; Manevy, F.; Vial, C.; Repetto, G.M. 2014. Genetic

structure characterization of Chilean reflects historical immigration patterns. *Nature Communications* 6:6472.

Falabella, F. & Stehberg, R. 1989. Los inicios del desarrollo agrícola y alfarero: Zona Central (300 AC a 900 DC). En J. Hidalgo, V. Schiapacasse, H. Niemeyer, C. Aldunate e I. Solimano (eds), *Culturas de Chile: Prehistoria, desde sus orígenes hasta los albores de la conquista*. 1° Edición. pp 113-327. Editorial Andrés Bello, Santiago.

Falabella, F. & Planella, M.T. 1991. Comparación de ocupaciones precerámicas y agroalfareras en el litoral de Chile Central. En *Actas del XI Congreso Nacional de Arqueología Chilena*. Tomo 3: 95-112. MNHN, SCHA, Santiago.

Falabella, F.; Pavlovic, D.; Planella, M. T.; Sanhueza, M. 2016. Diversidad y heterogeneidad cultural y social en Chile Central durante los periodos Alfarero Temprano e Intermedio Tardío (300 años AC a 1450 años DC). En F. Falabella, M. Uribe, L. Sanhueza, C. Aldunate, J. Hidalgo (eds), *Prehistoria en Chile: Desde sus primeros habitantes hasta los Incas*. 1° Edición. pp 365-399. Editorial Universitaria, Santiago.

Farga, C. 1995. El valle de Aconcagua en el siglo XVI: Un espacio social Heterogéneo. Tesis para optar a grado de Magíster en Historia con mención en Etnohistoria. Universidad de Chile, Santiago.

Fuentes, M.; Pulgar, I.; Gallo, C.; Bortolini, M.C.; Canizales-Quinteros, S.; Bedoya, G.; González-José, R.; Ruiz-Linares, A.; Rothhammer, F. 2014. Geografía génica de Chile. Distribución regional de los aportes genéticos americanos, europeos y africanos. *Revista Médica de Chile* 142: 281-289.

Gambier, M. 1993. *Prehistoria de San Juan*. 1° Edición. Editorial Fundación Universidad Nacional de San Juan, San Juan.

Goebel, T.; Waters, M.R.; O'Rourke, D.H. 2008. The Pleistocene of modern human in the Americas. *Science* 319(5869): 1497-1502.

Gómez, S. (1981). Transformaciones en un área de minifundio: Valle de Putaendo 1960-1980. Programa de la Facultad Latinoamericana de Ciencias Sociales. Santiago de Chile. Número 106.

Gongora, M. 1960. Origen de los "Inquilinos" de Chile Central. Seminario de Historia Colonial de la Facultad de Filosofía y Educación. Universidad de Chile. Santiago. 168 pp.

González, P. 2001. Patrones decorativos de la cerámica del curso superior del río Aconcagua: su distancia estilística de la cultura Aconcagua. En *Actas del IV Congreso*

Chileno de Antropología. Tomo 2: 1427-1431. Colegio de Antropólogos, Santiago.

Goudet, J. 2004. HIERFSTAT, a package for R to compute and test hierarchical F-statistics. *Molecular Ecology Notes* 5(1): 184-186.

Guerra, J. 2005. Pastoreo trashumante en el Valle del Aconcagua. Tesis para optar al título de antropólogo. Universidad Academia de Humanismo Cristiano.

Hamilton, M.J.; Milne, B.T.; Walker, R.S.; Burger, O.; Brown, J.H. 2007. The complex structure of Hunter-gatherer social networks. *Proceedings of the Royal Society Biological Sciences* 274(1622): 2195-2202.

Harb, Z. 2004. Grupos sanguíneos, enzimas eritrocitarias y proteínas séricas. En F. Rothhammer y E. Llop (eds), *Poblaciones Chilenas: Cuatro décadas de investigaciones bioantropológicas*. 1° Edición. pp 153-164. Editorial Universitaria, Santiago.

Harcourt, A.H. 2016. Human phylogeography and diversity. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 113(29): 8072-8078.

Hermosilla, N.; Saavedra, B.; Rojas, G.; Pavlovic, D.; Castelleti, J.; Quiroz, L.; Belmar, C. 2004. El sitio de El Cebollar (Llay Llay, V Región), sus contextos culturales y asociaciones vegetacionales. *Chungará* 36(2): 641-650.

Homburger, J.R.; Moreno-Estrada, A.; Gignoux, C.R.; Nelson, D.; Sanchez, E.; Ortiz-Tello, P.; Pons-Estel, B.A.; Acevedo-Vásquez, E.; Miranda, P.; Langefeld, C.D.; Gravel, S.; Alarcón-Riquelme, M.E.; Bustamante, C.D. 2015. Genomic Insights into the Ancestry and Demographic History of South America. *PloS Genetics* 11(12): e1005602.

Hunley, K. & Healy, M. 2011. The Impact of Founder Effects, Gene Flow, and European Admixture on Native American Genetic Diversity. *American Journal of Physical Anthropology* 146(4): 530-538.

Jara, A. 1958. Importación de trabajadores indígenas en el siglo XVII. *Revisar Chilena de Historia y Geografía* 124: 177-212.

Jombart, T. 2008. Adegnet: a R package for the multivariate analysis of genetic markers. *Bioinformatics* 24(11): 1403-1405.

Jombart, T.; Devillard, S.; Balloux, F. 2010. Discriminant analysis of principal components: a new method for the analysis of genetically structured populations. *BMC Genetics* 11:94.

Jombart, T. & Collins, C. 2017. A tutorial for Discriminant Analysis of Principal Components

(DAPC) using adegenet 2.1.0. MRC Centre for Outbreak Analysis and Modelling. Imperial College London.

Koehl, A.J. & Long, J.C. 2017. The contributions of admixture and genetic drift to diversity among post-contact populations in the Americas. *American Journal of Physical Anthropology* 165(2): 256-268.

Kosoy, R.; Nassir, R.; Tian, C.; White, P.A.; Butler, L.M.; Silva, G.; Kittles, R.; Alarcon-Riquelme, M.E.; Gregersen, P.K.; Belmont, J.W.; De La Vega, F.M.; Seldin, M.F. 2009. Ancestry Informative Marker Sets for Determining Continental Origin and Admixture Proportions in Common Populations in America. *Human Mutation* 30(1): 69-78.

Krings, M.; Salem, A.E.; Bauer, K.; Geisert, H.; Malek, A.K.; Chaix, L.; Simon, C.; Welsby, D.; Di Rienzo, A.; Utermann, G.; Sajantila, A.; Pääbo, S.; Stoneking, M. 1999. mtDNA Analysis of Nile River Valley Populations: A Genetic Corridor or a Barrier to Migration? *American Journal of Human Genetics* 64(4): 1166-1176.

Lagiglia, H. A. 1977. Dinámica cultural en el Centro-Oeste y sus relaciones con áreas aledañas argentinas y chilenas. En *Actas del VII Congreso de Arqueología de Chile*. Tomo II: 531-560. Kultrún, Santiago.

Leiva, X. 2010. Efecto de las migraciones recientes en la composición genética de la población de Santiago de Chile. Memoria para optar al título profesional de Antropóloga Física. Universidad de Chile.

Leonardi, M.; Librado, P.; Der Sarkissian, C.; Schubert, M.; Alfarhan, A.H.; Alquraishi, S.A.; Al-Rasheid, K.A.; Gamba, C.; Willerslev, E. & Orlando, L. 2017. Evolutionary Patterns and Processes: Lessons from Ancient DNA. *Systematic Biologists* 66(1): 1-19.

Lischer, H.E. & Excoffier, L. 2012. PGDSpider: An automated data conversion tool for connecting population genetics and genomics programs. *Bioinformatics* 28(2): 298-299.

Madrigal, L.; Ware, B.; Miller, R.; Saenz, G.; Chavez, M.; Dykes, D. 2001. Ethnicity, Gene Flow, and Population Subdivision in Limón, Costa Rica. *American Journal of Physical Anthropology* 114: 99-108.

Meggers, B.J. 1998. Evolución y difusión cultural. 1° Edición. Tomo I. Ediciones Abya-Yala. Quito, Ecuador.

Messerli, B.; Grosjean, M.; Hofer, T.; Núñez, L.; Pfister, C. 2000. From nature-dominated to human-dominated environmental changes. *Quaternary Science Reviews* 19(1): 459-479.

Michieli, C.T. & Gambier, M. 1998. Estaciones de grupos chilenos tardíos en la alta cordillera del sudoeste de San Juan, Argentina. Publicaciones 22.

Mielke, J. & Fix, A. 2007. The confluence of anthropological Genetics and Anthropological Demography. En M. Crawford (ed), *Anthropological Genetics: Theory, Methods and Applications*. 1° Edition. pp 112-140. Cambridge University Press, New York.

Mills, B.J.; Clark, J.C.; Peeples, M.A.; Haas, W.R.; Roberts, J.M.; Hill, J.B.; Huntley, D.L.; Borck L.; Breiger, R.L.; Clauset, A. and Shackley, M.S. 2013. Transformation of social networks in the late pre-Hispanic US Southwest. *Proceeding of the National Academy of Sciences of the United State of America* 110(15): 5785-5790.

Moraga, M.; Pezo, P.; de Saint Pierre, M. 2016. El genoma de herencia uniparental en el estudio de las poblaciones fundadoras. En S. Berríos (ed), *El ADN de los chilenos y sus orígenes genéticos*. 1° Edición. pp 63-90. Editorial Universitaria, Santiago

Moreno-Estrada, A.; Gignoux, C.R.; Fernández-López, J.C.; Zakharia, F.; Sikora, M.; Contreras, A.V.; Acuña-Alonzo, V.; Sandoval, K.; Eng, C.; Romero-Hidalgo, S.; Ortiz-Tello, P.; Robles, V.; Kenny, E.E.; Nuño-Arana, I.; Barquera-Lozano, R.; Macín-Pérez, G.; Granados-Arriola, J.; Huntsman, S.; Galanter, J.M.; Via, M.; Ford, J.G.; Chapela, R.; Rodríguez-Cintron, W.; Rodríguez-Santana, J.R.; Romieu, I.; Sienra-Monge, J.J.; del Río, B.; London, S.J.; Ruiz-Linares, A.; Garcia-Herrera, R.; Estrada, K.; Hidalgo-Miranda, A.; Jimenez-Sanchez, G.; Carnevale, A.; Soberón, X.; Canizales-Quinteros, S.; Rangel-Villalobos, H.; Silva-Zolezzi, I.; Gonzalez, E.; Bustamante, C.D. 2014. The genetics of Mexico recapitulates Native American substructure and affects biomedical traits. *Science* 344(6189): 1280-1285.

Novembre, J. & Ramachandran, S. (2011). Perspectives on Human Population Structure at the Cusp of the Sequencing Era. *Annual Review of Genomics and Human Genetics* 12: 245-274.

Novembre, J. & Peter, B.M. 2016. Recent advances in the study of fine-scale population structure in humans. *Current Opinion in Genetics & Development* 41: 98-105.

O'Connell, J.F. 1999. Genetics, archaeology, and Holocene hunter-gatherers. *Proceeding of the National Academy of Sciences* 96(19): 10562-10563.

Orellana, M. 1994. *Prehistoria y Etnología de Chile*. 1° Edición. Editorial Bravo y Allende. Colección de Ciencias Sociales. Universidad de Chile, Santiago.

Orellana, M. 2014. Patrones de diferenciación entre las poblaciones Rurales del Norte y

Sur del Curso Superior del río Aconcagua: Aproximación desde la Antropología Molecular. Memoria para optar al título profesional de Antropólogo físico con mención en Antropología física. Universidad de Concepción.

Orellana, M.; Pezo, P.; Moraga, M. 2015. Caracterización genética de poblaciones rurales del Valle de Aconcagua, V Región, Chile, mediante el uso de marcadores moleculares uniparentales. Libro de Resúmenes de la XLVIII Reunión Anual Sociedad de Genética de Chile (22-24 de octubre). Valdivia, Chile.

Paetkau, D.; Calvert, W.; Stirling, I.; Strobeck, C. 1995. Microsatellite analysis of population structure in Canadian polar bears. *Molecular Ecology* 4(3): 347-354.

Paetkau, D.; Slade R.; Burden, M.; Estoup, A. 2004. Genetic assignment methods for the direct, real-time estimation of migration rate: a simulation-based exploration of accuracy and power. *Molecular Ecology* 13(1): 55-65.

Pavlovic, D.; Sánchez, R.; González, P.; Troncoso A. 1999. Primera aproximación al período Alfarero en el valle fronterizo de Putaendo, cuenca superior del río Aconcagua, Chile Central. En Actas XIII Congreso Nacional de Arqueología Argentina. tomo III: 239-255. Córdoba.

Pavlovic, D. 2000. Periodo Alfarero Temprano en la Cuenca Superior del Río Aconcagua. Una primera aproximación sistemática a sus características y relaciones. *Boletín de la Sociedad Chilena de Arqueología* 30: 17-29.

Pavlovic, D. 2001. Las tierras altas del valle y el patrón de asentamiento de las poblaciones agroalfareras en la cuenca superior del río Aconcagua. En Actas del IV Congreso Chileno de Antropología. Tomo II: 1399-1404.

Pavlovic, D.; Sánchez, R.; Troncoso, A. 2003. Prehistoria de Aconcagua. 1° Edición. Ediciones del Centro Almendral Corporación CIEM Aconcagua, San Felipe.

Pavlovic, D.; Troncoso, A.; González, P.; Sánchez, R. 2004. Por cerros, valles y rinconadas: Investigaciones arqueológicas en el Valle del Río Putaendo, Cuenca Superior del Río Aconcagua. *Chungará Volumen especial*: 847-860.

Pavlovic, D.; Sánchez, R.; Troncoso, A.; González, P. 2005. La diversidad cultural en la cuenca superior de Aconcagua durante el periodo Intermedio Tardío: Una interpretación desde la organización social de sus pobladores. Actas del XVI Congreso Nacional de Arqueología Chilena. Tomo I: 445-454. Tomé.

Pavlovic, D. 2006. La gente del Valle de las Rinconadas. Uso del espacio y tradiciones

tecnológicas durante el Periodo Intermedio Tardío en el Valle del Río Putaendo, Cuenca Superior del Río Aconcagua. Memoria de Título para optar al Título de Arqueólogo. Universidad de Chile.

Pavlovic, D.; Troncoso, A.; Alfaro, S.; Pascual, D.; Belmar, C.; Quiroz, L.; Iglesias, C. 2008. Comprendiendo los contextos domésticos del Periodo Intermedio Tardío en el Valle de Putaendo: Investigaciones en el sitio Casa Blanca 10. *Revista Clava* 7: 51-72.

Pavlovic D.; Troncoso, A.; Sánchez, R.; Pascual, D. 2012. Un Tigre en el valle. Vialidad, arquitectura y ritualidad incaica en la cuenca superior del río Aconcagua. *Chungará* 49(4): 551-569.

Patterson, N.; Price, A.L.; Reich, D. 2006. Population structure and eigenanalysis. *PLoS Genetics* 2(12): e190.

Piry, S.; Alapetite, A.; Cornuet, J.M.; Paetkau, D.; Baudouin, L.; Estoup, A. 2004. GeneClass2: A Software for Genetic Assignment and First-Generation Migrant Detection. *Journal of Heredity* 95(6): 536-539.

Pritchard, J.K.; Stephens M.; Donnelly, P. 2000. Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data. *Genetics* 155(2): 945-959.

Purcell, S.; Neale, B.; Todd-Brown, K.; Thomas, L.; Ferreira, M.A.; Bender, D.; Maller, J.; Sklar, P.; De Bakker, P.I.; Daly, M.J.; Sham, P.C. 2007. PLINK: a tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. *American Journal of Human Genetics* 81(3): 559-575.

Quintanilla, G. 1975. Biogeografía de la Quinta Región. *Revista Geográfica de Valparaíso* 6: 3-22.

R Core Team. 2017. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria.

Rangel-Villalobos, H.; Martínez-Sevilla, V.; Martínez-Cortés, G.; Aguilar-Velázquez, J.; Sosa-Macías, M.; Rubi-Castellanos, R.; González-Martín, A. 2016. Importance of the Geographic Barriers to Promote Gene Drift and Avoid Pre- and Post-Columbian Gene Flow in Mexican Native Groups: Evidence from Forensic STR Loci. *American Journal of Physical Anthropology* 160: 298-316.

Renfrew, C. & Bahn, P. 2016. *Archaeology: Theories, Methods and Practice*. Seventh Edition. Thames & Hudson Ltd, London.

Rivas, P. & González, J. 2008. Las Brisas-3, sitio agroalfarero temprano en Santo Domingo. V Región, Chile. Clava 7: 27-49.

Rothhammer, F. & Dillehay, T. 2009. The late Pleistocene Colonization of South of America: An Interdisciplinary Perspective. *Annals of Human Genetics* 73(5): 540-549.

Rowlands, M. 1998. Kinship, alliance and exchange in the European bronze age. En K. Kristiansen, M. Rowlands (eds), *Social Transformations in Archaeology: Global and Local Perspectives*. First Edition. pp 142-177. Routledge, New York.

RStudio Team. 2015. RStudio: Integrated Development for R. RStudio, Inc., Boston, MA.

Sánchez, R. & Massone, M. 1995. *Cultura Aconcagua*. 1° Edición. Dirección de bibliotecas, archivos y museos. Santiago, Chile.

Sánchez, R.; Pavlovic, D.; González, P.; Troncoso, A. 2004. Curso Superior del Río Aconcagua: Un área de interdigitación cultural Periodos Intermedio Tardío y Tardío. *Revista Chungará Volumen especial*: 753-766.

Sanhueza, L. & Falabella, F. 1999-2000. Las Comunidades Alfareras Iniciales En Chile Central. *Revista Chilena de Antropología* 15: 29-47.

Sanhueza, L.; Vásquez, M.; Falabella, F. 2003. Las sociedades alfareras tempranas de la cuenca de Santiago. *Chungará* 35(1): 23-50.

Silva-Zolezzi, I.; Hidalgo-Miranda, A.; Estrada-Gil, J.; Fernandez-Lopez, J.C.; Uribe-Figueroa, L.; Contreras, A.; Balam-Ortiz, E.; Del Bosque-Plata, L.; Velazquez-Fernandez, D.; Lara, C.; Goya, R.; Hernandez-Lemus, E.; Davila, C.; Barrientos, E.; March, S. and Jimenez-Sanchez, G. 2009. Analysis of genomic diversity in Mexican Mestizo populations to develop genomic medicine in Mexico. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 106(21): 8611-8616.

Stehberg, R. 1995. Instalaciones Incaicas en el norte y centro semiárido de Chile. Colección de Antropología N° II. Centro de Investigaciones Diego Barros Arana, DIBAM, Santiago.

Stehberg, R.; Blanco, J.F.; Labarca, B.; Rojas G.; Aspillaga, E.; Belmar, C. 2012. Caverna Piuquenes: Aproximaciones a las adaptaciones humanas al medio cordillerano del Aconcagua. Pleistoceno tardío al holoceno medio (11.500-7000 AP). *Museo de Historia Natural Publicación ocasional* 62: 5-217.

Templeton, A.R. 2007. Genetics and recent human evolution. *Evolution* 61(7): 1507-1519.

The 1000 Genomes Project Consortium. 2015. A Global reference for human genetic variation. *Nature* 526: 68-74.

Troncoso, A. 2004. El arte de la dominación: Arte Rupestre y paisaje durante el periodo Incaico en la Cuenca Superior del Río Aconcagua. *Chungará* 36(2): 453-461.

Troncoso, A. 2005. Hacia una semiótica del Arte Rupestre de la Cuenca Superior del Río Aconcagua, Chile Central. *Chungará* 37(1): 21-35.

Valenzuela, J. 2014. Indios urbanos: inmigraciones, alteridad y ladinización en Santiago de Chile (siglos XVI-XVII). *Historia Crítica* 53: 13-24.

Valenzuela, C. 2010. El cuerpo chileno dividido sociogenéticamente. En Á. Góngora, R. Sagrado (eds), *Fragmentos para una historia del cuerpo en Chile*. 1° Edición. Ediciones Taurus, Santiago.

Venegas, F.; Ávalos, H.; Saunier, A. 2011. Arqueología e historia del curso Medio e inferior del río Aconcagua: Desde los primeros alfareros hasta el arribo de los españoles (300 AC-1600 DC). 1° Edición. Ediciones Universitarias de Valparaíso. Pontificia Universidad Católica de Valparaíso. Valparaíso, Chile.

Vilches, F. & Saavedra, M. 1994. Arcaico Temprano en Los Andes de Chile Central. *Actas del 2° Taller de Arqueología de Chile Central*. 1-16.

Walker, R.S.; Hill, K.R.; Flinn, M.V.; Ellsworth, R.M. 2011. Evolutionary History of Hunter-Gatherer Marriage Practices. *PloS ONE* 6(4): e19066.

Watson, R.A. 1976. Inference in archaeology. *American Antiquity* 41(1): 58-66.

Weir, B.S. & Cockherman, C.C. 1984. Estimating F-Statistics for the Analysis of Population Structure. *Evolution* 38(6): 1358-1370.

Wigginton, J.E.; Cutler, D.J.; Abecasis, G.R. 2005. A Note on Exact Tests of Hardy-Weinberg Equilibrium. *American Journal of Human Genetics* 76(5): 887-893.

Zaitlen, N.; Huntsman, S.; Hu, D.; Spear, M.; Eng, C.; Oh, S.S.; White, M.J.; Mak, A.; Davis, A.; Meade, K.; Brigino-Buenaventura, E.; LeNoir, M.A.; Bibbins-Domingo, K.; Burchard, E.G.; Halperin, E. 2017. The Effects of Migration and Assortative Mating on Admixture Linkage Disequilibrium. *Genetics* 205(1): 375-383.

MATERIAL SUPLEMENTARIO

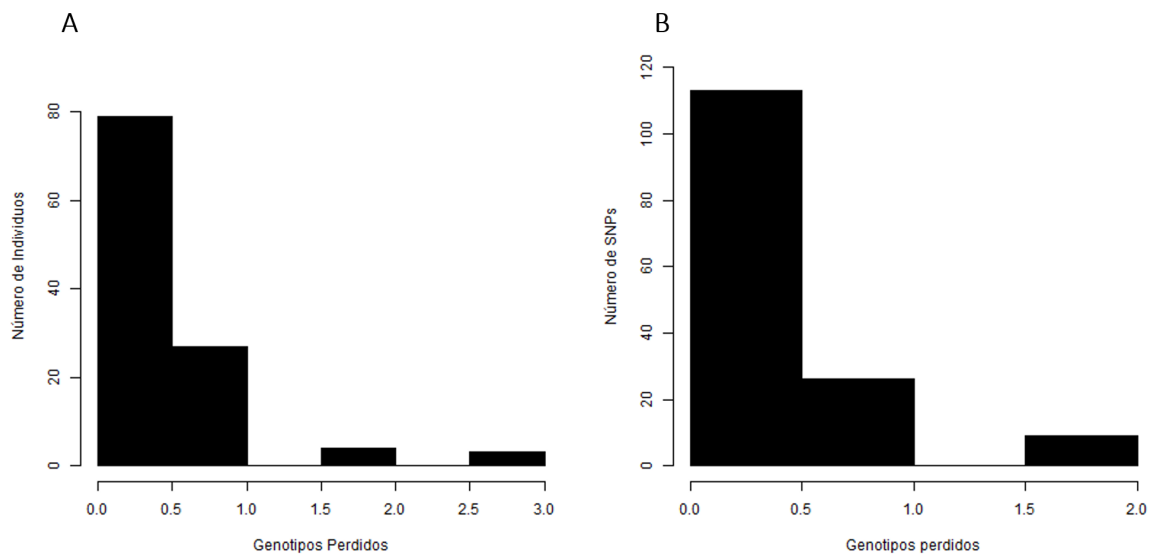


Figura S1. Resumen estadístico de datos perdidos por individuo y por SNPs. A) Número de genotipos perdidos por individuos. B) Número de genotipos perdidos por SNPs.

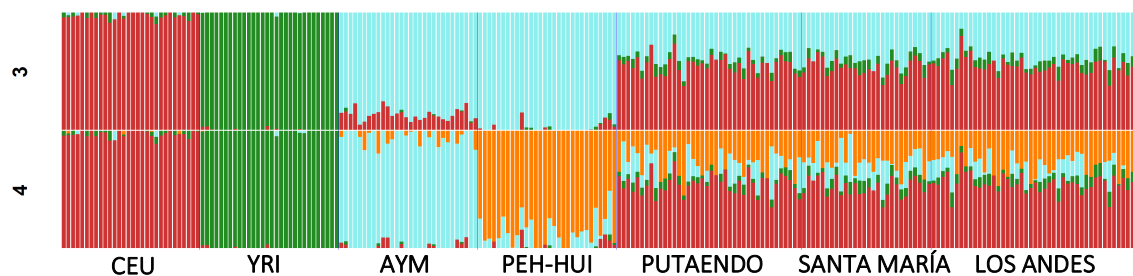


Figura S2. Proporciones de ancestría estimado por ADMIXTURE en modo no supervisado considerando $K = 3$ y $K = 4$. El eje X corresponde a individuos de poblaciones de referencia (CEU, YRI, AYM, PEH-HUI) y poblaciones del valle de Aconcagua (Putaendo, Santa María y Los Andes), y el eje Y corresponde la proporción de los componentes ancestrales. Los colores corresponden a los componentes ancestrales.

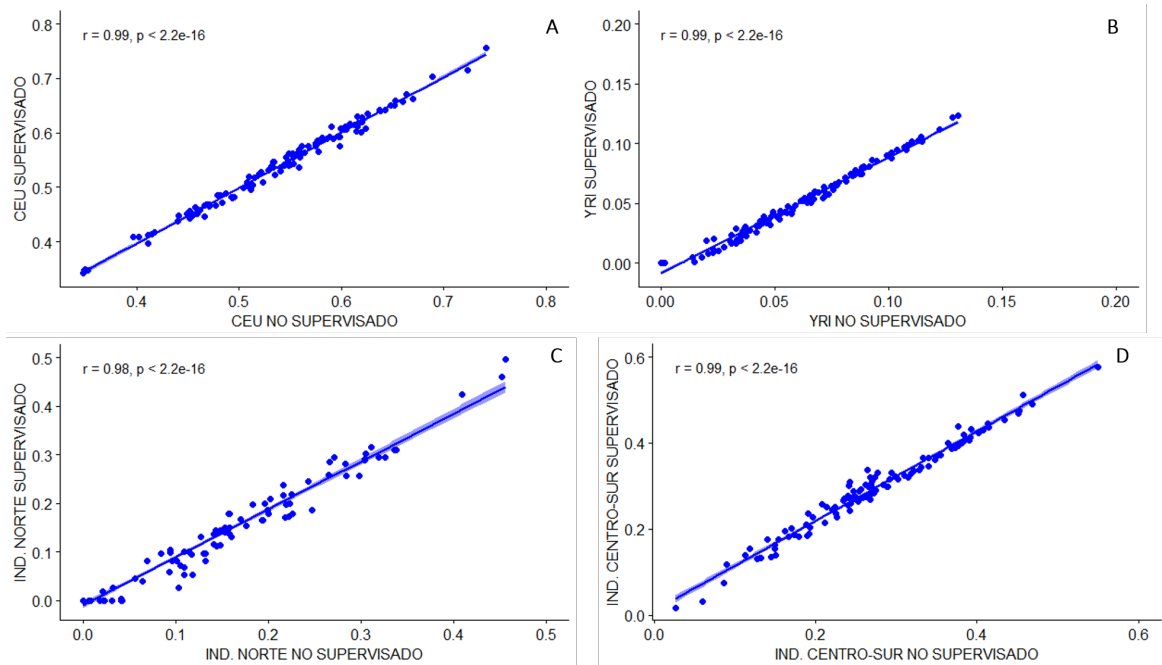


Figura S3. Análisis de correlación entre los componentes ancestrales derivados del análisis de ADMIXTURE supervisado y no supervisado. CEU (Componente europeo), YRI (Componente africano), IND. NORTE (Componente indígena del norte de Chile) e IND. CENTRO SUR (Componente indígena del centro sur de Chile). Valor de r corresponde al coeficiente de correlación de Pearson y p corresponde a la significancia estadística ($p < 0.05$) del valor de r . A) Correlación ADMIXTURE supervisado y no supervisado componente CEU. B) Correlación ADMIXTURE supervisado y no supervisado componente YRI. C) Correlación ADMIXTURE supervisado y no supervisado componente IND. NORTE. D) Correlación ADMIXTURE supervisado y no supervisado componente IND. CENTRO-SUR. Recta corresponde a la línea de mejor ajuste. Cada punto corresponde a la proporción de ancestría de un individuo.

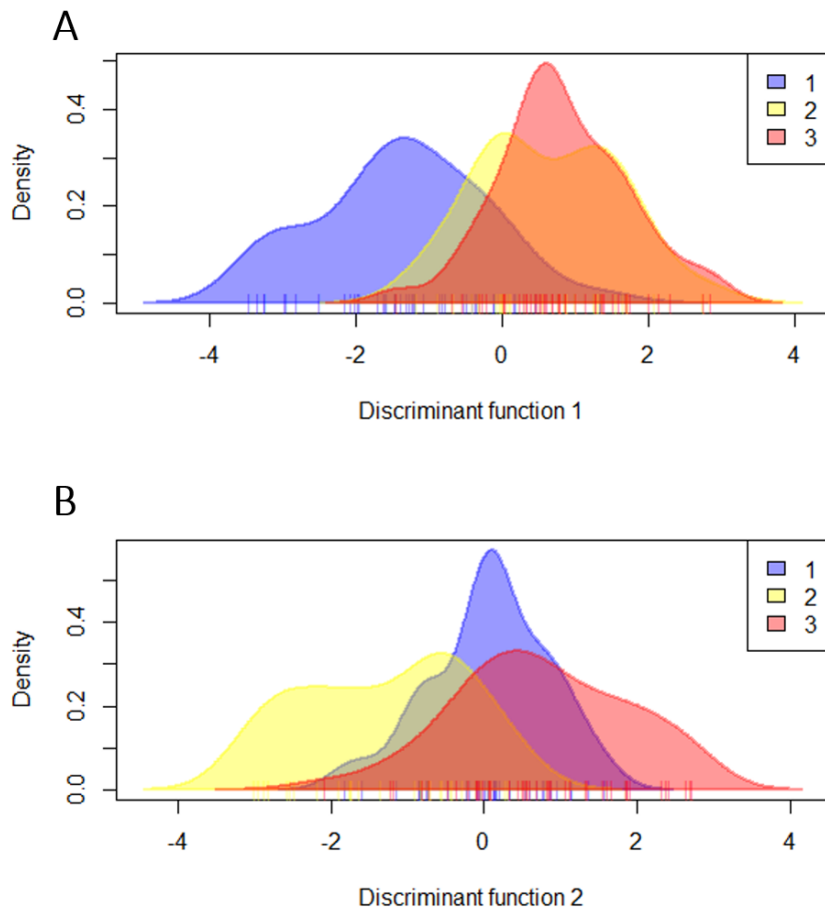


Figura S4. Densidades de individuos asociados a la función discriminante 1 y 2 dado los resultados de DAPC. Colores azul (1), amarillo (2) y rojo (3) corresponden a los valles de Putaendo, Santa María y Los Andes, respectivamente. A) Densidad de individuos correspondiente a la función discriminante 1. B) Densidad de individuos correspondiente a la función discriminante 2.

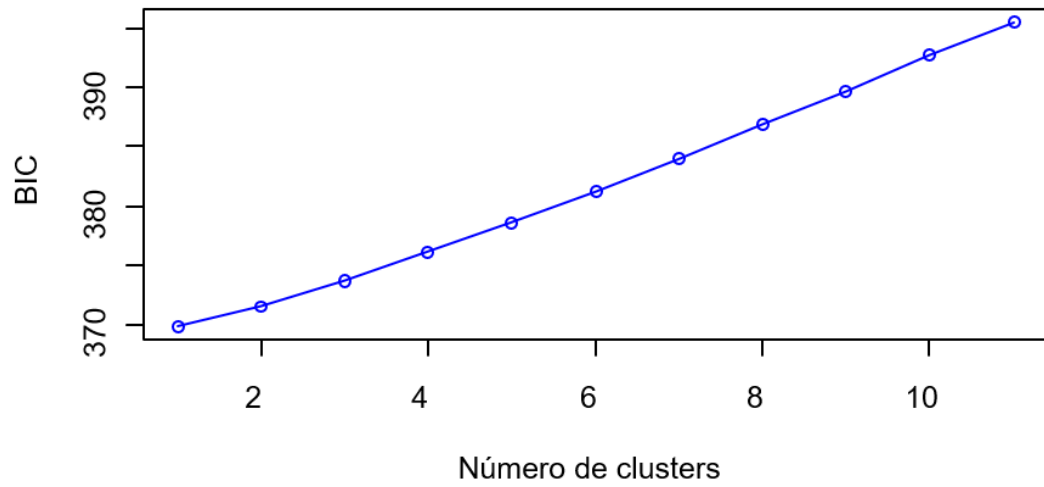


Figura S5. Inferencia de número de clústers (K) en el set de datos del valle de Aconcagua según los valores de BIC (Bayesian Information Criterion). Considerando K=1 a K=10, para cada K existe un determinado valor de BIC. La elección del número óptimo de clústers está dado por el valor más bajo de BIC (K = 1, BIC = 369.84).

Tabla S1. Análisis de asignación poblacional de cada individuo a los valles de Putaendo, Santa María y Los Andes. Probabilidad de asignación de cada individuo muestreado en el valle de origen con respecto a los valles existentes en el valle de Aconcagua (Valles de Putaendo, Santa María y Los Andes).

Muestra	Probabilidad de asignación a Putaendo	Probabilidad de asignación a Santa María	Probabilidad de asignación a Los Andes
PUT-001 (Putando)	0.4450	0.3055	0.2972
PUT-003 (Putando)	0.7294	0.4813	0.5507
PUT-005 (Putando)	0.5941	0.6307	0.5951
PUT-006 (Putando)	0.2821	0.4319	0.5818
PUT-007 (Putando)	0.0595	0.1673	0.0631
PUT-009 (Putando)	0.1275	0.3551	0.1058
PUT-010 (Putando)	0.4512	0.6995	0.5433
PUT-011 (Putando)	0.8734	0.8113	0.8143
PUT-014 (Putando)	0.1956	0.1360	0.2636
PUT-015 (Putando)	0.4212	0.3095	0.3968
PUT-016 (Putando)	0.0340	0.0851	0.0930
PUT-017 (Putando)	0.1204	0.1208	0.3844
PUT-020 (Putando)	0.1821	0.2943	0.6693
PUT-022 (Putando)	0.7984	0.5944	0.6964
PUT-023 (Putando)	0.0418	0.1678	0.0730
PUT-024 (Putando)	0.9478	0.8904	0.9173
PUT-025 (Putando)	0.6967	0.6706	0.8724
PUT-026 (Putando)	0.6049	0.6052	0.5909
PUT-027 (Putando)	0.3217	0.4825	0.6051
PUT-028 (Putando)	0.6294	0.7069	0.7312
PUT-029 (Putando)	0.6898	0.6827	0.7446
PUT-030 (Putando)	0.2607	0.3668	0.2488
PUT-032 (Putando)	0.2760	0.6448	0.5407
PUT-033 (Putando)	0.8669	0.8056	0.7433
PUT-034 (Putando)	0.1864	0.2674	0.1610
PUT-035 (Putando)	0.3629	0.3122	0.2475
PUT-037 (Putando)	0.5482	0.4224	0.6258
PUT-038 (Putando)	0.1839	0.3551	0.4572
PUT-039 (Putando)	0.6976	0.8071	0.8881

PUT-040 (Putando)	0.2822	0.3866	0.4972
PUT-041 (Putando)	0.5696	0.7932	0.7097
PUT-042 (Putando)	0.4082	0.4702	0.4644
PUT-043 (Putando)	0.7428	0.7592	0.7546
PUT-044 (Putando)	0.3931	0.5224	0.6152
PUT-045 (Putando)	0.4940	0.3334	0.4563
PUT-046 (Putando)	0.5655	0.6404	0.6214
PUT-047 (Putando)	0.7532	0.6683	0.8766
PUT-048 (Putando)	0.2471	0.4888	0.6021
PUT-050 (Putando)	0.2493	0.6684	0.8679
PUT-051 (Putando)	0.7865	0.7339	0.8340
AA-001 (Santa María)	0.3138	0.5745	0.5965
AA-002 (Santa María)	0.1123	0.2174	0.2926
AA-003 (Santa María)	0.5909	0.6915	0.8536
AA-005 (Santa María)	0.8201	0.8513	0.8824
AA-006 (Santa María)	0.0813	0.2574	0.1186
AA-007 (Santa María)	0.2490	0.6276	0.3711
AA-008 (Santa María)	0.3156	0.7294	0.5983
AA-009 (Santa María)	0.3772	0.5956	0.7982
AA-010 (Santa María)	0.7679	0.8683	0.9355
AA-012 (Santa María)	0.5733	0.6451	0.4983
AA-014 (Santa María)	0.3724	0.2975	0.4060
AA-015 (Santa María)	0.5775	0.8226	0.5844
AA-016 (Santa María)	0.0047	0.0091	0.0093
AA-017 (Santa María)	0.0230	0.0511	0.0529
AA-018 (Santa María)	0.3803	0.2064	0.3478
AA-019 (Santa María)	0.5386	0.8963	0.7163
AA-020 (Santa María)	0.1966	0.4997	0.5277
AA-021 (Santa María)	0.1042	0.4227	0.3217
AA-022 (Santa María)	0.0761	0.1603	0.3020
AA-024 (Santa María)	0.2014	0.1278	0.1805
XL-057 (Santa María)	0.0346	0.0794	0.0840
XL-070 (Santa María)	0.0871	0.1068	0.1337
XL-081 (Santa María)	0.3108	0.2350	0.3715
XL-087 (Santa María)	0.5281	0.6515	0.5487
XL-095 (Santa María)	0.3936	0.5767	0.7267
XL-099 (Santa María)	0.1571	0.3900	0.2081
XL-155 (Santa María)	0.0413	0.1050	0.1074
XL-199 (Santa María)	0.4063	0.7843	0.7317
LA-001 (Los Andes)	0.7433	0.6073	0.7066

LA-002 (Los Andes)	0.3417	0.6464	0.8063
LA-003 (Los Andes)	0.8972	0.8863	0.9418
LA-004 (Los Andes)	0.2720	0.2839	0.4010
LA-005 (Los Andes)	0.1147	0.1399	0.0677
LA-007 (Los Andes)	0.1641	0.2240	0.4454
LA-008 (Los Andes)	0.3661	0.2622	0.5197
LA-009 (Los Andes)	0.1599	0.3013	0.5274
LA-010 (Los Andes)	0.6581	0.6337	0.7070
LA-012 (Los Andes)	0.4178	0.6505	0.6377
LA-013 (Los Andes)	0.1211	0.2519	0.3824
LA-015 (Los Andes)	0.2203	0.5799	0.3587
LA-016 (Los Andes)	0.0584	0.1793	0.0912
LA-017 (Los Andes)	0.3359	0.3968	0.6348
LA-018 (Los Andes)	0.2435	0.3131	0.3568
LA-019 (Los Andes)	0.3249	0.4231	0.5537
LA-020 (Los Andes)	0.3824	0.5019	0.4982
LA-021 (Los Andes)	0.0337	0.1484	0.1857
LA-022 (Los Andes)	0.3781	0.7162	0.6878
LA-024 (Los Andes)	0.3107	0.3807	0.3089
LA-025 (Los Andes)	0.4697	0.4731	0.6195
LA-026 (Los Andes)	0.3148	0.2492	0.2283
LA-027 (Los Andes)	0.8987	0.8866	0.9863
LA-028 (Los Andes)	0.0312	0.0372	0.0562
LA-029 (Los Andes)	0.1485	0.2991	0.2397
LA-030 (Los Andes)	0.3890	0.4578	0.5861
LA-031 (Los Andes)	0.0649	0.1614	0.1826
LA-032 (Los Andes)	0.1945	0.2154	0.3642
LA-033 (Los Andes)	0.9842	0.9798	0.9939
LA-034 (Los Andes)	0.5889	0.8740	0.8632
LA-035 (Los Andes)	0.1943	0.2119	0.4015
LA-036 (Los Andes)	0.3854	0.4268	0.4515
LA-037 (Los Andes)	0.1694	0.4942	0.4678
LA-038 (Los Andes)	0.1320	0.0548	0.1515
LA-040 (Los Andes)	0.1678	0.4595	0.4177
LA-043 (Los Andes)	0.1427	0.1323	0.1702
LA-044 (Los Andes)	0.0646	0.1794	0.2056
LA-045 (Los Andes)	0.8951	0.9762	0.8883
LA-046 (Los Andes)	0.0606	0.2019	0.1021
LA-047 (Los Andes)	0.0837	0.2406	0.2490
LA-048 (Los Andes)	0.2984	0.3808	0.3987

LA-049 (Los Andes)	0.3460	0.5801	0.5143
LA-050 (Los Andes)	0.0171	0.1094	0.0580
LA-051 (Los Andes)	0.0349	0.0606	0.0360
LA-052 (Los Andes)	0.6805	0.9383	0.9202