

**Evaluando la movilidad
transcordillerana entre grupos humanos
de la vertiente oriental y occidental
de la cordillera de los Andes. Análisis
de flujo genético mediante marcadores
de ADN mitocondrial.**

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

Daniela Castillo Torres

Mes, 2023

Director de Tesis Dr: Mauricio Moraga

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 la candidata.

Daniela Castillo Torres

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

Director de Tesis:
Dr. Mauricio Moraga

Comisión de Evaluación de la Tesis

Dr. Elie Poulin

Dr. Marco A. Méndez

DEDICATORIA

A mi sobrina Amanda.

BIOGRAFÍA

Antropóloga Física, titulada de la Universidad de Chile. Desde pregrado me interesa el estudio de la variabilidad biológica de las poblaciones humanas y los procesos de migración y poblamiento. Por ello realice mi tesis de pregrado en el laboratorio de Genética de Poblaciones y Evolución Humana (Facultad de Medicina, Universidad de Chile) a cargo del Dr. Mauricio Moraga. En mi tesis analice los linajes mitocondriales presentes en la ciudad de San Carlos, Región de Ñuble para dar cuenta de la contribución de la mujer indígena en la conformación de la población de la zona. Para seguir en la misma línea de investigación, el año 2021 ingrese al Magister de Ciencias Biológicas de la Universidad de Chile, realizando mi tesis en el mismo laboratorio y utilizando marcadores de ADN mitocondrial para estudiar procesos de migración de poblaciones humanas de Chile y Argentina.

AGRADECIMIENTOS

A la Escuela de Postgrado por ayudarme a financiar el programa de Magíster en Ciencias Biológicas.

A la Agencia de Nacional de Investigación y Desarrollo (ANID) por financiar parte del arancel del programa a través de la Beca de Magíster Nacional 2022.

Al laboratorio de Genética de Poblaciones y Evolución Humana, Facultad de Medicina, por su constante apoyo y aporte de conocimiento, especialmente a Margarita, Michael y Carla.

Al profesor Mauricio Moraga por el apoyo, paciencia y por el aporte de conocimientos en la realización de esta tesis.

A mi familia, que a pesar de la distancia me brindan su apoyo y ayuda cuando la necesita

A Pablo que me ha apoyado y brindado contención durante estos años cuando más lo necesitaba.

ÍNDICE

DEDICATORIA	ii
BIOGRAFÍA	iii
AGRADECIMIENTOS	iv
ÍNDICE	v
Lista de tablas	vi
Lista de Figuras	vii
Lista de Abreviaturas	viii
RESUMEN	ix
ABSTRACT	x
1.INTRODUCCIÓN	1
1.1. Poblamiento de América	1
1.2. Poblamiento de Sudamérica	3
1.3. Movimiento trasandino entre la vertiente oriental y occidental de la cordillera de los Andes	8
1.3.1. Evidencia arqueológica y bioantropológica	9
1.3.2. Evidencia etnohistórica e histórica	17
1.3.3. Evidencia genética	22
2. HIPÓTESIS	24
3. OBJETIVOS	25
Objetivo general	25
Objetivos específicos	25
4. MATERIALES Y MÉTODOS	26
4.1. Muestra	26
4.2. Metodología	28
4.2.1. Caracterización haplotípica	28
4.2.2. Análisis estadísticos, estructuración genética y filogeografía	29
4.2.3. Evaluación modelos de migración con Migrate-n	30
4.2.4. Estimación tiempos de coalescencia y filogenias	33
5. RESULTADOS	35

5.1.	Caracterización haplotípica de ambas vertientes de los Andes.	35
5.2.	Análisis de diversidad genética, estructuración y flujo genético	47
5.2.1.	Índices de diversidad	47
5.2.2.	Estructuración y flujo genético	49
5.3.	Evaluación modelos de migración	64
6.	DISCUSIÓN	77
7.	CONCLUSIÓN	84
8.	REFERENCIAS	85
9.	ANEXOS	96
	ANEXO 1. Frecuencias de los haplogrupos de Chile y Argentina por Macrohaplogrupo	96
	ANEXO 2. PCA e histogramas	101
	ANEXO 3. Modelos de migración	103
	ANEXO 4. Reconstrucciones filogenéticas	106

Lista de tablas

Tabla 1.	Grupos formados según ubicación geográfica y latitudinal.	31
Tabla 2.	Frecuencias de los haplogrupos presente en Chile.	39
Tabla 3.	Frecuencias de los haplogrupos presentes en Argentina.	40
Tabla 4.	Índices de diversidad y Pruebas de Neutralidad.	48
Tabla 5.	AMOVA entre las poblaciones de la vertiente oriental y occidental de los Andes.	50
Tabla 6.	AMOVA calculado para el Grupo I.	50
Tabla 7.	AMOVA calculado para el GRUPO II	50
Tabla 8.	AMOVA calculado para el grupo III	51
Tabla 10.	Matriz del modelo de migración entre el Norte Grande de Chile y el Noroeste de Argentina	66
Tabla 11.	Resultados de las distribuciones posteriores para el Norte Grande Chile y el Noroeste de Argentina.	66
Tabla 12.	Número de Migrantes Efectivo entre el Norte Grande de Chile y el Noroeste de Argentina.	67
Tabla 13.	Matriz del modelo de migración con mejor puntaje entre la Región de	

Coquimbo, SF-LA, Santiago y el Centro Oeste de Argentina, junto a Córdoba y Buenos Aires.	70
Tabla 14. Resultados de las distribuciones posteriores para la Región de Coquimbo, Santiago y el Centro Oeste de Argentina, junto a Córdoba y Buenos Aires	70
Tabla 15. Número de Migrantes Efectivo entre la Región de Coquimbo, Santiago y el Centro Oeste de Argentina, junto Córdoba y Buenos Aires.	71
Tabla 16. Matriz del modelo de migración con mejor puntaje entre la zona Centro-Sur y Sur de Chile y la Patagonia Argentina	72
Tabla 17. Resultados de las distribuciones posteriores para el Centro-Sur y Sur de Chile y la Patagonia Argentina.	73
Tabla 18. Número de Migrantes Efectivo entre la zona Centro-Sur y Sur de Chile y la Patagonia Argentina	73
Tabla 22. Frecuencias del Macrohaplogrupo A	96
Tabla 23. Frecuencias del Macrohaplogrupo B	97
Tabla 24. Frecuencias del Macrohaplogrupo C	98
Tabla 25. Frecuencias del Macrohaplogrupo D	99
Tabla 26. Modelos evaluados en Migrate-n para el Grupo I	103
Tabla 27. Modelos evaluados en Migrate-n para el Grupo II	104
Tabla 28. Modelos evaluados en Migrate-n para el Grupo III	105

Lista de Figuras

Figura 1. Rutas de poblamiento de Sudamérica y del Cono Sur.	7
Figura 2. Línea de tiempo del periodo prehistórico de ambas vertientes de los Andes	11
Figura 3. Mapa del contexto arqueológico.	16
Figura 4. Mapa del contexto histórico..	21
Figura 5. Mapa de muestreo de D-loop.	27
Figura 6. Histogramas de distribución posterior..	32
Figura 7. Valores de likelihood dados por Migrate-n..	33
Figura 8. Frecuencias de los haplogrupos presentes en Chile.	36
Figura 9. Frecuencias de los haplogrupos presentes en Argentina.	38
Figura 10. Mapa de isofrecuencia de los haplogrupos A2 y A2(64)	42
Figura 11. Mapa de isofrecuencia de los haplogrupos B2 y B2b	42
Figura 12. Mapa de isofrecuencia del haplogrupo B2i2b	43
Figura 13. Mapa de isofrecuencia de los haplogrupos C1 y C1b	44
Figura 14. Mapa de isofrecuencia de los haplogrupos C1b13 y C1d1b.	44
Figura 15. Mapa de isofrecuencia de los haplogrupos D4h3a y D4h3a5..	45
Figura 16. Mapa de isofrecuencia del haplogrupo D1j..	46
Figura 17. Matriz de Fst	53

Figura 18. Neighbor-Joining con poblaciones de la vertiente oriental y occiednetal..	54
Figura 19. PCA con las poblaciones de la vertiente occidental y oriental de los Andes.	56
Figura 20. PCA con poblaciones mestizas y nativas de Chile.	57
Figura 21. Test de Mantel.	58
Figura 22. Test de Mantel del Grupo I.	59
Figura 23. Test de Mantel del Grupo II..	59
Figura 24. Test de Mantel del Grupo III.	60
Figura 25. Red haplotípica del haplogrupo C1d.	61
Figura 26. Red haplotípica del linaje D1j.	62
Figura 27. Red haplotípica del linaje D4h3a5.	63
Figura 28. Fst Grupo I.	65
Figura 29. Gráfico circular del Grupo I..	68
Figura 30. Gráfico circular del Grupo II.	71
Figura 31. Gráfico Circular del Grupo III.	74
Figura 32. Estimación tiempos de coalescencia..	76
Figura 33. PCA con las dimensiones 1 y 3 con poblaciones de las vertiente occidental y oriental de los Andes.	101
Figura 34. PCA con las dimensiones 2 y 3 con poblaciones de las vertiente occidental y oriental de los Andes.	101

Lista de Abreviaturas

AP: Antes del Presente
 CHA-MI-COR: Chaco-Misiones-Corriente
 col: colaboradores
 ka: miles de años
 Fig.: Figura
 NE-RN: Neuquén-Río Negro
 Par: Parámetro
 Prom: Promedio

RESUMEN

Desde la arqueología se ha descrito la existencia de redes de interacción entre la vertiente oriental y occidental de los Andes, por ejemplo, las rutas entre el Noroeste de Argentina y el Norte Grande de Chile, donde se movilizaban e intercambiaban productos (alucinógenos, cerámica, etc). Históricamente, también se han descrito procesos de migración por motivos bélicos, busca de mejores oportunidades económicas y comercio. Considerando los antecedentes arqueológicos e históricos se evaluó el flujo genético entre ambas vertientes usando marcadores de ADN mitocondrial. Se usaron alrededor de 2000 muestras argentinas publicadas y 2681 muestras chilenas del proyecto Fondecyt 1181889, de la región control del ADN mitocondrial. Se realizaron análisis para evaluar la estructuración poblacional y la migración con Migrate-n, software que permite evaluar la migración entre poblaciones. Los resultados muestran que Azapa-Camarones es genéticamente más cercano al Noroeste Argentino que al Norte-Semiárido chileno y la Patagonia argentina es más cercana al sur de Chile que a la Pampa argentina. Esto último se ve reflejado en el resultado de Migrate-n, ya que se observa que hay flujo migratorio entre el Centro-Sur y Sur de Chile y la Patagonia Argentina. Cabe mencionar que linajes que se describen exclusivos para Argentina Central (D1j y C1d1b) también se presentan en algunas poblaciones de Chile, aunque en menor frecuencia. Esto evidenciaría que la cordillera no fue una barrera para la movilidad humana.

ABSTRACT

Archeology has described the existence of interaction networks between the eastern and western slopes of the Andes, for example, the routes between the Northwest of Argentina and the Norte Grande of Chile, where products were mobilized and exchanged (hallucinogens, ceramics, etc). Historically, migration processes have also been described for war reasons, in search of better economic and commercial opportunities. Considering the archaeological and historical background, the genetic flow between both slopes was evaluated using mitochondrial DNA markers. Around 2000 published Argentine samples and 2681 Chilean samples from the Fondecyt project 1181889, from the control region of mitochondrial DNA, were used. Analyzes were carried out to evaluate population structuring and migration with Migrate-n, software that allows evaluating migration between populations. The results show that Azapa-Camarones is genetically closer to the Argentinian Northwest than to the Chilean Semi-Arid North and Argentinian Patagonia is closer to southern Chile than to the Argentinian Pampa. The latter is reflected in the result of Migrate-n, since it is observed that there is a migratory flow between the Central-South and South of Chile and Argentinian Patagonia. It is worth mentioning that lineages that are described as exclusive to Central Argentina (D1j and C1d1b) also occur in some populations in Chile, although at a lower frequency. This would show that the mountain range was not a barrier to human mobility.

1.INTRODUCCIÓN

1.1. Poblamiento de América

El continente americano fue uno de los últimos territorios en poblarse a partir de grupos provenientes de Siberia y del Este de Asia (De Saint Pierre, 2017; Fagundes et al., 2008; Moreno-Mayar et al., 2018). Estos grupos atravesaron Beringia (masa de tierra que conectaba Eurasia y América) entre los 23.000 y 20.000 años atrás durante el Último Máximo Glacial, evidenciado por el análisis de la data genética y genómica (Goebel et al., 2008; Llamas et al., 2016; Moreno-Mayar et al., 2018; Raghavan et al., 2015). Con el retroceso de los hielos que cubrían Norteamérica (Cordillerano) las poblaciones que se asentaron en Beringia entraron al continente americano por un corredor libre de hielo en el lado Pacífico, ubicado en los actuales territorios de Alaska y Yukón Occidental (Moreno-Mayar et al., 2018). En este territorio los grupos humanos se dividieron en dos ramas, una del norte y otra del sur, hace aproximadamente 17.500 y 14.600 años (Moreno-Mayar et al., 2018; Raghavan et al., 2015; Taylor et al., 2014). La Rama del Norte permaneció en el norte de Norteamérica mientras que la Rama del Sur se siguió expandiendo por el resto del continente siguiendo una ruta por la costa del Pacífico (Llamas et al., 2016; Moreno-Mayar et al., 2018; Reich et al., 2012).

En relación con la diversidad genética encontrada en América, analizando marcadores mitocondriales se observó que este continente presenta una menor diversidad en comparación

al resto, reteniendo sólo una fracción del pool genético mitocondrial (Perego et al., 2010; Wang et al., 2007). Los estudios sobre haplogrupos mitocondriales dan cuenta que algunos linajes se encuentran a lo largo de todo el continente americano (A2, B2, C1b, C1c, C1d, D1 y D4h3a), los cuales son considerados linajes fundadores maternos denominados pan-americanos (Bandelt et al., 2003; Fagundes et al., 2008; Tamm et al., 2007). De estos, D4h3a es considerado por algunos un linaje raro con una distribución restringida a las regiones de la costa del Pacífico, dando cuenta de la ruta seguida por la Rama del Sur (Kashani et al., 2012; Perego et al., 2009).

El estudio de ADN mitocondrial también evidencia que algunos linajes son geográficamente específicos, dando cuenta de periodos de aislamiento y flujo genético limitado entre diferentes grupos (Gómez-Carballa et al., 2018). De los linajes encontrados en América los haplogrupos A2a, A2b, D2a y D3 (D4b1a) se distribuyen en el norte de Norteamérica y en la región circumpolar, y los haplogrupos X2a, X2g y D4e1c se distribuyen exclusivamente en Norteamérica (Kumar et al., 2011; J. M. Motti, 2012; Perego et al., 2009). Respecto a X2a, no se ha encontrado su ancestro en Asia por lo que se sugiere que este se perdió al momento de entrar a Beringia, probablemente por deriva genética (Kumar et al., 2011; Perego et al., 2009).

Otro linaje descrito dentro de América es C4c, definido como un linaje pan-americano más tardíamente que A2, C1b, D1, etc. (Motti 2012). Es un clado hermano de los linajes asiáticos C4a y C4b con un periodo de divergencia de 13.800 ± 3.800 años atrás (Kashani et al., 2012). C4c se ha encontrado en individuos de Colombia (Tamm et al., 2007) y del Centro-Oeste de Argentina

(Motti 2012) y sus derivados C4c1 y C4c2 en individuos de Estados Unidos y Canadá (Kashani et al. 2012). Tashani y col (2012) al observar las similitudes de la distribución geográfica de C4c y X2a, proponen que pudieron llegar juntos desde Beringia entrando a América del Norte por el corredor libre de hielo entre las masas de hielo Laurantide y Cordillerano.

1.2. Poblamiento de Sudamérica

La expansión de la Rama del Sur fue temprana y rápida llegando al norte de Sudamérica entre los 16.000 y 15.000 años atrás (Figura 1), tomando alrededor de 1.400 años que los grupos que salieron de Norteamérica llegaran al extremo sur del continente (Llamas et al. 2018; Moreno-Mayar et al.2018). Esta expansión temprana es abalada por los fechados radiocarbónicos y los análisis cuantitativos de restos arqueológicos de diferentes sitios de Sudamérica, como Lapa do Santo en Brasil, que fue ocupado entre los 12.700-11.700 años calibrados AP (Antes del Presente) y los 8.300-8.000 años calibrados AP (Strauss et al., 2016), Huaca Prieta (Región Central de los Andes, Perú), Arroyo Seco 2 (Pampa del Sur, Argentina) y Monte Verde II (Sur de los Andes, Chile), este último con una datación entre los 14.000-12.000 años AP basada en restos arqueológicos (Dillehay et al., 2008, 2015). Estos sitios estarían sugiriendo que la primera llegada humana ocurrió entre los 16.600 y 15.100 años calibrados AP (Prates et al., 2020). Brandini y col (2017) propone algo similar, ya que al analizar el linaje B2b (presente en Norteamérica y Sudamérica) obtuvo edades estimadas de coalescencia que indicarían que poblaciones tempranas de cazadores-recolectores se movieron desde

Norteamérica hasta lo que hoy es Ecuador y Perú en alrededor de 1.500 años entre los 16.000 y 14.600 años atrás. Los grupos cazadores recolectores que siguieron una ruta por la costa del Pacífico, al llegar a los Andes se dividieron y difundieron en dos grupos, uno siguiendo la ruta costera del Pacífico y el otro siguiendo la ruta costera por el Atlántico (Reich et al. 2012, Gómez-Carballa et al. 2018). Respecto a las poblaciones que siguieron la ruta por la costa del Pacífico, poblaron lo que hoy se conoce como zona Andina la que tuvo un rol importante en el poblamiento de Sudamérica, ya que sirvió como barrera entre el lado Pacífico y Atlántico del Cono Sur, y también experimentó un aumento de diversidad genética por el aislamiento debido a la geografía de Los Andes (Gómez-Carballa et al. 2018).

La división de las poblaciones (Pacífico/Atlántico) se pone en evidencia al analizar la data genómica, ya que los grupos que se ubican cercanos a la costa del Pacífico se diferencian de los cercanos al Atlántico, debido al limitado flujo genético desde la divergencia inicial (Reich et al., 2012). Ejemplo de esto es lo mencionado anteriormente, donde el linaje mitocondrial D4h3a se observa con mayor frecuencia en la costa del Pacífico mientras que en el lado Atlántico se encuentra escasa o nualmente (Perego et al. 2009). Desde la arqueología, en la costa del Pacífico se han encontrado varios sitios arqueológicos, como Huaca Prieta (Perú), Las Vegas (Ecuador) y Quebrada de las Conchas (Chile) (Dillehay et al., 2012; Miotti, 2006; Prates et al., 2020), lo mismo sucede en la costa del Atlántico, donde también se han encontrado sitios cercanos, por ejemplo, Los Toldos, Arroyo Seco 2, Piedra Museo, entre otros con fechados que rondan la transición Pleistoceno-Holoceno con dataciones alrededor de los 11.000 años AP, avalando la

ruta Atlántica (Miotti, 2006).

En Argentina, mediante el análisis de exomas completos de poblaciones amazónicas se observó que las poblaciones del sudeste de Brasil y norte argentino son genéticamente más cercanas a poblaciones del Amazonas que de los Andes, por lo tanto, se propone que la ocupación del sudeste del continente fue producto de migraciones desde la región del Amazonas (Ribeiro-dos-Santos et al., 2020). Para la región pampeana de Argentina, se propone que fue poblada por una ruta Atlántica o por el interior, y que no tuvo influencia de poblaciones del lado del Pacífico debido a la presencia de grandes bloques de hielo durante el Último Máximo Glacial en la cordillera de los Andes, por lo que los cruces no eran aptos para humanos (Roca-Rada et al., 2021). Además, se ha propuesto que la zona Central de Argentina (Provincia de Santiago del Estero, Córdoba y San Luis) fue parte del proceso general del poblamiento del Cono Sur, y pudo ser un centro de origen y dispersión de muchos linajes, debido a la gran diversidad de clados locales (Gómez-Carballa et al., 2016).

Para la Patagonia se ha propuesto que su ocupación fue temprana, entre los 16.000 y 13.000 años atrás, con diferentes periodos de ocupación propuestos en base a la densidad de fechados radiocarbónicos (Perez et al., 2016). Entre los 16.000 y 14.000 años atrás los sitios se concentraron en la costa del Pacífico. En el siguiente periodo (hace 14.000-12.000 años) la costa Atlántica también presenta evidencia de ocupación, particularmente en el sudeste de la Pampa, Noreste de Santa Cruz y a ambos lados del Estrecho de Magallanes. Durante el siguiente periodo

(entre los 12.000 y 8.000 años atrás) el interior del continente comenzó a ser poblado, lo que se evidencia en sitios del Noroeste de la Patagonia y de las llanuras centrales de Santa Cruz. Entre los 8.000 y 4.000 años atrás grupos humanos comenzaron a ocupar la parte más al sur de los Andes y la densidad de ocupación de Tierra del Fuego comenzó a aumentar (Pérez et al. 2016). Para las temporalidades ya mencionadas se han datado varios sitios a lo largo de la Patagonia, como Monte Verde (Dillehay et al., 2008), Piedra Museo con una datación de 10.925 ± 65 AP (Cattaneo, 2005) y la Cueva Lago Sofía con dataciones de 11.570 ± 60 AP (Prieto et al., 1991).

En relación con la diversidad mitocondrial encontrada en Sudamérica, se han descrito algunos linajes que son específicos de algunas zonas, por ejemplo, B2ai se encuentra en los Andes de Perú y Bolivia, y B2aj en los Andes argentinos (Gómez-Carballa et al., 2018). D1j con una fecha de coalescencia aproximada de 15.000 años atrás se ha descrito en la zona central de Argentina al igual que C1d1b (García et al., 2012, 2021; Roca-Rada et al., 2021). Para la Patagonia tanto chilena como argentina se ha descrito la presencia de B2i2, C1b13, D1g y D4h3a5, los dos primeros con fechas de coalescencia entre los 10.000 y 15.000 años atrás (De Saint Pierre, Bravi, et al., 2012; De Saint Pierre, Gandini, et al., 2012) y D4h3a1 y D4h3a2, en el sur de Chile (Perego et al. 2009).



Figura 1. Rutas de poblamiento de Sudamérica y del Cono Sur. Se muestran las rutas de poblamiento de Sudamérica y del Cono Sur según la literatura revisada. En azul se muestra la ruta por la costa del Pacífico y en Verde la ruta del Atlántico. Las líneas más cortas en rojo y verde corresponden a las posibles rutas que se usaron para poblar el centro de Argentina. Se señalan algunos sitios encontrados en el lado Pacífico y Atlántico con dataciones tempranas. También se muestran algunos haplogrupos que son específicos para el extremo del Cono Sur, B2i2, C1b13, C1d1b, D1g, D1j, D4h3a. ka AP: mil años Antes del Presente.

1.3. Movimiento trasandino entre la vertiente oriental y occidental de la cordillera de los Andes

La Cordillera de los Andes es una cadena montañosa que se extiende latitudinalmente desde los 11°N en el Norte de Colombia a los 55°S en el sur de Chile y Argentina (Masiokas et al., 2020). Comenzó su levantamiento hace no más de 25 a 30 millones de años (Seyfried et al., 1998). El Sur de los Andes (17,5°-55°S) cubre más de 4.500 kilómetros desde el Norte de Chile al extremo sur de Sudamérica en Tierra del Fuego (Figura 3). Este territorio se divide en Los Andes Secos (Dry Andes, 17,5°-35°S) que incluye el Desierto (17,5°-31°S) y los Andes Centrales (31°-35°S), y Los Andes Húmedos que se divide en Norpatagonia (35°-45,5°S) y Surpatagonia (45,5°-55°S) (Masiokas et al., 2020).

En la Patagonia se tienen registros de periodos de glaciación y desglaciación desde aproximadamente los 60.000 años atrás (Caniupán et al., 2011; Davies et al., 2020; Rabassa et al., 2011). Para el final del Cenozoico (Pleistoceno-Holoceno), se tiene registro del avance de los hielos patagónicos en los periodos de Inversión del Frío Antártico (ACR por sus siglas en inglés, 14.600 a 12.800 años atrás) y en la transición del Pleistoceno Tardío-Holoceno Temprano hace 12.000-10.000 años (Davies et al., 2020). Debido a la presencia de los bloques de hielo y las condiciones climáticas durante el Holoceno Temprano (11.500 años AP- 8.000 años AP), estas poblaciones que se asentaron tanto del lado oriental como occidental de la cordillera pudieron tener una movilidad limitada, incluso limitando la movilidad de grupos fuera de la Patagonia, por ejemplo, de La Pampa Argentina, a que llegarán a estos territorios (Roca-Rada et al., 2021). Ya

desde los 9.000 años AP el paisaje, tanto la flora como la fauna, y los glaciares comenzaron a asemejarse a lo que se ve en la actualidad (Rabassa et al., 2011).

1.3.1. Evidencia arqueológica y bioantropológica

Estudios arqueológicos en el Norte de Chile muestran que una de las aldeas más antiguas ubicada en la Quebrada de Tulán (Figura 2), al sureste del Salar de Atacama con una datación desde los 4.580 ± 90 años cal AP (Núñez et al., 2016), muestra evidencia de interacción con el desierto de Atacama y el Noroeste Argentino mediante circuitos de movilidad caravanera en la que trasladaban alfarería, plantas psicotrópicas, pipas, etc. Alrededor del 1.500 a.C. (3.000 años cal AP) producto de la intensificación productiva y participación en el tráfico de bienes, Tulán se convirtió en un eje de articulación importante en el Formativo de la región atacameña (Castro et al., 2017). En el sitio 02Tu002 vegas de Turi, ubicado dentro del Formativo Tardío (100-400 d.C., Figura 3) en la cuenca del río Salado (Región de Antofagasta), se identificaron fragmentos cerámicos originarios de Argentina y sur de Bolivia (Castro et al., 1994). Dentro de los estilos alfareros foráneos que se identificaron se encuentra Vaquerías, caracterizado en el Noroeste Argentino y que estaría dando cuenta del papel de vegas de Turi en la red de intercambio e interacción entre las comunidades del altiplano boliviano, el Noroeste Argentino, el Salar de Atacama y el Río Loa, siendo vegas de Turi un punto nodal entre estas zonas (Tarragó, 1989, como se citó en Castro et al., 1994), situación similar a lo observado en Tulán. Para la misma zona, el estudio de Tarragó (1977) analizó la cerámica presente en los sitios Quitor 5 y 6 ubicados al norte de San Pedro de Atacama, correspondientes al periodo Quitor datado entre los

400 y 700 años d.C. (1.550-1.250 cal AP). El estudio da cuenta que la cerámica encontrada en San Pedro de Atacama presenta un estilo similar al llamado "Isla" de la Quebrada de Humahuaca (Provincia de Jujuy, Argentina) que esta datado entre el 700 y 1000 d.C. (Cremonte & Pereyra, 2013; Tarragó, 1977). Los sitios mencionados evidenciarían que la movilidad e intercambio entre los oasis de San Pedro de Atacama y la Quebrada de Humahuaca se estableció desde épocas tempranas (Tarragó, 1977). Asimismo, en distintos pueblos del Noroeste argentino se han encontrado vasijas negras bruñidas, clásicas de Atacama (Hernández Llosas & Núñez Atencio, 2006), lo que daría cuenta que poblaciones de ambas vertientes se movilizaban y con ellos sus productos.

Uno de los bienes que contribuyó al establecimiento de las redes de interacción fue el cebil, sustancia alucinógena proveniente del árbol del cebil que crece en la selva pedemontana o de transición en las Yungas (Hernández Llosas & Núñez Atencio, 2006) y que fue usada en contextos rituales y como forma de acercarse a las divinidades (Núñez, 1994). Estas prácticas estuvieron relacionadas con los sistemas ideológicos y religiosos de cada pueblo de diversas maneras, por lo que el cebil, viajando desde las Yungas hacia los Andes, jugó un papel importante en el desarrollo de las sociedades andinas y en la conexión entre la vertiente oriental y occidental de los Andes (Hernández Llosas & Núñez Atencio, 2006).

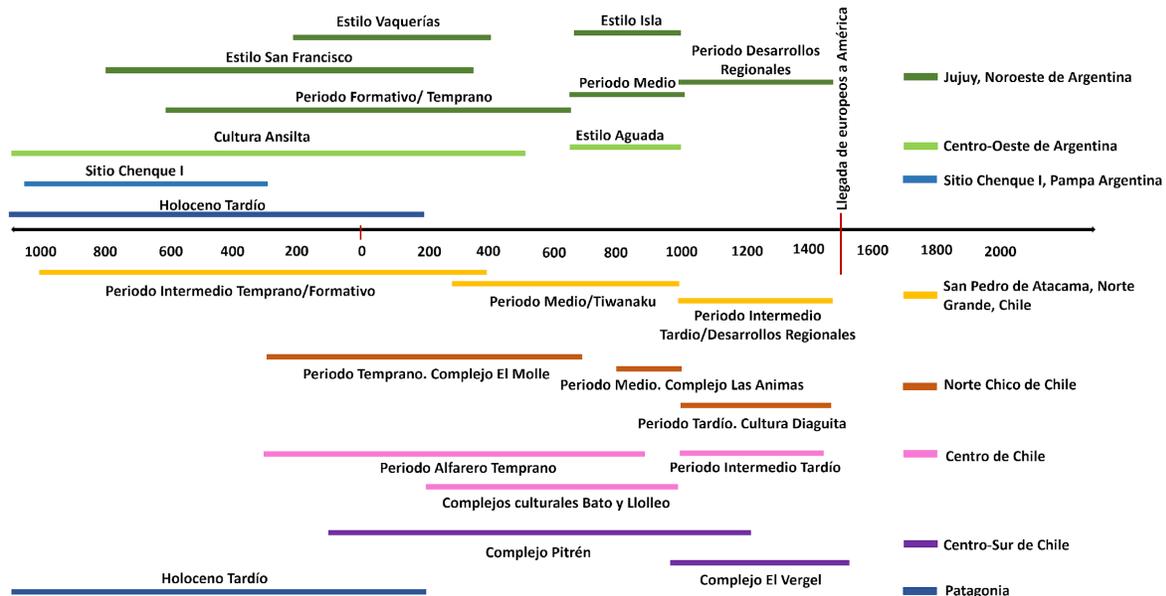


Figura 2. Línea de tiempo del periodo prehistórico de ambas vertientes de los Andes. En la línea de tiempo se muestran los periodos descritos por la arqueología para los territorios de San Pedro de Atacama, Norte Chico, Centro y Centro Sur de Chile y para los territorios del Noroeste y Centro Oeste de Argentina. En el caso de la Patagonia, la temporalidad descrita es para la Patagonia chilena y argentina.

Dentro de estas redes de intercambio algunos autores (Costa et al., 2009; Núñez, 1994) mencionan que las mujeres también se movilizaban. Evidencia de esto es la presencia de cuatro individuos femeninos en el cementerio arqueológico de Coyo (San Pedro de Atacama). Los individuos encontrados estaban infectados con Leishmaniosis, enfermedad polimórfica causada por más de 30 especies de protozoos del género *Leishmania* y con una distribución dependiente del clima, la geografía y la altitud (Costa et al., 2009). Debido a las condiciones climáticas de San Pedro de Atacama el parásito no podría sobrevivir en este lugar, por lo tanto, Costa y col (2009) proponen que los individuos infectados pudieron ser nativos de zonas en que el parásito sí es endémico (lado oriental de los Andes), y luego de haberse contagiado viajaron al desierto de San

Pedro de Atacama donde fueron recibidos y se establecieron hasta morir. Esta situación podría estar dando cuenta de la movilidad de mujeres para el establecimiento de alianzas, instaurando lazos de parentesco no consanguíneos o políticos en la zona Andina y contribuyendo al establecimiento de redes de interacción (Costa et al., 2009; Núñez, 1994). Los circuitos y redes de intercambio que se generaron en el Periodo Formativo del Norte grande de Chile quedaron establecidos y se utilizaron hasta la llegada de los españoles 1500 años después (Hernández Llosas & Núñez Atencio, 2006).

Descendiendo por ambas vertientes, Renard (1997) menciona que pudo existir contacto prehispánico entre el Norte Chico de Chile y el Centro-Oeste de Argentina, ya que los patrones textiles de mantas, gorros, etc., encontrados en los sitios de las zonas ya mencionadas presentan similitudes. Además, el autor menciona que el paso de San Francisco ubicado en Catamarca pudo ser uno de los pasos por los cuales estos grupos pudieron transitar. Dentro de las zonas geográficas mencionadas se ubican el Valle de Copiapó (Chile) y el Valle de Vinchina (La Rioja, Argentina), en los que se han encontrado restos cerámicos de la entidad Aguada y del Complejo Animas respectivamente. El análisis de estos restos evidencia que en el Período Medio existió interacción entre estos valles y que fue más intenso que en el periodo Temprano y Tardío. Además, los pasos cordilleranos Peña Negra, Come Caballos, Pircas Negras y Paso de la Quebrada Seca pudieron ser claves en el tránsito transversal entre ambos lados de la cordillera por su menor altitud en comparación a otros cerros (Callegari, 1997).

Para la zona central de Chile (desde el río Aconcagua al río Bío Bio), se propone que el tramo entre los valles del río Aconcagua y Cachapoal tuvo un rol en la conformación de las relaciones trasandinas. Por ejemplo, en el curso superior del río Putaendo se han encontrado restos de alfarería con rasgos similares a los desarrollos Punta del Barro y Calingasta característicos de la provincia de San Juan, además se han encontrado similitudes con restos del Norte Chico de Chile y que son contemporáneos al Período Temprano de Chile central (Pavlovic, 2000). En el sitio el Cebollar, ubicado en el sector de Llay-Llay, se observa una situación similar a la del río Putaendo, ya que se encontraron restos cerámicos semejantes morfológicamente a los restos de los contextos tempranos del Centro-Oeste argentino y del Norte Chico de Chile (Hermosilla et al., 2004).

Otro punto importante para la interacción y tránsito humano de este-oeste o viceversa fue el paso del Maipo, debido a su menor altitud, menor gradiente y mayor amplitud en comparación a otras zonas de los Andes (Cornejo & Sanhueza, 2011). En este paso cordillerano se han encontrado restos cerámicos y de obsidiana, que estarían dando cuenta que poblaciones llegaron al Maipo pudiendo atravesar la cordillera y llegar a las cuencas de los ríos El Diamante y Atuel en la provincia de Mendoza (Cornejo & Sanhuesa, 2011). Ejemplo de lo anterior es el sitio El Indígena, ubicado a los 3300 msnm en la región cuyana (Centro-Oeste) de Argentina, y en el que se han encontrado restos cerámicos con rasgos similares a los de tipo Llolleo del Período Alfarero Temprano desarrollado entre los años 200 y 1.000 d.C. (Sanhueza et al., 2004) y algunos con similitudes a la tradición Aconcagua Salmón (Falabella et al., 2001), que se configuró “entre

la ribera sur del valle del río Aconcagua por el norte y el río Cachapoal por el sur” (Falabella et al., 2017), ambos estilos característicos de Chile Central (Falabella et al., 2017). Junto a la alfarería, otro material que da cuenta de la existencia de redes de interacción transcordilleranas es la obsidiana, que presenta una amplia distribución y cuya procedencia se asocia a el arroyo El Pehuenche por el lado argentino y a la Laguna El Maule en Chile (Berón et al., 2012; Durán et al., 2004).

Otra evidencia de contacto transcordillerano es la publicada por Berón y col (2012, 2017), que al estudiar el sitio Chenque I (1.050-320 años AP), cementerio de cazadores recolectores ubicado en el Parque Nacional Lihué Calel (La Pampa, Argentina), da cuenta de la presencia de dos poblaciones distintas, debido a las diferencias morfológicas, en el tipo de entierro (Berón et al., 2007, 2012; Berón & Luna, 2007) y en los valores de Oxígeno ($\delta^{18}\text{O}$) observados. Respecto a este último, del total de individuos analizados, dos presentan valores similares a lo observado en la vertiente occidental de Los Andes (Berón et al., 2013). Además, al comparar el sitio Chenque I con Villa JMC-1, cementerio del período Alfarero Temprano datado en 1060 ± 40 años AP ubicado en la provincia de Cautín (Región de La Araucanía, Chile), se propone que pudo existir interacción entre ambos sectores por la presencia de piezas elaboradas con motivos decorativos similares y a la asociación de un individuo en Chenque I con un aro con decoración campaniforme del lado occidental de la cordillera (Berón et al., 2012). Toda esta evidencia estaría dando cuenta que antes de la llegada de los europeos “los pasos cordilleranos han sido vías de movilidad, interacción e intercambio de bienes y personas” (Salazar & Berón, 2013).

Respecto a la interacción entre el Centro-Sur de Chile y la Patagonia Norte de Argentina, se menciona que el complejo alfarero Pitrén originalmente descrito para la región Centro-Sur de Chile, también se describe en algunas localidades de Argentina a latitudes similares como es el caso de la provincia de Neuquén (Adán et al., 2017; Pérez et al., 2012). Otra evidencia de las redes de interacción entre lo que sería la Araucanía y Patagonia del Norte, es la presencia de moluscos bivalvos endémicos del Océano Pacífico en sitios del lado oriental, como es el caso del sitio El Trébol en el que se data su presencia desde el 5.600-5.800 años AP y en niveles cerámicos de otros sitios (Hajduk et al., 2011). Además, entre el sur de Chile (desde el seno de Reloncaví) y la Patagonia Argentina se ha descrito la existencia de posibles pasos fronterizos, por ejemplo, El Manso/El León, en el que se ha encontrado arte rupestre en varios puntos que pudo funcionar como demarcador de una ruta previamente conocida y que podría dar cuenta de la existencia de un corredor entre el lado oriental y occidental de los Andes permitiendo la interacción entre grupos de ambos lados de los Andes. Además del arte rupestre la presencia de objetos como el toki, esculturas de bulto en piedra pulida, encontrado en sitios tanto chilenos como argentinos pueden considerarse como indicador de la circulación transcordillerana (Bellelli et al., 2008).



Figura 3. Mapa del contexto arqueológico. En el mapa se muestra la división de los Andes entre los 17,5° y 55°S. Se señalan algunos de los sitios arqueológicos (en rojo) con evidencia de contacto entre las vertientes oriental y occidental de los Andes, en algunos se describen las dataciones en ka AP (mil años Antes del Presente) y la altitud en msnm (metros sobre el nivel del mar). Se señalan los posibles pasos fronterizos (en verde) usados por los grupos indígenas con sus altitudes en msnm.

1.3.2. Evidencia etnohistórica e histórica

Con los periodos de conquista y colonización se vivieron una serie de procesos que fueron dando origen a las poblaciones actuales y a la forma de interactuar entre estas. Para el Norte de Chile en la época colonial se inauguró la arriería, que consiste en el transporte de productos, bienes, y ganado, en este caso entre el desierto, puna de Atacama y el Noroeste de Argentina (Molina Otárola, 2011). Esta movilidad permitió el contacto y la articulación económica que pudo ser respaldada por relaciones de parentesco. En el siglo XVII, las conexiones entre la puna atacameña y los valles santamarianos del Noroeste Argentino se reforzaron con la colonización de tributarios provenientes de los ayllus de San Pedro de Atacama, sumado al traslado de indígenas de otras zonas circumpuneñas. Esta actividad arriera se mantuvo hasta el siglo XIX y continuo, aunque de forma intermitente, hasta el siglo XX por el traslado de ganado desde Argentina para abastecer a las zonas mineras de Chile (Molina Otárola, 2011).

Respecto a la minería desarrollada en el Norte de Chile, a inicios del siglo XX individuos de diferentes puntos de Argentina, generalmente de la puna y valles del Noroeste Argentino, se movilizaron a la región de Antofagasta para realizar actividades vinculadas a la minería del salitre y al comercio. Estos grupos se movilizaban mayormente hacia los nodos urbanos y mineros de Chuquicamata y Calama (Figura 4). Como se mencionó anteriormente, se trasladaba ganado desde el Noroeste Argentino para abastecer a los nodos mineros, ya sea como alimento o como fuerza de trabajo, especialmente entre los años 1915 y 1930, período en que el salitre tuvo su mayor auge (González, 2011).

Para la región cuyana (Centro-Oeste) de Argentina y Chile, Hevilla (1999) menciona que la interacción pudo iniciar durante la colonización de América debido a la falta de mano de obra en Chile. La falta de mano de obra implicó la movilización de grupos indígenas, ejemplo de ello es lo sucedido con los huarpes que habitaban los actuales valles de San Juan y Mendoza, y que fueron desplazados a lo que actualmente es Santiago, La Serena y Coquimbo. Al igual que lo observado en el norte durante el siglo XVII la relación entre Cuyo y Chile continuó y se basó principalmente en el comercio transcordillerano de ganado. Esta relación continuó en distinto grado hasta el siglo XX entre la localidad de Jáchal (San Juan, Argentina) y el Norte Chico de Chile, principalmente Coquimbo, ya que desde el lado argentino se abastecía de carne a la industria minera chilena (Hevilla, 1999). Respecto al intercambio entre grupos nativos de lo que hoy es Mendoza y Chile, hay registro de que en el siglo XVII existía una relación basada en el intercambio de bienes, que se fue modificando durante los siglos XVIII y XIX por la presencia de europeos en América y la conformación de los Estados de Chile y Argentina, que vino de la mano con el desarrollo de distintas reformas económicas (Cantarelli, 2007; Maíz, 2007).

En el sur de Chile, hay registros etnohistóricos, que dan cuenta que desde el siglo XVI ya existían transacciones transcordilleranas, donde los puelches bajaban de los Andes a Chile para intercambiar mantas y plumas de ñandú (Berón et al., 2017). Al igual que en el norte y centro de Chile, el intercambio de ganado también fue relevante, contribuyendo a la conformación de redes indígenas y económicas entre ambos lados de la cordillera de lo que hoy sería la Pampa,

Norpatagonia y Sur de Chile (De Jong, 2014). Durante los siglos XVII-XX el corredor Araucanía-Comahue, ubicado entre el paso fronterizo Pino Hachado y Cardenal Antonio Samoré, cobró relevancia en la interacción entre grupos nativos de la zona y posteriormente entre españoles y mestizos, ya que es un sector de la cordillera de baja altura con gran presencia de entradas o brechas estrechas llamadas boquetes, lo que facilitó el desplazamiento de grupos humanos y de ganado, ayudando al establecimiento de redes comerciales (Sanhueza Díaz et al., 2019).

Además de las interacciones generadas por la transacción de bienes, las guerras y conflictos bélicos ocurridos en el siglo XIX también contribuyeron al desplazamiento de grupos indígenas como los mapuches, ya sea para apoyar a sus vecinos o para huir de los genocidios cometidos contra estos grupos (De Jong, 2014). Dentro de los conflictos bélicos ocurridos en el siglo XIX encontramos la Guerra de Pacificación de la Araucanía y la llamada Campaña del Desierto, ambas con el objetivo de conquistar territorios habitados por grupos indígenas. La primera ocurrió entre 1862 y 1883 en territorio chileno, para la que se desplazaron principalmente militares, algunas familias y comerciantes a la frontera entre el Estado Chileno y el pueblo mapuche (Órdenes Delgado, 2018). La segunda ocurrió entre los años 1870 y 1890 y buscaba conquistar los territorios de la Pampa Central y la Patagonia Argentina, para la cual también se movilizaron tropas con el fin de desplazar y reestructurar a las poblaciones de la pampa y la Patagonia (Escolar et al., 2015).

En el siglo XX, a pesar de estar instaurada la idea de Estado-Nación tanto en Chile como en Argentina, y a la presencia de fronteras junto al establecimiento de aduanas, grupos de ambas vertientes seguían desplazándose a través de la cordillera, pero cada vez con más dificultad (Maíz, 2007; Sanhueza Díaz et al., 2019). La movilidad entre ambos países se debió principalmente a los conflictos políticos y económicos como la dictadura militar en Chile, el Conflicto del Beagle y la crisis económica en Argentina durante los años 1987 y 1989 (Sanhueza Díaz et al., 2019). Un ejemplo de esto es la comunidad de Escorial conformada por familias de ancestría mapuche, ubicada en los faldeos del Volcán Llaima (Provincia de Cautín, Chile). En busca de estabilidad económica y ofertas laborales comenzaron a migrar en los años 60 a centros urbanos como Santiago para trabajar. Luego en los años 70 un grupo se desplazó a la Provincia de Neuquén (Argentina) para realizar labores forestales, agrícolas, entre otras (Gundermann et al., 2009).

Otro ejemplo de movilidad es el de la población de Chiloé, quienes desde 1843 llegaron a la actual región de Magallanes y poblaron las localidades de Puerto Toro, Porvenir, Puerto Pratt y Puerto Natales, con el objetivo de tener mejores oportunidades laborales (Jorquera Navarro & Jaramillo Rojas, 2020). Con este mismo objetivo también migraron hacia la Patagonia Argentina, ya sea para realizar actividades pastoriles, mineras o petrolíferas. En algunos casos se devolvían a Chiloé cuando el periodo de trabajo finalizaba y en otros se quedaban permanentemente en Argentina debido a las mayores oportunidades laborales (Saldívar Arellano, 2018).

Los casos aludidos y otros dan cuenta de lo mencionado por Jorquera (2016), quien menciona que la migración chilena se explica mayoritariamente por el traslado del campo a la ciudad, producto de los procesos de industrialización y urbanización. Por lo que las migraciones son respuestas al devenir socioeconómico y a la intervención del Estado en algunas zonas para retener población.



Figura 4. Mapa del contexto histórico. En el mapa se señalan localidades de Chile y Argentina, junto a algunas provincias de este último, que tuvieron relevancia durante el apogeo de la minería en Chile y en el comercio de ganado desde Argentina a Chile para abastecer a los principales nodos mineros.

1.3.3. Evidencia genética

Desde la genómica, Luisi y col (2020) observan que el Sur de Argentina comparte un componente de ancestría nativa americana con grupos de Chile Central (Huilliche y Pehuenche) y la Patagonia Chilena (Yamana, Chono, Chilote y Kaweskar). En el Noroeste Argentino se

observa un componente de los Andes Centrales y también de los Bosques Tropicales y Subtropicales. Para el Noreste de Argentina se observa un mayor componente de los Bosques Tropicales y Subtropicales, y una baja proporción de los componentes de Chile Central, Patagonia Chilena y de los Andes Centrales (Luisi et al., 2020). Respecto a la Patagonia Argentina, Nakatsuka y col (2020) llegan a un resultado similar a lo mencionado por Luisi y col (2020), ya que no encontraron evidencia de intercambio genético con grupos de Argentina fuera de la Patagonia, como es la Pampa, pero si se observó que hay migración de Chile Central hacia la Patagonia Argentina.

Con el uso de marcadores mitocondriales García y col (2021) observan que, al aumentar la resolución de las secuencias mitocondriales completas Argentina Central (definido por los autores como el territorio conformado por la provincia de Córdoba, las Sierras de San Luis y el suroeste de Santiago del Estero) no comparte los mismo subhaplogrupos con la Patagonia Argentina, por lo que la relación entre estas zonas sería limitada. Con el mismo marcador, pero usando la región control (D-loop), se observa que el linaje D1j, a pesar de que se encuentra principalmente en Argentina Central, también se encuentra con baja frecuencia y con presencia localizada en Chile, lo que puede deberse a un flujo genético reciente en la prehistoria tardía o en tiempos históricos (García et al., 2012). Además, la presencia de los linajes B2i2 y C1b13 con un origen en el Cono Sur podrían dar cuenta de posibles movimientos migratorios trasandinos, ya que se encuentran tanto en la Patagonia argentina como en el Sur y Extremo sur de Chile, pero con frecuencias y distribuciones distintas (De Saint Pierre, Gandini, et al., 2012). Además, el

estudio de Postillone et al. (2014), da cuenta de que la Puna Jujeña si pudo tener contacto con el Norte de Chile, ya que la distancia genética entre Agua Caliente (Puna de Jujuy, Argentina) y los Valles de Azapa-Lluta-Camarones (Norte de Chile) es menor (0.001), mientras que la distancia entre los valles del Norte de Chile y los sitios Los Amarillos (Quebrada de Humahuaca, Jujuy) y Pampa Grande (Salta) es mayor (Postillone et al., 2014).

Debido a que los estudios nombrados anteriormente se enfocan en la composición genética y en la estructura poblacional, surge la duda de cómo es la migración a diferentes latitudes entre la vertiente occidental y oriental de los Andes. Además, se quiere analizar la interacción de estos territorios a nivel genético para discutir los antecedentes arqueológicos e históricos.

2. HIPÓTESIS

Hay evidencia arqueológica de la existencia de redes de movilidad e intercambio de materias primas, como obsidiana, textiles y cerámica, desde tiempos prehispánicos entre la zona Norte de Chile y el Noroeste argentino, al igual que entre el centro de la vertiente occidental (Chile) y la

zona Centro-Oeste de la vertiente oriental de los Andes (Argentina). A esto se suman los registros de contacto histórico entre grupos nativos de la zona sur (araucanos) con la zona norte de la Patagonia argentina (Neuquén y Río Negro). Además, se han observado similitudes genéticas en algunas zonas, por ejemplo, el sur de Chile y sur de Argentina que comparten los haplogrupos B2i2, C1b13 y D1g.

Considerando los puntos mencionados se propone como hipótesis que: **Ha existido movilidad y flujo genético transcordillerano entre grupos humanos de la vertiente oriental y occidental de la cordillera de Los Andes durante el Holoceno.**

3. OBJETIVOS

Objetivo general

Evaluar la movilidad transandina y flujo genético entre la vertiente oriental y occidental de los Andes latitudinalmente mediante el uso de marcadores de herencia uniparental materna.

Objetivos específicos

- 1.- Caracterizar la diversidad haplotípica de las poblaciones del lado oriental y occidental de Los Andes mediante el uso de marcadores de la región control (D-loop) del ADN mitocondrial
- 2.- Comparar la diversidad genética de la vertiente oriental y occidental de Los Andes obtenida del análisis de secuencias de D-loop
- 3.- Analizar las relaciones y el nivel de flujo genético a distintas latitudes entre las poblaciones del lado este y oeste de la cordillera de los Andes mediante marcadores de herencia uniparental materna.

4. MATERIALES Y MÉTODOS

4.1. Muestra

Para este trabajo se utilizaron secuencias de la región control (D-loop) del ADN mitocondrial, 2096 de la vertiente oriental (Argentina) obtenidos de la literatura (Bobillo et al., 2010; Cardoso et al., 2013; Catelli et al., 2011; J. M. Motti, 2012; Postillone et al., 2019; Sala et al., 2018, 2019;

Sala & Corach, 2014) y 2681 secuencias de la vertiente occidental (Chile) obtenidos del Fondecyt 1181889. En la Figura 5 se muestran los puntos de muestreo tanto de Chile como de Argentina junto al n (tamaño muestral) de cada una. Jujuy se dividió según zona geográfica en Puna, Quebrada y Valle-Selva (Cardoso et al., 2013) con el fin de poder tener una mejor resolución de la distribución de los linajes mitocondriales, ya que Quebrada limita con Bolivia y Valle-Selva con Salta. Las provincias argentinas con n inferior a 50 se agruparon junto a otras en base a las regiones geográficas descritas para Argentina y a la cercanía con otras provincias, como es el caso de:

- Chaco, Misiones y Corrientes (CHA-MI-COR)
- Neuquén y Rio Negro (NE-RN)

Para algunos análisis se añadieron muestras de la zona Andina de Bolivia con D-loop completo (Sandoval et al., 2013) y muestras de San Felipe-Los Andes con D-loop parcial (Pezo et al., 2022).



Figura 5. Mapa de muestreo de D-loop. En el mapa se señala la ubicación de las ciudades chilenas y provincias argentinas junto al tamaño poblacional de cada una entre paréntesis (). Las muestras corresponden a secuencias de D-loop completa, en el caso de San Felipe-Los Andes (SF-LA) las secuencias son parciales. En azul y cursiva se señalan las poblaciones que solo se usaron en los análisis de Migrate-n

Junto a las secuencias de D-loop se usaron 303 mitogenomas nativos americanos, tanto muestras antiguas como modernas de ambos lados de la cordillera (Chile y Argentina) disponibles en Genbank en formato Fasta, 44 muestras en formato Fastq de individuos chilenos y 9 mitogenomas extraídos de ADN genómico. Además, se usaron muestras de Bolivia y Perú para agregar más información de Sudamérica, y también se usaron muestras de África y Asia como clados externos y para mejorar la estimación de las fechas de coalescencia. En total se recolectaron 385 mitogenomas, 356 de Chile y Argentina y 29 de otras localidades. Los mitogenomas se usaron para estimar los tiempos de coalescencia de los linajes mitocondriales que pueden ser de interés para evaluar la migración transcordillerana.

4.2. Metodología

4.2.1. Caracterización haplotípica

Para conocer la diversidad haplotípica de la vertiente oriental y occidental de los Andes se usaron las secuencias de D-loop. Respecto a las muestras del lado oriental, estas se revisaron en Haplogrep2 (Weissensteiner et al., 2016) con el fin de revisar los haplogrupos asignados por los autores de las publicaciones anteriores al 2017. En algunos casos se usó el haplogrupo descrito en la publicación, ya que se usó parte de la región codificante para asignarles un linaje. Con las muestras del lado occidental se usó Haplogrep2 y las definiciones dadas por algunos autores para la asignación de haplogrupos. Con los haplogrupos definidos se calcularon las frecuencias absolutas y relativas, las que se graficaron con Excel.

Debido a la gran cantidad de muestras el alineamiento se realizó en la versión online del software MAFFT versión 7 (Kato et al., 2019) y luego se revisó y editó en Mega X (Kumar et al., 2018). Se eliminaron los sitios 309.1c, 315.1C, 523-524d, 523-524.XC, 16182, 16183, 16519 debido a que no aportan información a los análisis.

4.2.2. Análisis estadísticos, estructuración genética y filogeografía

Con el alineamiento resultante se calcularon los índices de diversidad molecular (número de sitios, número de haplotipos, número de sitios polimórficos, diversidad genética y diversidad nucleotídica) y las pruebas de neutralidad Tajima's D y Fu'Fs con el fin de determinar posibles eventos de expansión demográfica. Se calculó la matriz de Fst y se realizó la prueba de AMOVA con todas las muestras de D-loop para calcular las distancias genéticas y analizar la estructuración entre las poblaciones de las vertiente oriental y occidental de los Andes, en el caso de la prueba AMOVA, también se realizó para los tres grupos (Tabla 1). Los análisis mencionados se ejecutaron en el software Arlequin v3.5 (Excoffier & Lischer, 2010) con la mayor diversidad haplotípica calculada en DnaSP v6 (Rozas et al., 2017). A partir de la matriz de Fst se generó un Neighbor-Joining en Mega X, y se hizo una prueba de Mantel para evaluar la correlación entre la matriz distancia genética (Fst) y la matriz de distancia geográfica que se elaboró con las distancias euclidianas. Respecto al Test de Mantel también se realizó uno para cada grupo. Además, se hizo un PCA (Principal Component Analysis), en base a las frecuencias haplotípicas relativas, para observar gráficamente como se agrupan y distribuyen las poblaciones. Los dos últimos análisis se ejecutaron en el software R versión 4.2.2 (<https://www.r-project.org/>).

Respecto a los análisis filogeográficos, para dar cuenta de las relaciones entre los linajes y la geografía se realizaron redes haplotípicas usando el algoritmo Median-Joining y MP Calculation del software Network 10 (Bandelt et al., 1999; Polzin & Daneschmand, 2003). Además, este análisis permitió observar la diversidad de los linajes y los sitios mutacionales que diferencian a los subhaplogrupos permitiendo rastrear posibles eventos migratorios. También se confeccionaron mapas en el software ArcGis (<https://www.esri.cl/es-cl/productos/arcgis/sobre-arcgis>) a partir de las frecuencias haplotípicas, usando los análisis de interpolación Kriging e IDW, que se encuentran dentro de las herramientas de Spatial Analyst. Estos mapas se realizaron con el fin de observar cómo se distribuyen los distintos haplogrupos en el Cono Sur.

4.2.3. Evaluación modelos de migración con Migrate-n

Siguiendo con los análisis empleando las secuencias de D-loop, se evaluaron posibles modelos de migración con el software Migrate versión 3.6.11 (Beerli, 2012; Beerli et al., 2019). Para ello las poblaciones se agruparon de tal forma que las poblaciones del lado oriental quedaran junto a las poblaciones del lado occidental que estuvieran a una misma latitud. En la Tabla 1 se muestran los grupos formados según su cercanía geográfica y latitud. Las agrupaciones se organizaron en base a los antecedentes recopilados.

Tabla 1. Grupos formados según ubicación geográfica y latitudinal. En base a la ubicación geográfica de las poblaciones se generaron tres grupos, en un lado las poblaciones del lado occidental y al otro el oriental. Cada línea corresponde a una población dentro del software Migrate-n. El número corresponde al orden en que se ubicaron las poblaciones para el análisis en Migrate-n. * Solo se utilizaron para el análisis de Migrate-n.

Grupos	Occidental	Oriental
Grupo I	1.Bolivia* 2.Azapa-Camarones 3.Arica 4.Iquique	5-7. Jujuy (Puna, Quebrada, Valle-Selva) 8.Salta 9.Formosa 10.Catamarca 11.Santa Fe 12.CHA-MI-COR
Grupo II	1.Coquimbo 2.Serena 5.San Felipe-Los Andes* 6.Santiago	3.San Juan 4.La Rioja 7.Mendoza 8.Córdoba 9.Buenos Aires
Grupo III	1.Chillán 2.Temuco 4.Osorno 5.Puerto Montt 6.Punta Arenas	3.Neuquén-Rio Negro 7.Chubut

Se evaluaron los modelos propuestos por el software, Full model, Stepping Stone y Source-Sink (Beerli, 2012), además de algunas variaciones. Se configuraron los parámetros long-sample en 10.000, el burn-in en 5.000, los otros parámetros quedaron por defecto. Se modificó la distribución de Theta y Migración (MIG) dependiendo del grupo y de la sugerencia del programa, con el fin de mejorar la calidad de la corrida que se observa en los gráficos dados por el programa en un archivo pdf (Fig. 6).

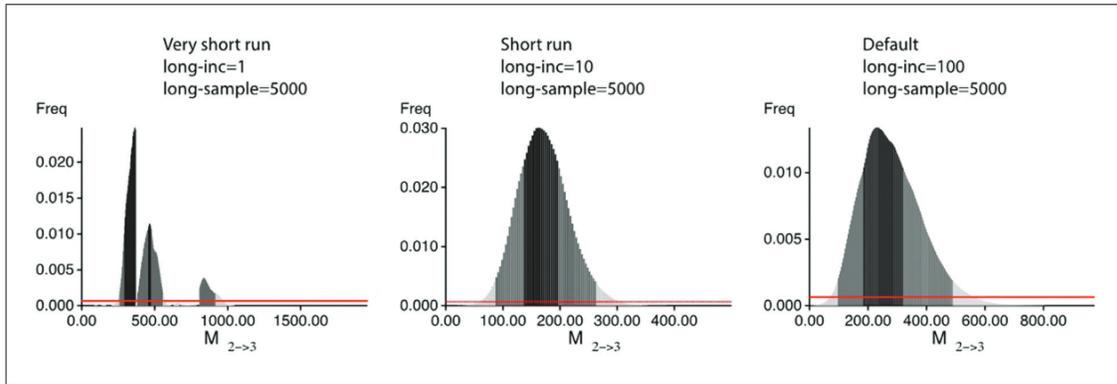


Figura 6. Histogramas de distribución posterior. Tres ejemplos de histogramas que grafican la migración de una población 2 a otra 3 ($M_{2 \rightarrow 3}$). El primero muestra varios peaks, dando cuenta de algún problema en la corrida, los otros dos al modificar uno de los parámetros (long-in) el histograma muestra solo un peak, por lo que la calidad de la corrida sería mayor. Imagen extraída de Beerli et al. (2019).

Una vez finalizado las corridas, los valores de likelihood según el método de integración termodinámica, correspondiente a 1b (Figura 7) se compararon y se seleccionó el que tuviera el valor más cercano a 0.

Del mejor modelo se usó la tabla de distribución posterior con los valores de Theta (Θ), que corresponde al tamaño poblacional efectivo escalado por la mutación, y la tasa de inmigración efectiva, (M) para calcular el número de inmigrantes (Nm) se usó la siguiente formula:

$$xNm_{i>j} = \frac{M_{i>j} * \theta_j}{x}$$

Donde x corresponde a la ploidía, en el caso del ADN mitocondrial $x=1$. Por lo tanto, la ecuación quedaría:

$$Nm_{i>j} = M_{i>j} * \theta_j$$

Los valores de Nm se graficaron en un plot circular hecho en R con el paquete circlize (Gu et al., 2104).

Log-Probability of the data given the model (marginal likelihood)

Use this value for Bayes factor calculations:

$BF = \text{Exp}[\ln(\text{Prob}(D | \text{thisModel})) - \ln(\text{Prob}(D | \text{otherModel}))]$

or as $LBF = 2 (\ln(\text{Prob}(D | \text{thisModel})) - \ln(\text{Prob}(D | \text{otherModel})))$

shows the support for thisModel]

Method	$\ln(\text{Prob}(D \text{Model}))$	Notes
Thermodynamic integration	-35911.210107	(1a)
	-23391.930552	(1b)
Harmonic mean	-23723.453982	(2)

(1a, 1b and 2) are approximations to the marginal likelihood, make sure that the program run long enough!

(1a, 1b) and (2) should give similar results, in principle.

But (2) is overestimating the likelihood, it is presented for historical reasons and should not be used

(1a, 1b) needs heating with chains that span a temperature range of 1.0 to at least 100,000.

(1b) is using a Bezier-curve to get better approximations for runs with low number of heated chains

Figura 7. Valores de likelihood dados por Migrate-n. Figura extraída del archivo pdf con los resultados dados por el software Migrate-n. En el recuadro rojo se indica el valor de likelihood que se debe usar y que es el recomendado por el autor Peter Beerli (2012).

4.2.4. Estimación tiempos de coalescencia y filogenias

Respecto a los mitogenomas, los datos brutos (Fastqc) obtenidos del Laboratorio de Genética de Poblaciones y Evolución Humana (Universidad de Chile) se procesaron para obtener el archivo final con los polimorfismos y los Fastas. Para ello, se realizó un análisis de calidad para cada muestra con FastQC (<https://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc/>), se alinearon contra el genoma de referencia mitocondrial completo rCRS (Andrews et al., 1999) con

BWA (Li & Durbin, 2010), se hizo el llamado de variantes con Freebayes (Garrison & Marth, 2012) y se filtró con Bcftools (Danecek & Bonfield, 2021). Todo esto se realizó en base al protocolo descrito por Nekrutenko y Ostrovsky (n.d.) en la plataforma de Google Colaboratory (<https://colab.research.google.com/>) y el servidor Galaxy Europe (<https://usegalaxy.eu/>)

Con los mitogenomas procesados y los descargados desde GenBank, se calcularon los tiempos de coalescencia y divergencia usando Inferencia Bayesiana en el software BEAST2 (Suchard et al., 2018) ya que esta información es de utilidad para establecer los tiempos de coalescencia de los linajes y tratar de definir la temporalidad de los procesos migratorios. Se usó un modelo con 2 particiones (D-loop y región codificante), para calcular el modelo de sitio se utilizó el paquete BEAST Model Test, se usó un reloj estricto con una tasa de $1,6649E-8$ (Soares et al., 2009) y el modelo de árbol Coalescent Constant Population. El modelo MCMC se configuró con un largo de cadena de 200000000 de generaciones y con un muestreo cada 20000 pasos.

En relación con los análisis filogenéticos, se realizarán reconstrucciones filogenéticas para cada macrohaplogrupo (A, B, C y D) a partir de mitogenomas nativos americanos de la vertiente oriental y occidental de los Andes, tanto antiguos como modernos. Estos se construyeron mediante un análisis de Máxima Verosimilitud (Maximum Likelihood) en el servidor del software IQ-TREE 2 (Minh et al., 2020) y también usando Inferencia Bayesiana en el software MrBayes 3.2.7 (Ronquist et al., 2012).

5. RESULTADOS

5.1. Caracterización haplotípica de ambas vertientes de los Andes.

Al comparar la composición haplotípica de ambas vertientes (Anexo 1), se observa que la vertiente occidental presenta un total de 50 haplogrupos, cinco de los cuales no pudieron ser asignados ya que las mutaciones diagnósticas están en la región codificante. Estas se agruparon dentro de haplogrupos mayores con un * (Hp?*). En el caso de la vertiente oriental el número de haplotipos es de 54, de los cuales 7 se agruparon dentro de un haplogrupo mayor (Hp?*).

En el lado occidental se observan 19 haplogrupos mayores (Tabla 2, Fig. 8). Al observar las frecuencias relativas de cada población se ve que, en Arica, AZP-CAM, Iquique y La Serena el haplogrupo más frecuentes es B2, en Coquimbo es B2i2b (16,3%). En Coquimbo, Santiago, Puerto Montt y Punta Arenas el linaje más frecuente es C1b13. En Chillán, Temuco y Osorno el más frecuente es D1g. Al analizar las frecuencias haplotípicas más detalladamente, se observa que algunos haplogrupos tienen un gradiente latitudinal, por ejemplo, A2 y A2(64) son más frecuentes en el Norte de Chile y van disminuyendo hacia el sur, estando ausentes en Puerto Montt y Punta Arenas. Algo similar sucede con B2, B2b y D1j, los dos últimos también están ausentes en Puerto Montt y Punta Arenas, y también en Osorno. Al contrario, D4h3a5 está ausente o tiene frecuencias menores en el Norte en comparación a la mayoría de las poblaciones del Centro y Sur, estando la frecuencia más alta en Punta Arenas (4,8%). Respecto a

C1b13, está presente en todas las poblaciones, pero las frecuencias más altas están hacia el sur de Chile llegando a un 32,7% en Osorno, lo mismo sucede con D1g que también presenta su frecuencia más alta en Osorno con un 33%. El linaje B2i2b está presente en todas las poblaciones, siendo más frecuente en Temuco (18,4%) seguido por Chillán (17%) y Coquimbo (16,2%).

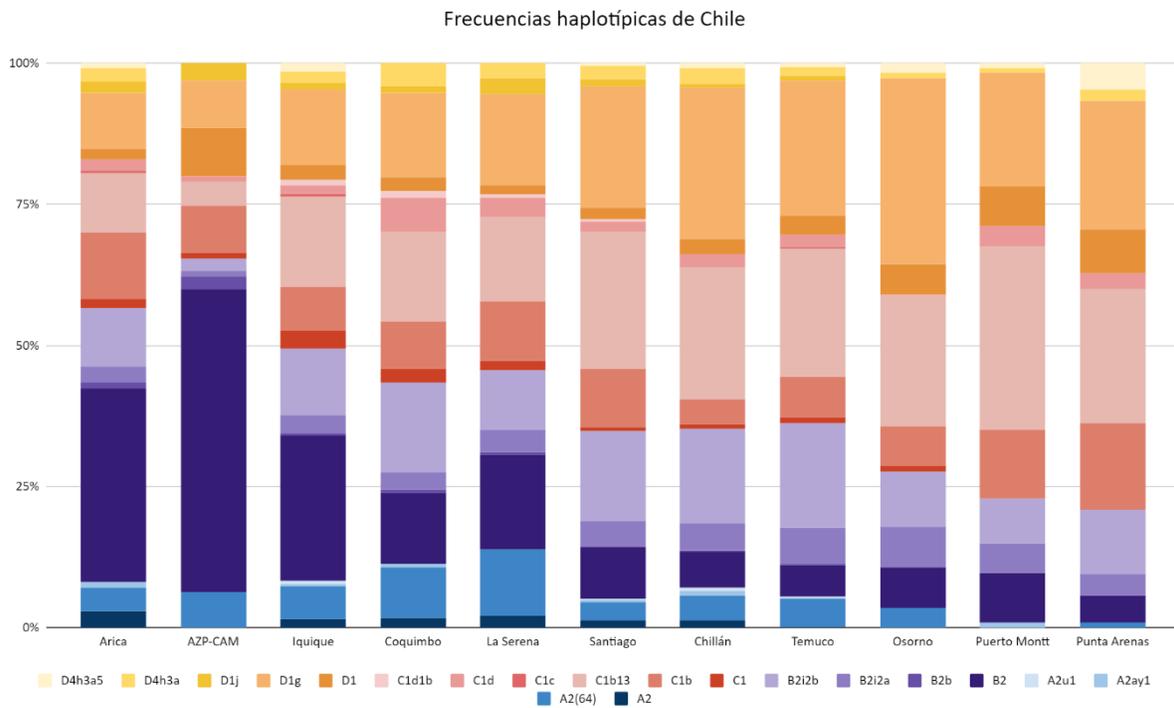


Figura 8. Frecuencias de los haplogrupos presentes en Chile.

En la vertiente oriental al observar las frecuencias de cada población (Tabla 3 y Fig. 9) vemos que, en Puna, Quebrada, Valle-Selva, Salta, Formosa, CHA-MI-COR, Catamarca, Santa Fe y Buenos Aires es más frecuente B2, en San Juan es más frecuente C1b, en Chubut C1b13 con un 26,2%, en La Rioja D1j con un 40% y en NE-RN es más frecuente D1g con un 33,1%. Al comparar las frecuencias de los haplogrupos, se observa que A2 y A2(64) están en todas las poblaciones siendo menos frecuentes en el Sur de Argentina (NE-RN, Chubut). B2i2b es más frecuente en el Sur de Argentina, presentando un 8,3% en NE-RN y un 6,3% en Chubut, hacia el Centro y Norte de Argentina tiene frecuencias menores o está ausente. Algo similar se observa con C1b13, también presenta las frecuencias más altas en NE-RN (18,2%) y Chubut (26,2%), se encuentra en el Centro-Oeste de Argentina (La Rioja, San Juan y Mendoza), Córdoba y Buenos Aires, pero no se encuentra en el Norte. Respecto a C1d1b, presenta la frecuencia más alta en San Juan (7,2%) seguido por La Rioja (5,6%) y Catamarca (5,4%), las frecuencias más bajas para este linaje se encuentran hacia el Norte. Al igual que C1b13, D1g también es más frecuente hacia el Sur, siendo NE-RN la que tiene la frecuencia más alta (33,1%), se encuentra en el Centro-Oeste y en el Norte está prácticamente ausente. El linaje D1j, como ya se menciona es muy frecuente en La Rioja (40%), seguido por Catamarca (13,6%) y Córdoba (11,5%). En relación con el linaje D4h3a5, solo se encuentra en el Sur de Argentina, NE-RN presenta un 1,7% y Chubut un 1,4%.

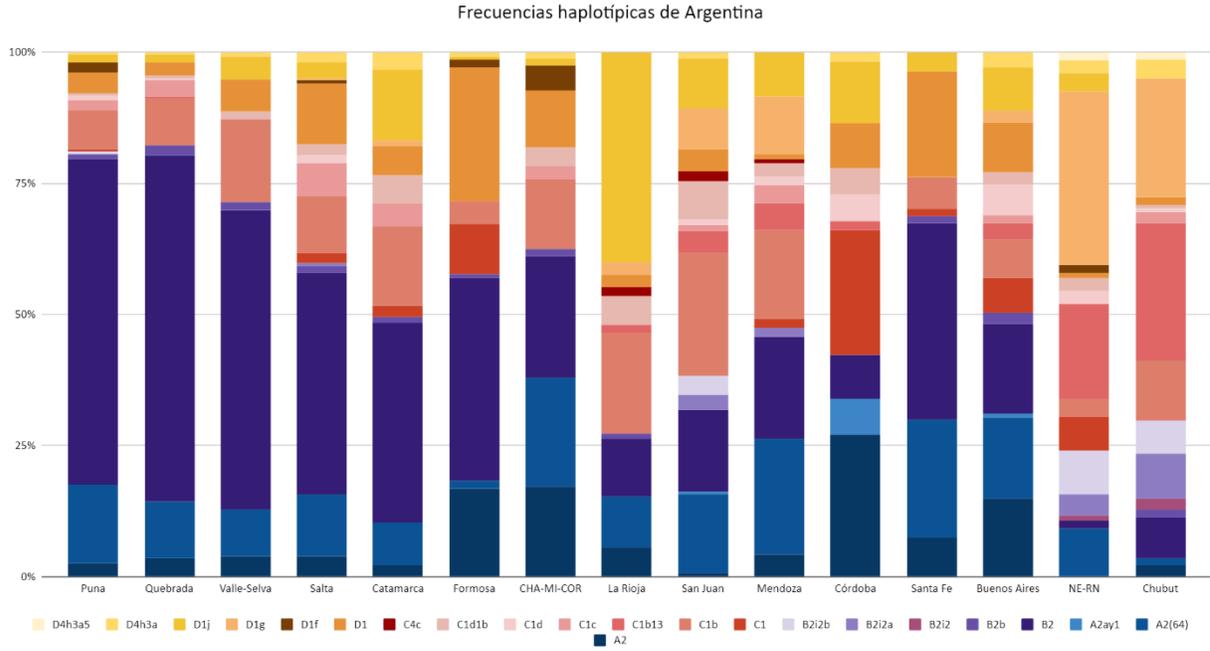


Figura 9. Frecuencias de los haplogrupos presentes en Argentina.

Tabla 2. Frecuencias de los haplogrupos presente en Chile. Tabla con las frecuencias resumidas de los haplogrupos presentes en Chile. En negrita se señalan las frecuencias más altas presentes en cada población. AZP-CAM: Azapa-Camarones.

Haplogrupo	Arica	AZP-CAM	Iquique	Coquimbo	La Serena	Santiago	Chillán	Temuco	Osorno	Puerto Montt	Punta Arenas
A2	0,029	0,000	0,016	0,018	0,022	0,014	0,014	0,002	0,000	0,000	0,000
A2(64)	0,043	0,065	0,057	0,090	0,117	0,032	0,044	0,049	0,036	0,000	0,010
A2ay1	0,010	0,000	0,005	0,006	0,000	0,003	0,007	0,002	0,000	0,009	0,000
A2u1	0,000	0,000	0,005	0,000	0,000	0,002	0,007	0,002	0,000	0,000	0,000
B2	0,344	0,548	0,259	0,127	0,168	0,094	0,065	0,057	0,071	0,088	0,048
B2b	0,010	0,022	0,005	0,006	0,006	0,000	0,002	0,002	0,000	0,000	0,000
B2i2a	0,029	0,011	0,031	0,030	0,039	0,046	0,047	0,065	0,071	0,053	0,038
B2i2b	0,105	0,022	0,119	0,163	0,106	0,162	0,170	0,184	0,098	0,080	0,114
C1	0,014	0,011	0,031	0,024	0,017	0,005	0,009	0,010	0,009	0,000	0,000
C1b	0,120	0,086	0,078	0,084	0,106	0,105	0,044	0,073	0,071	0,124	0,152
C1b13	0,105	0,043	0,161	0,163	0,151	0,245	0,235	0,227	0,232	0,327	0,238
C1c	0,005	0,000	0,005	0,000	0,000	0,000	0,000	0,002	0,000	0,000	0,000
C1d	0,019	0,011	0,016	0,060	0,034	0,019	0,026	0,022	0,000	0,035	0,029
C1d1b	0,000	0,000	0,010	0,012	0,006	0,003	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
D1	0,019	0,086	0,026	0,024	0,017	0,020	0,026	0,034	0,054	0,071	0,076
D1g	0,100	0,086	0,135	0,151	0,162	0,216	0,273	0,241	0,330	0,204	0,229
D1j	0,019	0,032	0,010	0,012	0,028	0,014	0,007	0,006	0,000	0,000	0,000
D4h3a	0,024	0,000	0,021	0,042	0,028	0,024	0,028	0,016	0,009	0,009	0,019
D4h3a5	0,010	0,000	0,016	0,000	0,000	0,005	0,009	0,008	0,018	0,009	0,048

Tabla 3. Frecuencias de los haplogrupos presentes en Argentina. Tabla con las frecuencias resumidas de los haplogrupos presentes en Argentina. En negrita se señalan las frecuencias relativas más altas para cada población. CHA-MI-COR: Chaco-Misiones-Corrientes; NE-RN: Neuquén-Río Negro.

Haplogrupo	Puna	Quebrada	Valle-S elva	Salta	For-mo sa	Cata- marca	CHA-MI- COR	La Rioja	San Juan	Mendoza	Córdoba	Santa Fe	Buenos Aires	NE-R N	Chubut
A2	0,024	0,034	0,038	0,039	0,168	0,022	0,171	0,056	0,006	0,042	0,262	0,075	0,148	0,000	0,021
A2(64)	0,150	0,108	0,090	0,118	0,015	0,082	0,207	0,096	0,150	0,220	0,000	0,225	0,156	0,091	0,014
A2ay1	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,006	0,000	0,066	0,000	0,007	0,000	0,000
B2	0,621	0,660	0,571	0,422	0,387	0,380	0,232	0,112	0,156	0,195	0,082	0,375	0,170	0,017	0,077
B2b	0,010	0,020	0,015	0,015	0,007	0,011	0,012	0,008	0,000	0,000	0,000	0,013	0,022	0,000	0,014
B2i2	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,008	0,021
B2i2a	0,000	0,000	0,000	0,005	0,000	0,000	0,000	0,000	0,030	0,017	0,000	0,000	0,000	0,041	0,085
B2i2b	0,005	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,036	0,000	0,000	0,000	0,000	0,083	0,063
C1	0,005	0,000	0,000	0,020	0,095	0,022	0,000	0,000	0,000	0,017	0,230	0,013	0,067	0,066	0,000
C1b	0,073	0,089	0,158	0,108	0,044	0,152	0,134	0,192	0,234	0,169	0,000	0,063	0,074	0,033	0,113
C1b13	0,000	0,005	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,016	0,042	0,051	0,016	0,000	0,030	0,182	0,262
C1c	0,019	0,030	0,000	0,064	0,000	0,043	0,024	0,000	0,012	0,034	0,000	0,000	0,015	0,000	0,021
C1d	0,010	0,005	0,000	0,015	0,000	0,000	0,000	0,000	0,012	0,017	0,049	0,000	0,059	0,025	0,007
C1d1b	0,005	0,005	0,015	0,020	0,000	0,054	0,036	0,056	0,072	0,025	0,049	0,000	0,022	0,025	0,007
C4c	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,016	0,018	0,008	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
D1	0,039	0,025	0,060	0,118	0,255	0,054	0,107	0,024	0,042	0,008	0,082	0,200	0,096	0,008	0,014
D1f	0,019	0,000	0,000	0,005	0,015	0,000	0,049	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,017	0,000
D1g	0,000	0,000	0,000	0,005	0,000	0,011	0,000	0,024	0,078	0,110	0,000	0,000	0,022	0,331	0,227
D1j	0,015	0,015	0,045	0,029	0,007	0,136	0,012	0,400	0,096	0,085	0,115	0,038	0,081	0,033	0,000
D4h3a	0,005	0,005	0,008	0,020	0,007	0,033	0,012	0,000	0,012	0,000	0,016	0,000	0,030	0,025	0,035
D4h3a5	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,017	0,014

Al comparar ambas vertientes se observa que dentro del macrohaplogrupo A (ANEXO 1, Tabla 22), A2 y A2(64) se encuentran a ambos lados de la cordillera siendo más frecuentes hacia el norte y centro que hacia el sur de ambas vertientes (Fig. 10). Dentro de este macrohaplogrupo los linajes A2af1a y A2u1 solo se encuentran en Chile. En el macrohaplogrupo B (ANEXO 1, Tabla 23), se observa que B2 y B2b están en ambas vertientes y sus frecuencias se comportan de forma similar a las de A2 y A2(64), ya que son más frecuentes en el Norte y Centro que en el Sur de ambas vertientes (Fig. 11), lo que se observa notoriamente en B2. Los linajes B2i2a y B2i2b (incluyendo a B2i2a1 y B2i2b1, Fig. 12), están presentes en prácticamente toda la vertiente occidental a diferencia de la oriental, ya que están casi ausentes en el Norte y Centro de Argentina, encontrándose las frecuencias más altas en NE-RN y Chubut. En relación con los linajes específicos B2b14a y B2d solo se encontraron en Chile y B2b3a en Argentina.

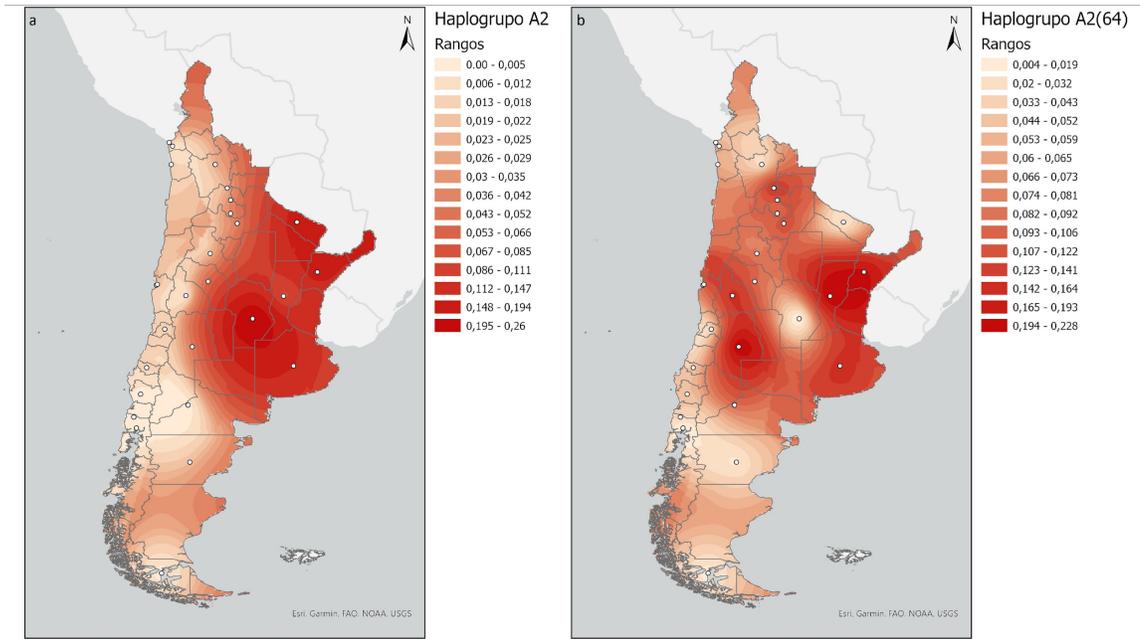


Figura 10. Mapa de isofrecuencia de los haplogrupos A2 y A2(64). Mapas elaborados con el método de Kriging, **a** corresponde a A2 y **b** a A2(64). Los puntos corresponden a las localidades de la Figura 5

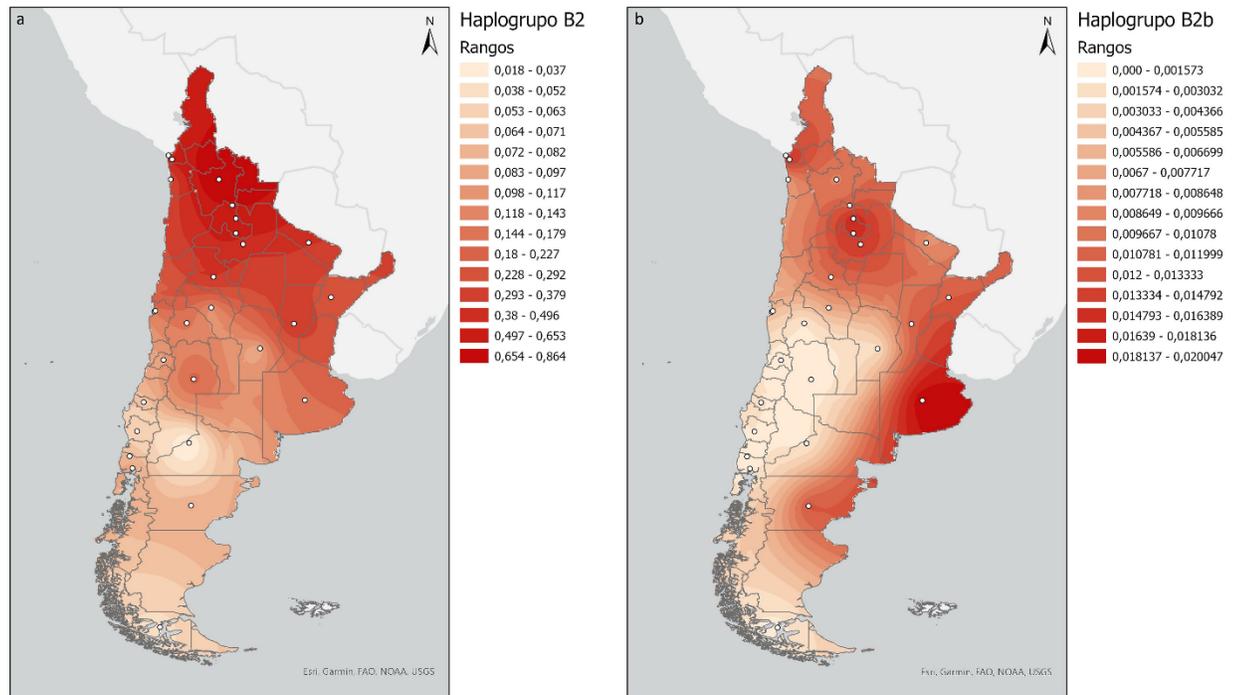


Figura 11. Mapa de isofrecuencia de los haplogrupos B2 y B2b. Mapas elaborados con el método de

Kriging, **a** corresponde a B2 y **b** a B2b.

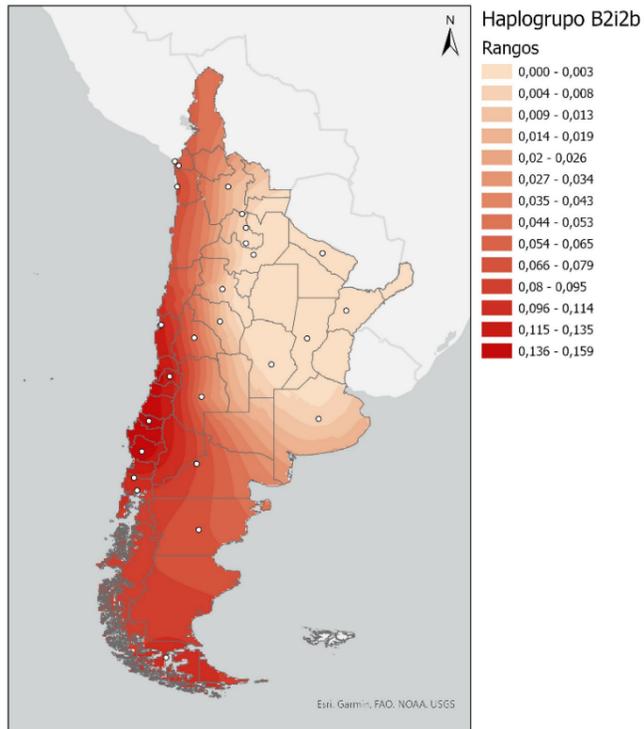


Figura 12. Mapa de isofrecuencia del haplogrupo B2i2b

De los linajes que se encuentran dentro del macrohaplogrupo C (ANEXO 1, Tabla 24), C1 (Fig. 13a) está presente en todas las poblaciones de ambas vertientes, exceptuando Puerto Montt y Punta Arenas. C1b (Fig. 13b) está en todas las poblaciones, pero no tiene un patrón latitudinal claro de distribución. El linaje C1b13 (Fig. 14a) está presente en todas las poblaciones de la vertiente occidental a diferencia de lo que se observa en la vertiente oriental, ya que se encuentra prácticamente ausente hacia el norte, presentando las frecuencias más altas en el Sur. Dentro de los haplogrupos específicos se encuentran C1b5b y C1b25 en Chile, y en Argentina se encuentran C1a, C1b13a, C1b5b y C4c. El linaje C1d1b (Fig. 14b), que se ha descrito para el Centro de Argentina, también se encuentra en algunas poblaciones de Chile, por ejemplo, La Serena, Coquimbo y

Santiago.

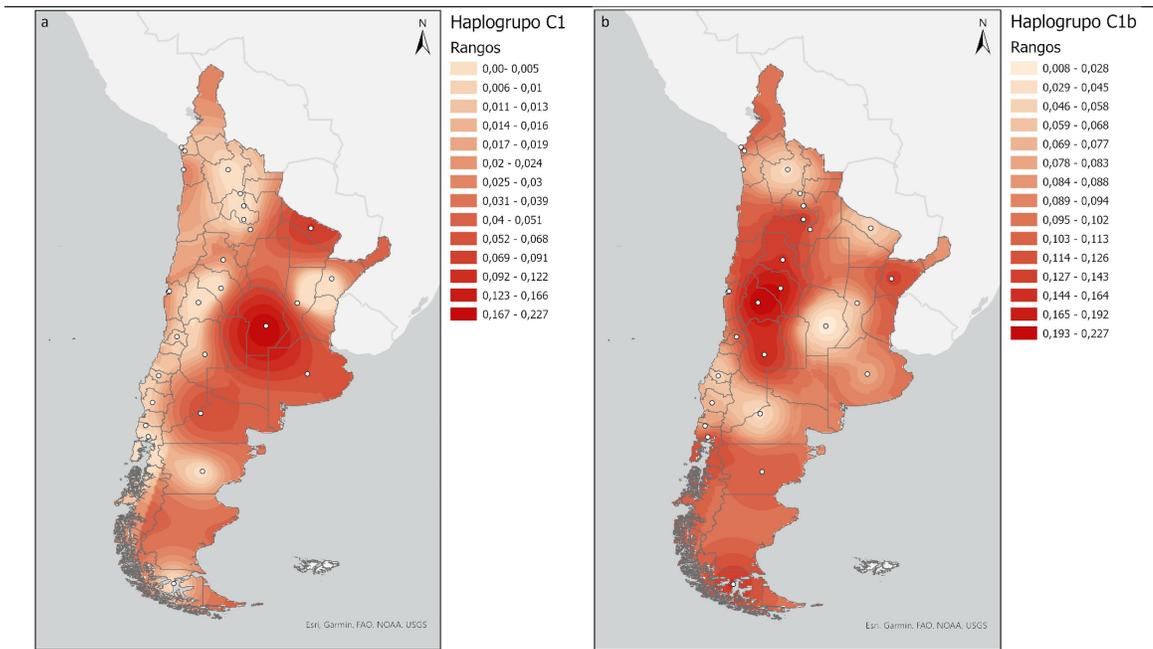


Figura 13. Mapa de isofrecuencia de los haplogrupos C1 y C1b. Mapas elaborados con el método de Kriging, a corresponde a C1 y b a C1b.

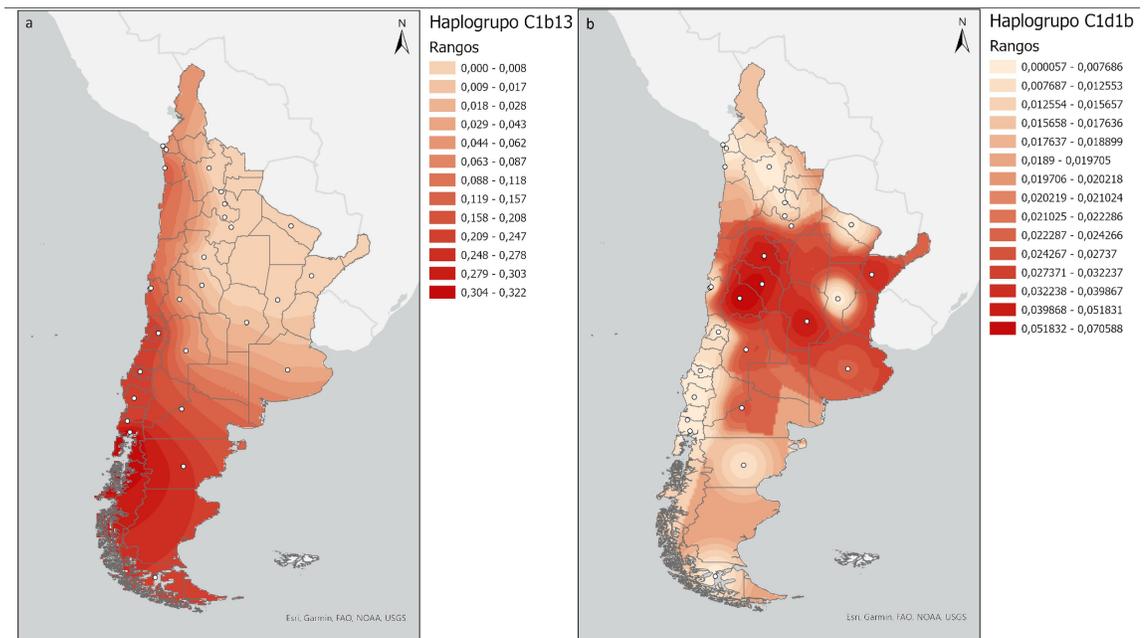


Figura 14. Mapa de isofrecuencia de los haplogrupos C1b13 y C1d1b. Mapas elaborados con el método

de Kriging, a corresponde a C1b13 y b a C1d1b.

Por último, en el macrohaplogrupo D (ANEXO 1, Tabla 25) se observa que D1 se presenta en todas las poblaciones, el linaje D1g se encuentra en ambas vertientes, aunque en Chile está presente en todas las poblaciones, contrario a lo que se observa en Argentina. D4h3a (Fig. 15a) se encuentra en casi todas las poblaciones de la vertiente occidental, en la oriental no se observa en Jujuy, ni en algunas poblaciones del centro. El linaje D4h3a5 (Fig. 15b) se presenta en varias poblaciones, del norte, centro y sur de Chile, y en Argentina solo se observa en el sur. Respecto a los linajes específicos D1f y D1f1 solo se observa en Argentina y D4h3a6 en Chile. Al igual que C1d1b, el linaje D1j (Fig. 16) también se ha descrito para el Centro de Argentina, aunque se encuentra en algunas poblaciones de Chile, por ejemplo, La Serena, Coquimbo y Santiago.

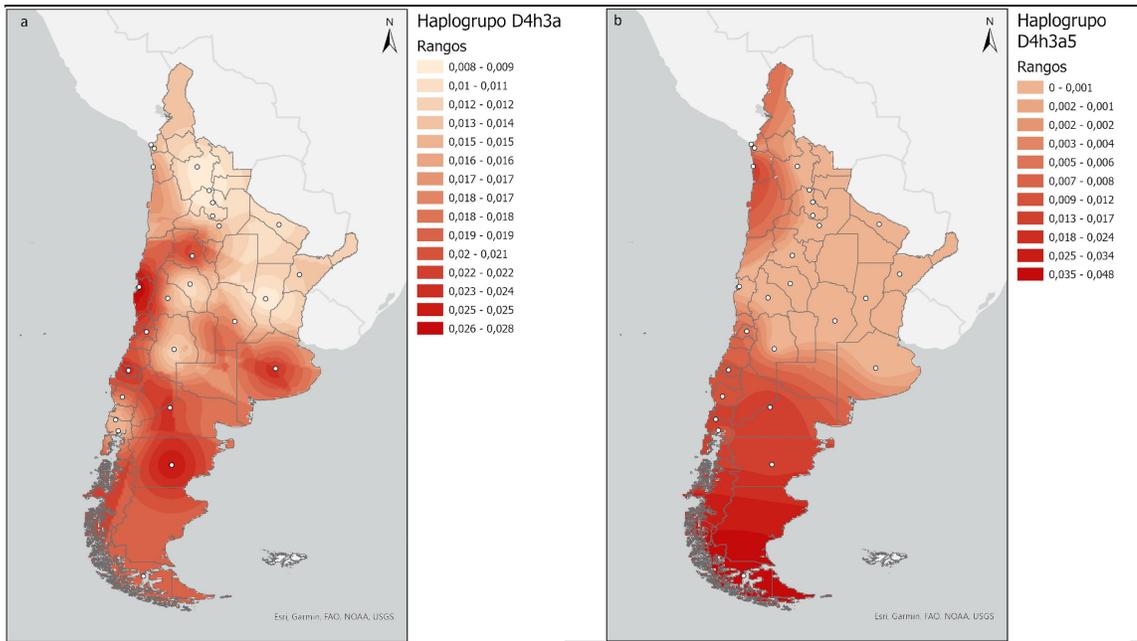


Figura 15. Mapa de isofrecuencia de los haplogrupos D4h3a y D4h3a5. Mapas elaborados con el método Kriging, a corresponde a D4h3a y b a D4h3a5.

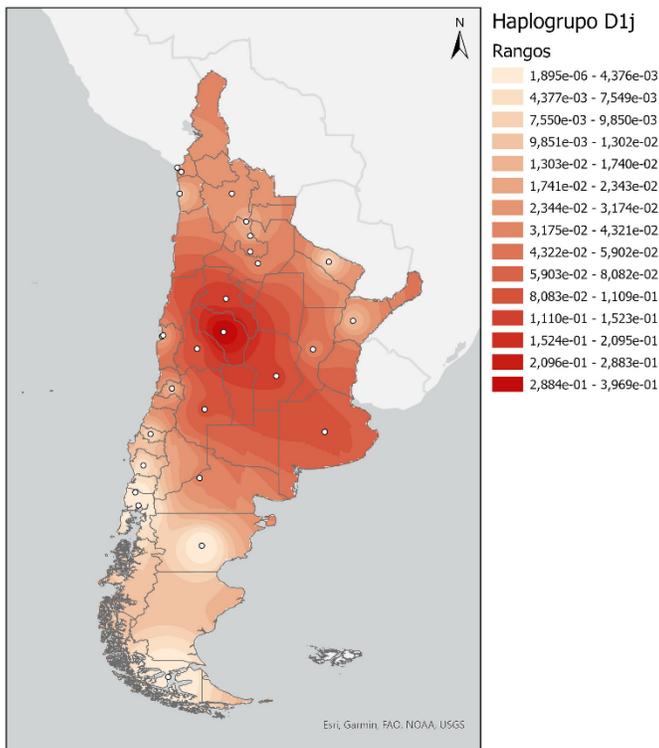


Figura 16. Mapa de isofrecuencia del haplogrupo D1j. Mapa elaborado con el método de IDW (Ponderación de distancia inversa), se utilizó este método debido a que con Kriging el mapa presentaba errores en las frecuencias.

5.2. Análisis de diversidad genética, estructuración y flujo genético

5.2.1. Índices de diversidad

Al analizar los índices de diversidad se observa que Santiago es la población que presenta el mayor número de haplotipos (h) con 262, seguido por Temuco (215) y Chillán (176). En relación con el número de sitios polimórficos (s) Santiago es el que presenta el valor más alto con 225, seguido por Salta (210). La diversidad genética (Hd) va desde 0.951 en Formosa a 0.997 en Valle-Selva y la diversidad nucleotídica va desde 0.009 a 0.012 (Tabla 4).

Respecto a las pruebas de neutralidad tanto Tajima's D y Fu's Fs (Tabla 4) dieron valores negativos, lo que estaría dando cuenta de eventos de expansión poblacional, aunque el

p-valor y la probabilidad de F_u 's F_s no es significativa en todas las poblaciones, por lo que habría que ser cuidadosos al obtener conclusiones de estas pruebas.

Tabla 4. Índices de diversidad y Pruebas de Neutralidad. N: número de secuencias, h: número de haplotipos, s: número de sitios polimórficos, Hd: diversidad haplotípica, K: número promedio de diferencias por pares, pi: diversidad nucleotídica. P y Prob corresponden al p-valor.

Población	n	h	s	Hd	K	pi	Tajima's D	P	Fu's Fs	Prob
Arica	209	144	185	0,994±0,002	12,214 ±5,54	0,012 ± 0,005	-1,94	0,002	-23,99	0,001
AZ-CAM	93	57	106	0,985±0,004	10,967±5,03	0,009 ±0,005	-1,49	0,04	-24,39	0
Iquique	193	126	162	0,989±0,003	12,196±5,53	0,012±0,005	-1,78	0,01	-24,02	0,001
Puna	206	149	190	0,996±0,001	11,315±5,16	0,010±0,005	-2,02	0,002	-24,06	0
Quebrada	202	121	182	0,991±0,002	11,418±5,19	0,010±0,005	-1,96	0,002	-24,05	0,002
Valle-Selva	133	110	159	0,997±0,001	11,568±5,28	0,010± 0,005	-1,95	0,003	-24,21	0
Salta	204	143	210	0,994±0,001	12,899±5,83	0,012±0,006	-2,05	0,002	-23,94	0,001
Catamarca	184	93	126	0,982±0,004	13,239± 5,98	0,012±0,006	-1,21	0,09	-23,96	0,002
Formosa	137	51	94	0,951±0,008	11,825±5,38	0,011±0,011	-0,98	0,16	-11,81	0,02
CHA-MI-COR	82	60	109	0,958±0,005	12,729±5,79	0,011±0,006	-1,39	0,06	-24,29	0
Santa Fe	80	37	75	0,967±0,007	12,266±5,59	0,011±0,006	-0,55	0,34	-6,36	0,08
Córdoba	61	48	76	0,987±0,007	10,622±4,91	0,009±0,005	-1,29	0,07	-24,53	0
La Serena	179	92	140	0,980±0,004	12,938±5,85	0,012±0,006	-1,45	0,04	-24	0,002
Coquimbo	166	85	115	0,976±0,005	12,741±5,77	0,011±0,006	-1,22	0,08	-24,05	0,001
La Rioja	125	69	87	0,963±0,012	10,667±4,89	0,010±0,005	-1,11	0,12	-24,32	0
San Juan	167	87	115	0,969±0,007	12,970± 5,87	0,012±0,006	-1,2	0,09	-24,02	0,001
Mendoza	118	97	121	0,996±0,002	12,488±5,68	0,011±0,006	-1,45	0,04	-24,19	0
Buenos Aires	135	115	149	0,996±0,002	12,942±5,87	0,012±0,006	-1,71	0,01	-24,11	0
Santiago	588	262	225	0,983±0,002	11,916±5,39	0,011±0,005	-1,86	0,002	-23,64	0,006
Chillán	429	176	160	0,982±0,003	11,959±5,42	0,010±0,005	-1,51	0,03	-23,73	0,01
Temuco	494	215	194	0,985±0,002	11,998±5,44	0,011±0,005	-1,76	0,007	-23,69	0,007
Osorno	112	77	105	0,984±0,005	11,279±5,16	0,010±0,005	-1,47	0,04	-24,3	0
Puerto Montt	112	58	88	0,983±0,004	10,921±5,003	0,010±0,005	-1,31	0,07	-24,24	0
NE-RN	121	96	120	0,994±0,003	12,100±5,51	0,011±0,005	-1,51	0,03	-24,21	0
Chubut	141	93	107	0,987±0,004	10,879±4,98	0,010±0,005	-1,54	0,04	-24,25	0,001
Punta Arenas	106	61	94	0,980±0,005	11,150±5,10	0,010±0,005	-1,36	0,07	-24,33	0

5.2.2. Estructuración y flujo genético

AMOVA

En la Tabla 5 se muestra el resultado de AMOVA calculado con las 26 poblaciones de ambas vertientes. En este se observa que el mayor porcentaje de variación proviene de dentro de las poblaciones con un porcentaje de 93,73% y un Fst de 0,062 (p-valor: 0,00), indicando una baja estructuración genética. Los resultados de AMOVA por grupos (Tabla 1) muestran que para el Grupo I (Tabla 6), el mayor porcentaje de variación se explica por las diferencias dentro de las poblaciones con un 95,66%, con un Fst de 0,04340 (p-valor: 0,00), lo mismo se observa en el Grupo II (Tabla 7), ya que el porcentaje de variación explicado por diferencias dentro de las poblaciones es el más alto (94,34%) en comparación a las otras dos fuentes de variación. En el AMOVA del Grupo III (Tabla 8) se observa que la mayor fuente de variación está dentro de las poblaciones con un 99,19%, en este grupo la variación entre grupos es negativa, dando cuenta de la baja variación que hay entre grupos, aunque el p-valor de Va y Fct no es significativo (p-valor <0,53).

Tabla 5. AMOVA entre las poblaciones de la vertiente oriental y occidental de los Andes. gl: grados de libertad

Fuente de Variación	gl	Suma de cuadrados	Componentes de la Varianza	Porcentaje de Variación
Entre grupos	1	369,12	0,13 Va	2,22
Entre poblaciones dentro de grupos	24	1140,41	0,24 Vb	4,04
Dentro de poblaciones	4751	26053,58	5,48 Vc	93,73
Total	4776	27563,11	5,85	

Fsc: 0,041, Fst: 0,062, Fct: 0,022; p-valor de Vc y Fst: 0,00, p-valor de Vb y Fsc: 0,00, p-valor de Va y Fct: 0,0014.

Tabla 6. AMOVA calculado para el Grupo I.

Fuente de variación	gl	Suma de cuadrados	Componentes de la varianza	Porcentaje de variación
Entre grupos	1	74,586	0.03798 Va	0,60
Entre grupos dentro de poblaciones	9	376,743	0.23504 Vb	3,74
Dentro de poblaciones	1712	10303,553	6,01843 Vc	95,66
Total	1722	10754,822	6,29145	

Fsc: 0,038, Fst: 0,043, Fct: 0,006; p-valor de VC y Fst: 0,00, p-valor de Vb y Fsc: 0,00, p-valor de Va y Fct: 0,17.

Tabla 7. AMOVA calculado para el GRUPO II

Fuente de variación	gl	Suma de cuadrados	Componentes de la varianza	Porcentaje de variación
Entre grupos	1	162,522	0.13178 Va	2,00
Entre grupos dentro de poblaciones	7	308,821	0,24071 Vb	3,66
Dentro de poblaciones	1627	10104,464	6,21049 Vc	94,34
Total	1635	10575,808	6,58298	

Fsc: 0,037, Fst: 0,057, Fct: 0,02; p-valor de VC y FST: 0,00, p-valor de Vb y Fsc: 0,00, p-valor de Va y Fct: 0,015.

Tabla 8. AMOVA calculado para el grupo III

Fuente de variación	gl	Suma de cuadrados	Componentes de la varianza	Porcentaje de variación
Entre grupos	1	11,49	-0,10 Va	-0,17
Entre grupos dentro de poblaciones	5	87,77	0,058 Vb	0,98
Dentro de poblaciones	1508	8821,59	5,85 Vc	99,19
Total	1514	8920,85	5,90	

Fsc: 0,010, Fst: 0,008, Fct: -0,002; p-valor de Vc y FST: 0,000, p-valor de Vb y Fsc: 0,00, p-valor de Va y Fct: 0,53.

Fst y Neighbor-Joining

En relación con los valores de Fst, estos van de -0,0008 (Temuco-Chillán) a 0,1904 (Quebrada-Puerto Montt) dando cuenta que la diferenciación genética es baja o moderada. Al analizar el grafico resultante de la matriz de Fst (Figura 17) se observa que las poblaciones del sur de Argentina (Neuquén, Río Negro, Chubut) son más cercanas a las poblaciones del Centro-Sur de Chile (Santiago, Chillán, Temuco, Osorno, Puerto Montt y Punta Arenas) que a las poblaciones del Norte de Argentina (Puna, Quebrada, Valle-Selva). Las poblaciones del sur de Chile (Temuco, Osorno, Puerto Montt y Punta Arenas) son más cercanas a las poblaciones del Centro de Chile (Santiago y Chillán) y Sur de Argentina que a las poblaciones del Norte de Chile (Arica, Azapa-Camarones, Iquique). También se observa que La Rioja es más cercano a las provincias del Centro y Sur de Argentina que al Norte de Argentina, lo mismo sucede con Córdoba.

A partir de la matriz de F_{st} se observa que las poblaciones de la vertiente occidental presentan una baja diferenciación genética, aunque en el caso de Azapa-Camarones, esta es la que más se diferencia del resto de las poblaciones chilenas, siendo más cercana a Puna, Quebrada y a Valle-Selva. En la vertiente oriental se observa que las poblaciones del Noroeste (Puna, Quebrada, Valle-Selva, Salta, Catamarca) son cercanas entre sí, y a medida que se avanza hacia el sur, la distancia va aumentando, siendo más distante de las poblaciones de la región Centro-Oeste (La Rioja, San Juan y Mendoza) y del Sur de Argentina.

Respecto al Neighbor-Joining construido a partir de los valores de F_{st} (Fig. 18), se observan dos clados principales. En uno de ellos se encuentran las poblaciones del Noroeste y Noreste de Argentina, junto a Azapa-Camarones y Arica del Norte de Chile. En el otro clado principal se encuentran las poblaciones de Coquimbo, La Serena, Santiago y del Centro y Sur de Chile (Chillán, Temuco, Osorno, Puerto Montt y Punta Arenas), y también las poblaciones de la región cuyana (centro-oeste) y patagónica de Argentina, además de Buenos Aires. En un sub-clado se agrupan las poblaciones del Centro-Oeste de Argentina (La Rioja, San Juan y Mendoza) con Santiago y La Serena. En otro sub-clado se agrupan las ciudades del Sur de Chile con la Patagonia Argentina.

Matrix of pairwise F_{ST}

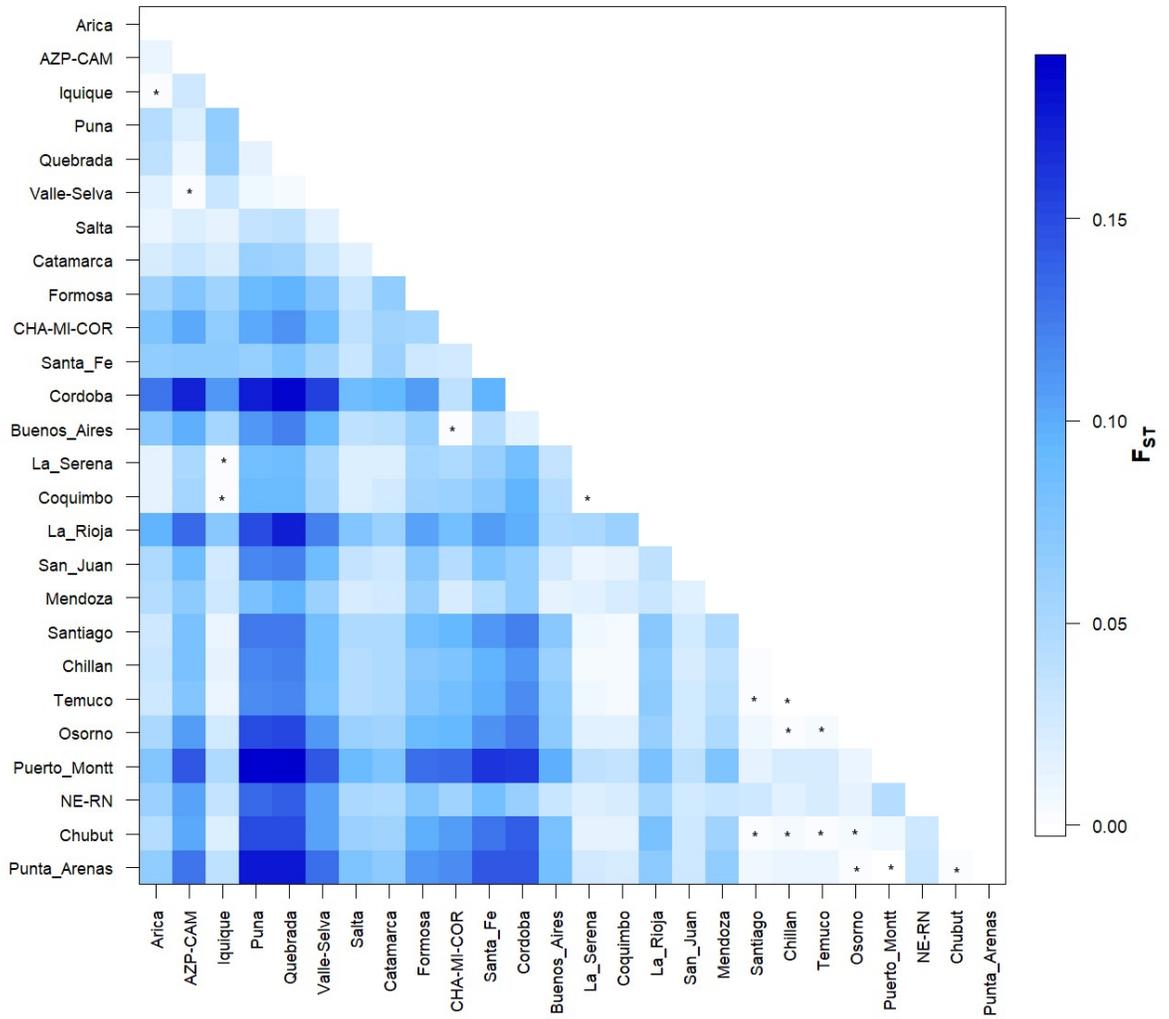


Figura 17. Matriz de F_{ST} . Matriz calculada en base a los haplotipos obtenidos de DNAsp, los * simbolizan los p-valores mayores a 0,05

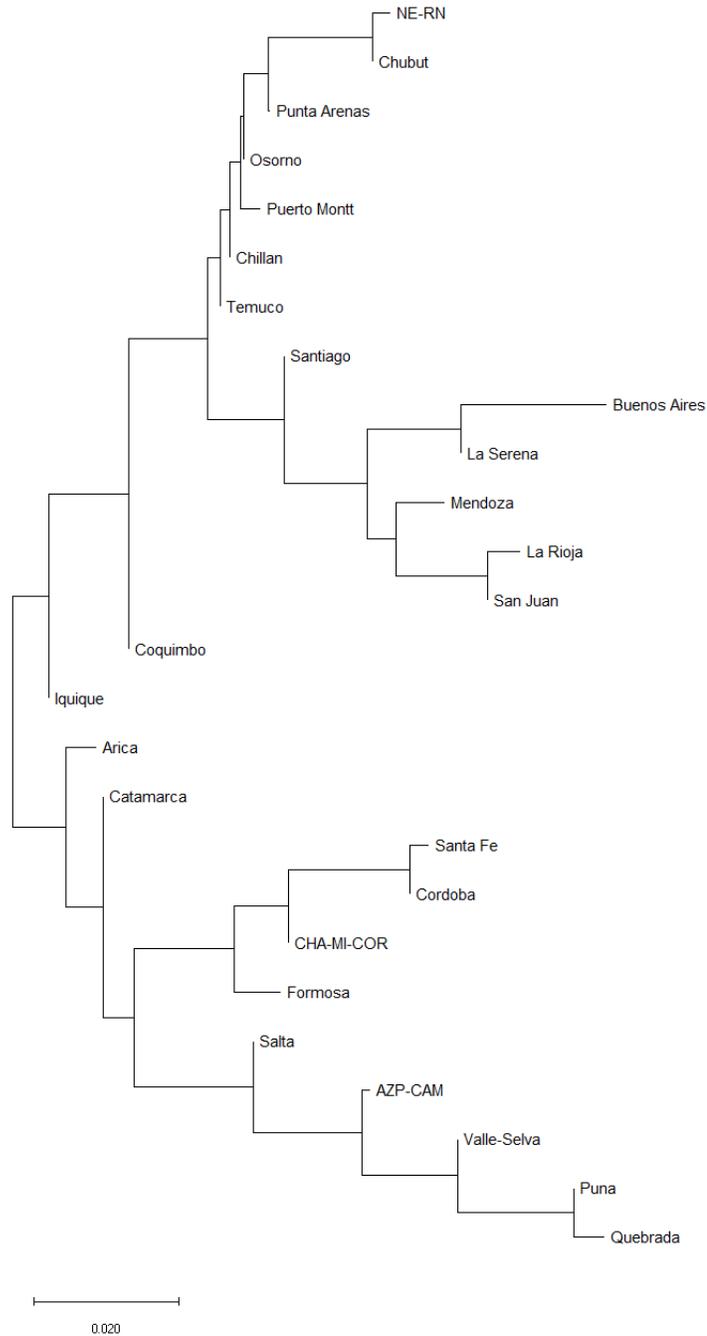


Figura 18. Neighbor-Joining con poblaciones de la vertiente oriental y occiednetal. Neighbor-Joining elaborado en base a la matriz de Fst. En un claso se agrupan las poblaciones del Norte Grande de Chile y del Noroteste de Argentina y en otro se agrupan las poblaciones del Norte Chico, Centro y Sur de Chile, junto a las poblaciones del Centro y Sur de Argentina. CHA-MI-COR: Chaco-Misiones-Corrientes, NE-RN: Neuquén-Río Negro.

PCA (Princpal Components Analysis)

El Análisis de Componentes Principales (PCA) calculado a partir de las frecuencias haplotípicas (Fig. 19), muestra que las dimensiones 1 y 2 son las que mejor explican la varianza. La Dimensión 1 explica el 61,8% y la dimensión 2 el 17,6%. El Primer cuadrante (Izquierda superior) agrupa las poblaciones del Noroeste de Argentina y las poblaciones AZP-CAM y Arica, el segunda agrupa las poblaciones de Iquique, La Serena, Coquimbo, del Centro y Sur de Chile junto a las poblaciones de la Patagonia Argentina (NE-RN y Chubut). El tercer y cuarto cuadrante agrupan las poblaciones de Catamarca, del Noreste y del Centro Oeste Argentino. En el Anexo 2 se muestran los PCA de los componentes 2-3 y 1-3 junto a los histogramas con los haplogrupos que más contribuyen a la varianza.

Con el fin de mejorar la resolución de las poblaciones de la vertiente occidental, se realizó un PCA con las poblaciones chilenas y se añadieron las poblaciones nativas Mapuche, Tehuelche, Huilliche y Yámana (Fig. 20). En esta se observa que las poblaciones del Norte Grande y Chico de Chile se agrupan en los cuadrantes II y IV (lado positivo) y tienen una distribución acorde a la ubicación latitudinal. En los cuadrantes I y III se agrupan las poblaciones del Centro y Sur de Chile, en este caso también se observa una distribución según la ubicación latitudinal, exceptuando Santiago.

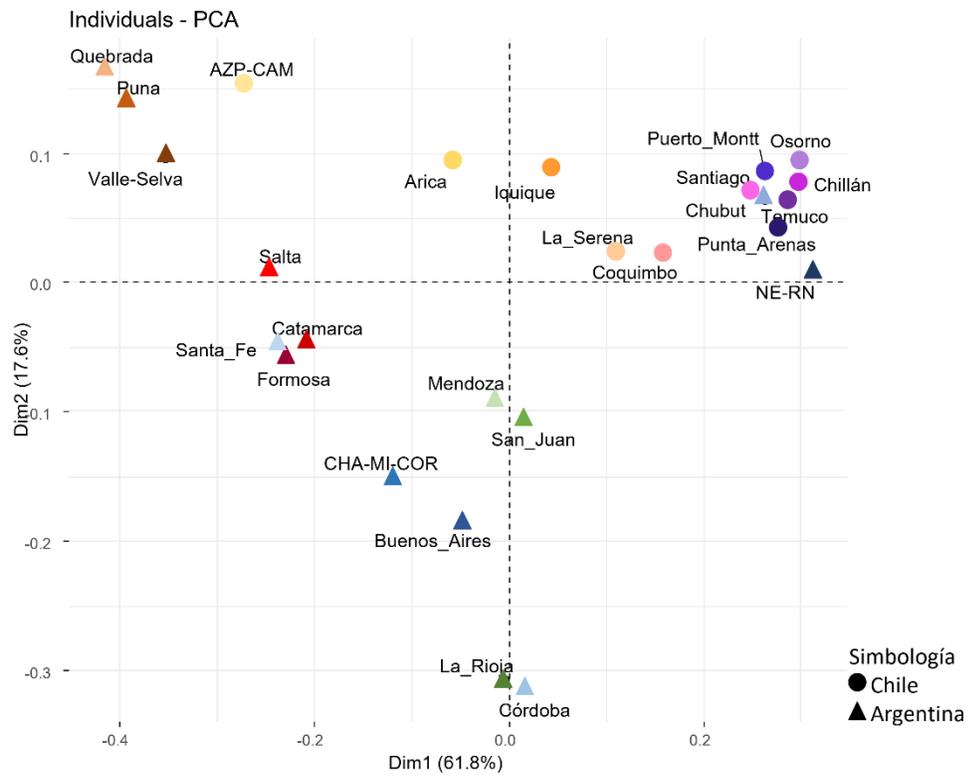


Figura 19. PCA con las poblaciones de la vertiente occidental y oriental de los Andes. PCA, construido en base a las frecuencias haplotípicas de las Tablas 2 y 3. Se observa que las poblaciones de Argentina (vertiente oriental) se agrupan en los cuadrantes I, III y IV, exceptuando NE-RN y CHUBUT que se agrupan con las poblaciones del Centro y Sur de Chile en el II cuadrante. Las poblaciones de AZP-CAM y Arica se agrupan junto a poblaciones del Noroeste Argentino en el I cuadrante.

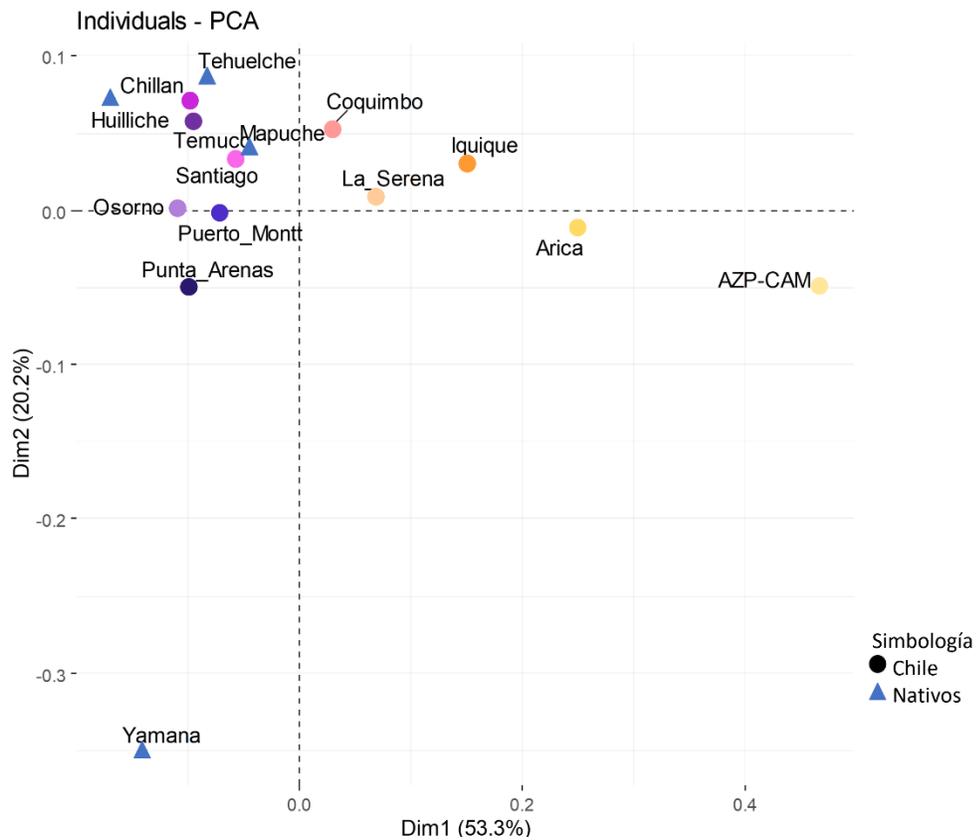


Figura 20. PCA con poblaciones mestizas y nativas de Chile. La dimensión 1 separa las poblaciones del del Norte Grande y Chico de las poblaciones del Centro y Sur de Chile. La dimensión 2 ordena a las poblaciones latitudinalmente, excepto por Santiago.

Test de Mantel

El coeficiente de correlación entre la matriz de distancia genética y la matriz de distancia geográfica dio un coeficiente de correlación (r) de 0,42 con una significancia de 0,0001. El valor de r estaría indicando que hay una correlación positiva, pero al ser bajo habría que ser cautelosos a la hora de realizar conclusiones. En la Figura 21 se muestra el gráfico del test de Mantel, en esta se observa que algunos puntos al presentar una mayor distancia geográfica también presentan una mayor distancia

genética. En otros casos algunos puntos presentan una alta distancia geográfica pero no una alta distancia genética.

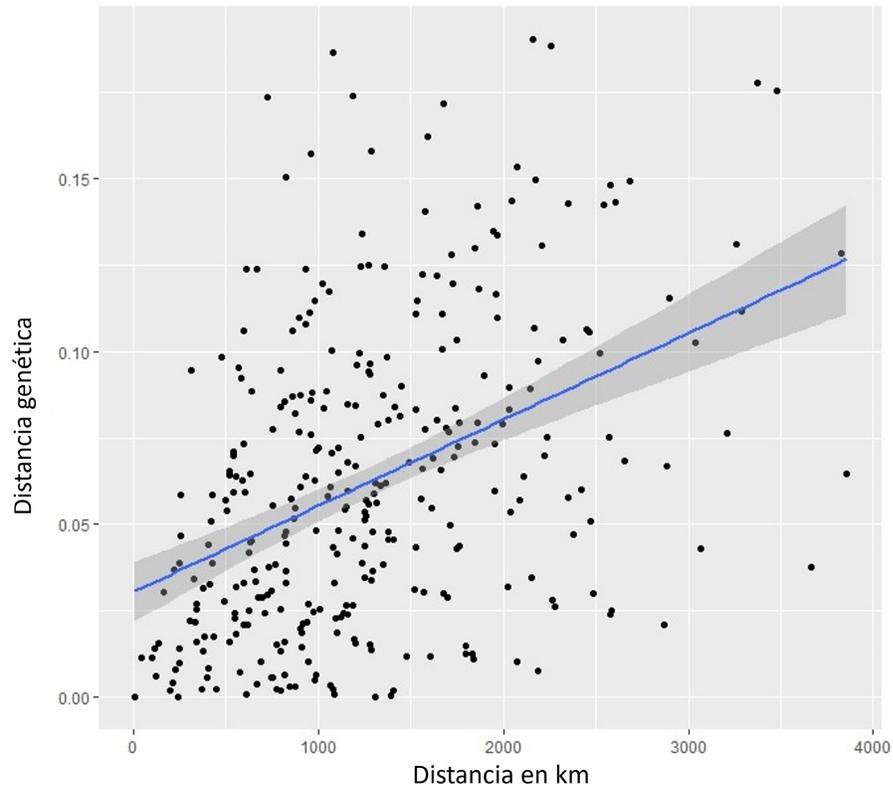


Figura 21. Test de Mantel. La figura muestra la correlación entre la matriz de distancia genética y geográfica. La línea en azul muestra la tendencia

Con el fin de mejorar la resolución, se realizó el test de Mantel para cada grupo. En la Figura 22 se muestra el resultado del Grupo I, el cual dio una correlación positiva con un r de 0,5196 y una significancia de 0,0037. El Grupo II (Fig. 23) también muestra una correlación positiva con un r de 0,4016 y una significancia de 0,1038. El Grupo III (Fig. 24) dio una correlación negativa con un r de -0,1208 y una significancia de 0,50159.

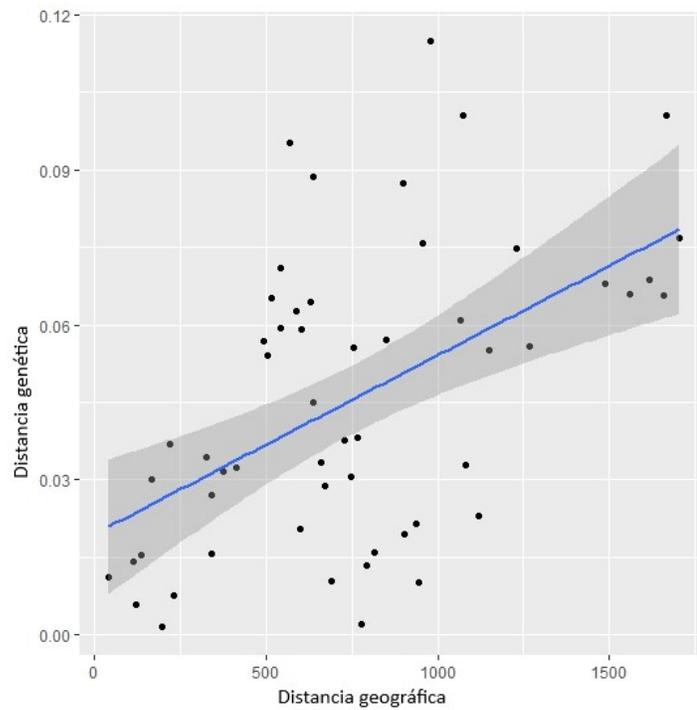


Figura 22. Test de Mantel del Grupo I. Se observa una correlación positiva entre la distancia geográfica y genética para las poblaciones del Norte Grande de Chile y Norte de Argentina. $r = 0,51$; Sig= 0,0037

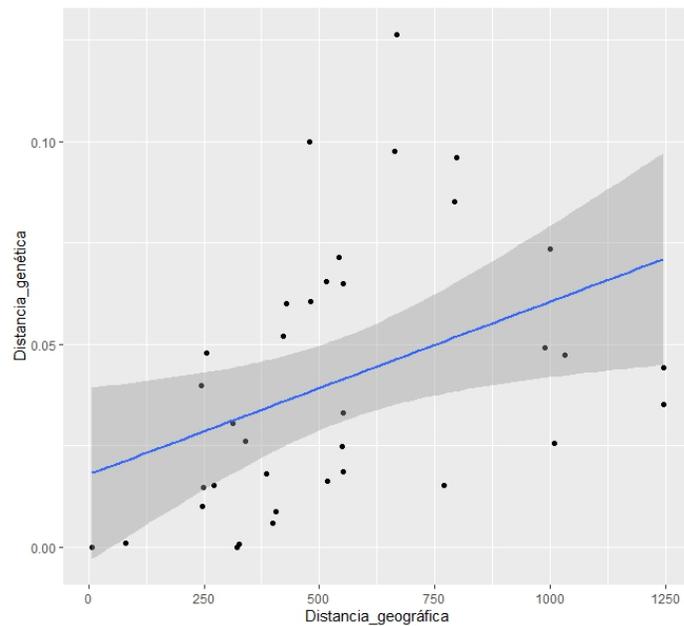


Figura 23. Test de Mantel del Grupo II. Se observa una correlación positiva entre la distancia geográfica y genética para las poblaciones del Norte Chico y Centro de Chile con las poblaciones del Centro de Argentina. $r = 0,3982$; Sig= 0,1107.

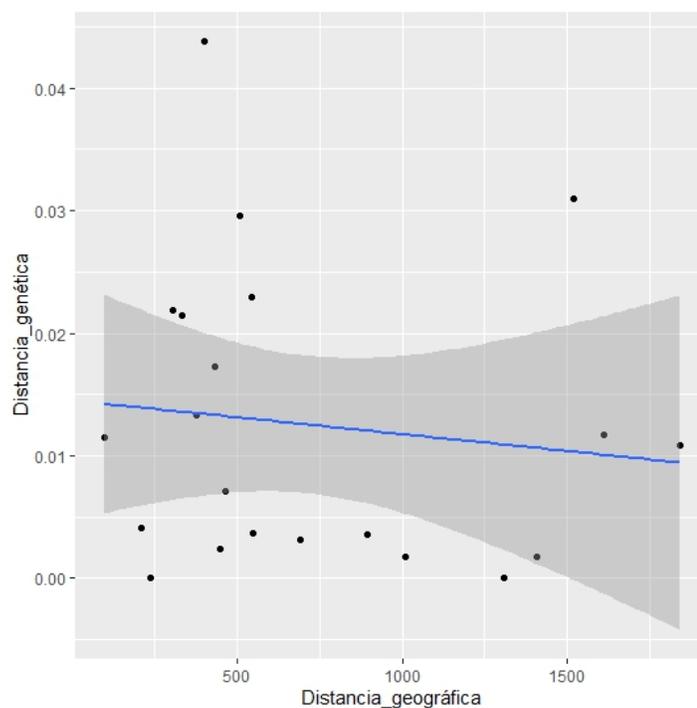


Figura 24. Test de Mantel del Grupo III. Se observa una correlación negativa entre la distancia geográfica y genética para las poblaciones del Sur de Chile y Sur de Argentina. $r = -0,1183$; Sig= 0,49623

Redes Haplotípicas

Con el fin de evaluar las relaciones filogeográficas de algunos de los linajes mitocondriales, se realizaron redes haplotípicas para el linaje C1d (Fig. 22), D1j (Fig. 23) y D4h3a (Fig. 24). Respecto a C1d, se observa que el linaje C1d1b que presenta la mutación 195C, se agrupa hacia lado izquierdo de la red haplotípica y los otros linajes dentro de C1d se agrupan hacia el lado derecho. C1d1b se presenta principalmente en el Centro de Argentina, pero también está presente en algunos individuos de Chile. También se observa que un linaje, conformado principalmente por individuos chilenos también se presenta en individuos del sur de Argentina (flecha negra).

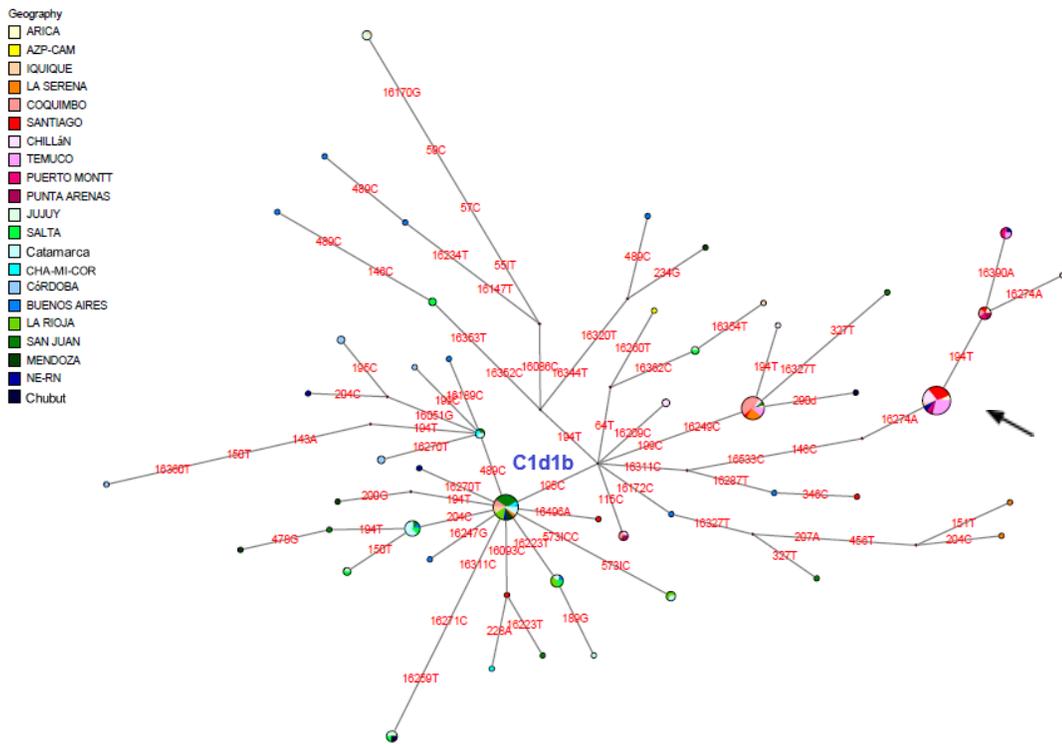


Figura 25. Red haplotípica del haplogrupo C1d. La flecha indica a un linaje conformado principalmente por individuos chilenos.

El linaje D1j, al igual que C1d1b, también se encuentra principalmente en el Centro de Argentina. En el nodo central (flecha negra) y en algunos que derivan de él por dos o tres pasos mutacionales se observa la presencia de individuos chilenos. En el linaje derivado D1j1a2, no se observa ningún individuo chileno.

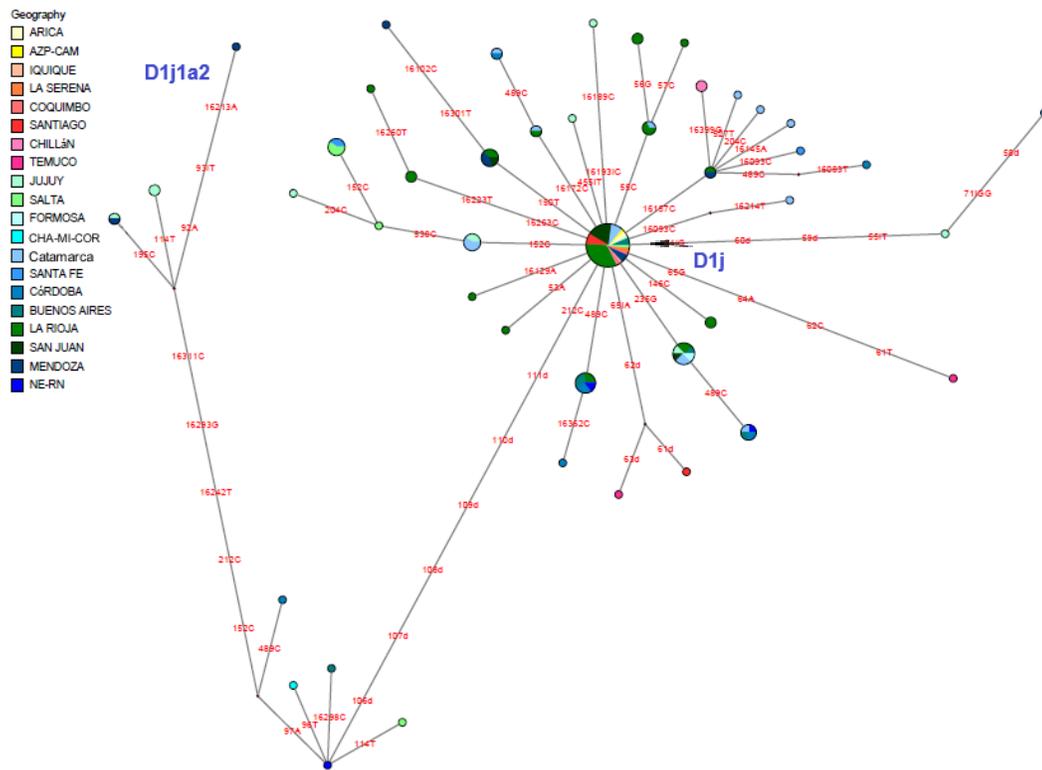


Figura 26. Red haplotípica del linaje D1j. La flecha indica el nodo central del linaje D1j.

El linaje D4h3a, del que derivan D4h3a1a1, D4h3a2, D4h3a4, D4h3a5 y D4ha6, está presente principalmente en poblaciones de Chile. Respecto al linaje D4h3a5 se observa que también está presente en algunos individuos del Sur de Argentina, además algunos de los haplotipos que nacen de D4h3a se presentan en individuos argentinos. En relación con el linaje D4h3a2 este se presenta en individuos chilenos de Santiago, Chillan, entre otros y también en individuos argentinos de Catamarca y San Juan.

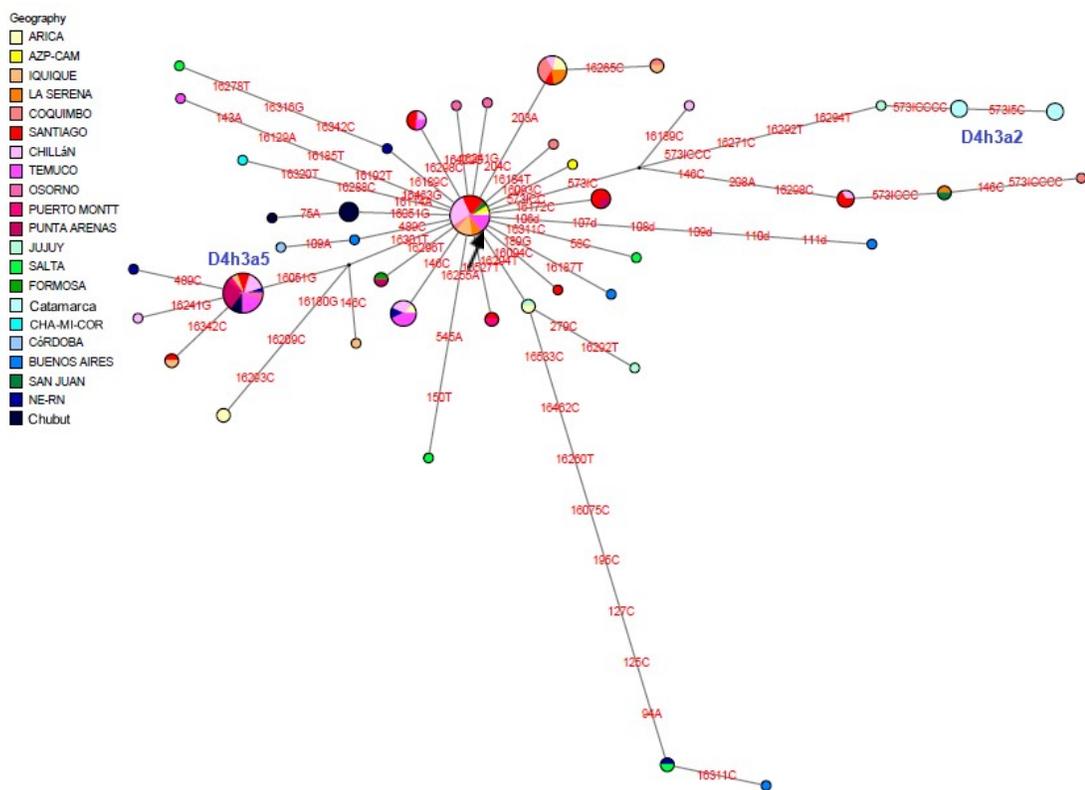


Figura 27. Red haplotípica del linaje D4h3a5. La flecha indica al linaje D4h3a.

5.3. Evaluación modelos de migración

Grupo I

El alineamiento final del grupo I para los análisis en el software Migrate-n, quedo conformado por 1135 pb (pares de bases). Para verificar como es la estructuración de las poblaciones de este grupo se realizó un análisis de Fst (Fig. 28), el cual dio cuenta que las poblaciones del Noreste (Formosa, CHA-MI-COR) y Santa Fe se distancian más del Noroeste Argentina, por lo tanto, del Noreste solo se dejó Formosa debido a que está más cerca de la cordillera y del Noroeste de Argentina, y se excluyó a Santa Fe por las mismas razones. Los modelos de migración evaluados para este grupo se adjuntan en el ANEXO 3, de estos el modelo Full Matrix se realizó dos veces, en el segundo se amplió la distribución de los parámetros THETA y MIG (migración). De los modelos evaluados el que obtuvo el mejor puntaje de likelihood marginal logarítmico fue el que se muestran en la tabla 10 con un puntaje de -23141,5. En la Tabla 11 se muestran los resultados dados por Migrate-n que corresponden a los promedios de la distribución posterior de los parámetros, en esta se observa que la mayor tasa de migración va de Salta a Valle-Selva, seguido por la tasa de Valle-Selva a AZP-CAM. Esta tabla se usó para calcular el Número de Migrantes Efectivo (Tabla 12), los cuales se graficaron en un gráfico circular (Fig. 29).

En la figura 25 se observa que Bolivia migra hacia lo que sería Jujuy, Arica y AZP-CAM, siendo Valle-Selva el que reciba más migrantes seguido por Arica. Respecto a la

migración entre el Norte Grande de Chile y el Noroeste de Argentina, AZP-CAM envía migrantes hacia Jujuy, principalmente hacia Valle-Selva y a Puna. Según este modelo, el Norte Grande de Chile no recibiría migrantes de Salta, Formosa y de Catamarca, ni tampoco migraría a estos territorios.

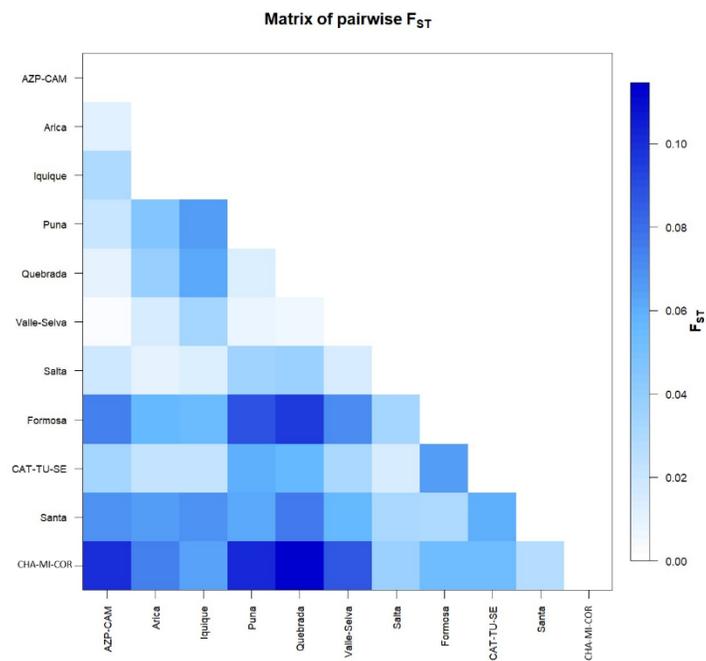


Figura 28. Fst Grupo I. Gráfico de la matriz de Fst de las poblaciones del Norte Grande de Chile y del Norte de Argentina.

Tabla 9. Matriz del modelo de migración entre el Norte Grande de Chile y el Noroeste de Argentina. Matriz del mejor modelo con un puntaje de likelihood marginal logarítmico de -23141,5. Cada número representa una población, siendo los de la fila superior las mismas poblaciones que los de la primera columna. Los números en la fila superior son los que migran o envían migrantes y las columnas son las que reciben a los migrantes. El 0 significa que no hay migración y el asterisco (*) que si hay.

Población	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1.Bolivia	*	*	*	0	*	*	*	0	0	0
2.AZP-CAM	*	*	*	*	*	*	*	0	0	0
3.Arica	*	*	*	*	*	*	*	0	0	0
4.Iquique	0	*	*	*	*	*	*	0	0	0
5.Puna	*	*	*	*	*	*	*	*	0	0
6.Quebrada	*	*	*	*	*	*	*	*	0	0
7.Valle-Selva	*	*	*	*	*	*	*	*	0	0
8.Salta	0	0	0	0	*	*	*	*	*	*
9.Formosa	0	0	0	0	0	0	0	*	*	0
10.Catamarca	0	0	0	0	0	0	0	*	0	*

Tabla 10. Resultados de las distribuciones posteriores para el Norte Grande Chile y el Noroeste de Argentina. Se muestran los valores promedios de las distribuciones posteriores de Theta y de Migración, los valores de theta son para cada población y los valores de Migración corresponden al valor promedio de desde donde y hacia donde migran. Par: Parámetro, Prom: P.

Par	Prom	Par	Prom	Par	Prom	Par	Prom
Theta1	0,00547	M1>2	1416,9	M6>4	157,5	M8>6	2354,8
Theta2	0,01683	M3>2	408,3	M7>4	2483,2	M1>7	2347,1
Theta3	0,07052	M4>2	3435,9	M1>5	1302,8	M2>7	1643,9
Theta4	0,01801	M5>2	843	M2>5	1167,2	M3>7	980,4
Theta5	0,076	M6>2	68	M3>5	1801,7	M4>7	1327,2
Theta6	0,0195	M7>2	3763	M4>5	1094,3	M5>7	2219,3
Theta7	0,05898	M1>3	1495,5	M6>5	1745,5	M6>7	945,3
Theta8	0,34652	M2>3	112,4	M7>5	1806,5	M8>7	4145,1
Theta9	0,01492	M4>3	664,2	M8>5	228,5	M5>8	219,4
Theta10	0,01262	M5>3	1098,3	M1>6	2348,9	M6>8	2217,4
M2>1	711,3	M6>3	2598,5	M2>6	1043,2	M7>8	1921,5
M3>1	2369,9	M7>3	66,2	M3>6	2757,4	M9>8	16,7
M5>1	920,9	M2>4	1575,6	M4>6	138,5	M10>8	172,5
M6>1	1125,5	M3>4	2719,9	M5>6	3344	M8>9	390,9
M7>1	1497,8	M5>4	2225,1	M7>6	172,9	M8>10	1558,6

Tabla 11. Número de Migrantes Efectivo entre el Norte Grande de Chile y el Noroeste de Argentina. Las filas de 1 a 10 migran hacia las columnas de 1 a 10. La diagonal queda en 0. El número de migrantes

efectivos se calculó en base a la tabla anterior.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1	0,00	3,89	12,96	0,00	5,04	6,16	8,19	0,00	0,00	0,00
2	23,85	0,00	6,87	57,83	14,19	1,14	63,33	0,00	0,00	0,00
3	105,46	7,93	0,00	46,84	77,45	183,25	4,67	0,00	0,00	0,00
4	0,00	28,38	48,99	0,00	40,07	2,84	44,72	0,00	0,00	0,00
5	99,01	88,71	136,93	83,17	0,00	132,66	137,29	17,37	0,00	0,00
6	45,80	20,34	53,77	2,70	65,21	0,00	3,37	45,92	0,00	0,00
7	138,43	96,96	57,82	78,28	130,89	55,75	0,00	244,48	0,00	0,00
8	0,00	0,00	0,00	0,00	76,03	768,37	665,84	0,00	5,79	59,77
9	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	5,83	0,00	0,00
10	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	19,67	0,00	0,00

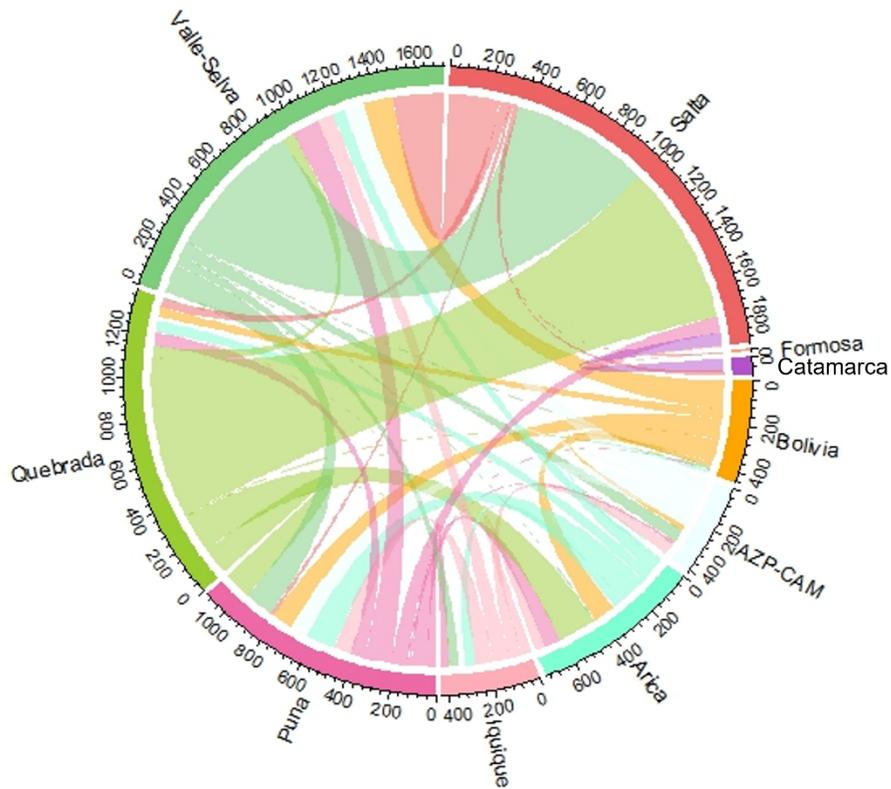


Figura 29. Gráfico circular del Grupo I. Fuera del círculo se señalan los nombres de las poblaciones del Grupo I evaluadas por Migrate-n. Cada población se representa con un color, los que se ubican en la circunferencia junto a los nombres y quedan cuenta desde donde y hacia donde se migra. Los números indican el rango de migrantes. AZP-CAM: Azapa-Camarones. Puna, Quebrada y Valle-Selva corresponden a Jujuy.

Grupo II

El alineamiento final usado en Migrate-n quedo con 1026 pb. Debido a que los modelos evaluados no dieron ningún error relacionado con el tamaño poblacional u otros, se mantuvo el número de poblaciones. Los modelos evaluados se adjuntan en el ANEXO 3, de estos los modelos 2 y 8 se hicieron dos veces cada uno, aumentando las distribuciones de los parámetros Theta y Mig. De los ocho modelos el que tuvo mejor

puntaje fue el 7 con un puntaje de likelihood marginal logarítmico de -18380,01 y que se muestra en la Tabla 13. En la Tabla 14 se adjuntan los valores promedios de las distribuciones posteriores, en esta se observa que la mayor tasa de migración va desde Santiago a SF-LA, seguido por la tasa de migración desde Santiago a Mendoza. En la Tabla 15 se muestra el Número de Migrantes Efectivos calculados con la tabla anterior, la que se graficó en la Fig. 30 y que da cuenta que hay migración desde Coquimbo hacia San Juan, pero baja, también que hay migración desde La Serena hacia La Rioja y San Juan, que es más alta que la de Coquimbo. En la dirección contraria, Coquimbo recibe migrantes desde La Rioja, pero muy pocos, y La Serena recibe tanto de La Rioja como de San Juan. Respecto a Mendoza, este recibe migrantes desde Santiago y SF-LA y viceversa, siendo Santiago el que más aporta a Mendoza y Mendoza la que más aporta a Santiago. La figura muestra que Córdoba y Buenos Aires no reciben migrantes de Chile ni viceversa.

Tabla 12. Matriz del modelo de migración con mejor puntaje entre la Región de Coquimbo, SF-LA, Santiago y el Centro Oeste de Argentina, junto a Córdoba y Buenos Aires. Matriz del mejor modelo con un puntaje de likelihood marginal logarítmico de -18380.01. Cada número representa una población, siendo los de la fila superior las mismas poblaciones que los de la primera columna. Los números en la fila superior son los que migran o envían migrantes y las columnas son las que reciben a los migrantes. El 0 significa que no hay migración y el asterisco (*) que si hay. SF-LA: San Felipe-Los Andes.

Población	1	2	3	4	5	6	7	8	9
1.Coquimbo	*	*	*	*	*	0	0	0	0
2.La Serena	*	*	*	*	*	0	0	0	0
3.San Juan	*	*	*	*	0	0	*	0	0
4.La Rioja	*	*	*	*	0	0	0	*	0
5.SF-LA	*	*	0	0	*	*	*	0	0
6.Santiago	0	0	0	0	*	*	*	0	0
7.Mendoza	0	0	*	0	*	*	*	0	0
8.Córdoba	0	0	0	*	0	0	0	*	*
9.Buenos Aires	0	0	0	0	0	0	0	*	*

Tabla 13. Resultados de las distribuciones posteriores para la Región de Coquimbo, Santiago y el Centro Oeste de Argentina, junto a Córdoba y Buenos Aires. Par: Parámetro, Prom: Promedio

Par	Prom	Par	Prom	Par	Prom
Theta1	0,01475	M1>2	1065,7	M6>5	7722,6
Theta2	0,03363	M3>2	727,6	M7>5	353,9
Theta3	0,02823	M4>2	1886,1	M7>6	1970
Theta4	0,00467	M5>2	179,9	M3>7	2860
Theta5	0,04885	M5>6	618,9	M5>7	1783,7
Theta6	0,05891	M1>3	173,5	M6>7	6752,8
Theta7	0,0119	M2>3	2049,2	M4>8	1509,6
Theta8	0,01049	M4>3	350,5	M9>8	4623,5
Theta9	0,10752	M7>3	698,4	M8>9	4657,1
M2>1	418,2	M1>4	37,9		
M3>1	48,2	M2>4	943,9		
M4>1	683,4	M3>4	170,7		
M5>1	4299,1	M8>4	786,4		
M1>5	4289,8	M2>5	827,9		

Tabla 14. Número de Migrantes Efectivo entre la Región de Coquimbo, Santiago y el Centro Oeste de Argentina, junto Córdoba y Buenos Aires.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9
1	0,00	6,17	0,71	10,08	63,41	0,00	0,00	0,00	0,00
2	35,84	0,00	24,47	63,43	6,05	0,00	0,00	0,00	0,00
3	4,90	57,85	0,00	9,89	0,00	0,00	19,72	0,00	0,00
4	0,18	4,41	0,80	0,00	0,00	0,00	0,00	3,67	0,00
5	209,56	40,44	0,00	0,00	0,00	377,25	17,29	0,00	0,00
6	0,00	0,00	0,00	0,00	36,46	0,00	116,05	0,00	0,00
7	0,00	0,00	34,03	0,00	21,23	80,36	0,00	0,00	0,00
8	0,00	0,00	0,00	15,84	0,00	0,00	0,00	0,00	48,50
9	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	500,73	0,00

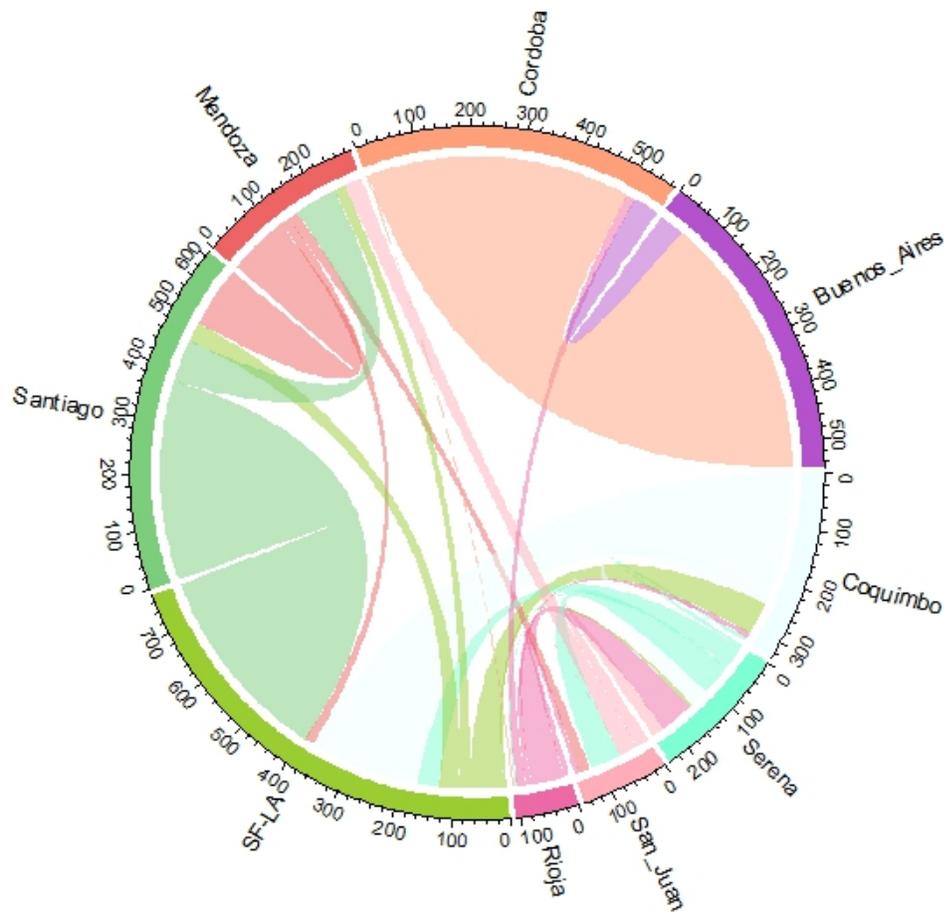


Figura 30. Gráfico circular del Grupo II.

Grupo III

El alineamiento para este grupo y que se usó en los análisis, quedo en 1128 pb. Se evaluaron siete modelos, que se adjuntan en el ANEXO 3, de estos el modelo Source Sink (modelo 4) se realizó dos veces, ampliando las distribuciones de los parámetros Theta y Mig con el fin de mejorar los resultados. El mejor modelo es el Full Matrix con un puntaje de -15537,48 y que se adjunta en la Tabla 16. En la Tabla 17 se adjuntan los resultados promedios de las distribuciones posteriores, que muestran que la mayor tasa de migración es entre Temuco a Puerto Montt, seguida de la tasa de NE-RN a Punta Arenas. A partir de estos resultados se calculó el Número de migrantes efectivo (Tabla 18) con lo que se realizó el gráfico circular (Fig. 31) que da cuenta que en este grupo hay migración entre todas las poblaciones. El mayor número de migrantes va de Temuco a Chubut, seguido por la migración desde Chillán hacia Osorno.

Tabla 15. Matriz del modelo de migración con mejor puntaje entre la zona Centro-Sur y Sur de Chile y la Patagonia Argentina. Matriz del mejor modelo con un puntaje de likelihood marginal logarítmico de -15537,48 entre Centro-Sur y Sur de Chile y la Patagonia Argentina. Cada número representa una población, siendo los de la fila superior las mismas poblaciones que los de la primera columna. Los números en la fila superior son los que migran o envían migrantes y las columnas son las que reciben a los migrantes. El 0 significa que no hay migración y el asterisco (*) que si hay. NE-RN: Neuquén-Río Negro.

Población	1	2	3	4	5	6	7
1. Chillán	*	*	*	*	*	*	*
2. Temuco	*	*	*	*	*	*	*
3. NE-RN	*	*	*	*	*	*	*
4. Osorno	*	*	*	*	*	*	*
5. Puerto Montt	*	*	*	*	*	*	*
6. Punta Arenas	*	*	*	*	*	*	*
7. Chubut	*	*	*	*	*	*	*

Tabla 16. Resultados de las distribuciones posteriores para el Centro-Sur y Sur de Chile y la Patagonia Argentina.

Par	Prom	Par	Prom	Par	Prom	Par	Prom
Theta 1	0,04647	M1>2	2162,7	M2>4	3981	M3>6	6483,8
Theta 2	0,04892	M3>2	487,5	M3>4	1887	M4>6	1978,1
Theta 3	0,01241	M4>2	566,3	M5>4	600,5	M5>6	1553,8
Theta 4	0,03639	M5>2	180	M6>4	2662	M7>6	1688,9
Theta 5	0,01727	M6>2	773,9	M7>4	4033	M1>7	1938
Theta 6	0,01212	M7>2	497,8	M1>5	3413	M2>7	2715,8
Theta 7	0,09109	M1>3	1798,1	M2>5	6677	M3>7	703,9
M2>1	2807,6	M2>3	4762,8	M3>5	1730	M4>7	1925,3
M3>1	843	M4>3	357	M4>5	913,8	M5>7	2277,1
M4>1	888,3	M5>3	1294,6	M6>5	1769	M6>7	670,1
M5>1	800,1	M6>3	818,5	M7>5	1712		
M6>1	716,1	M7>3	1410,5	M1>6	5156		
M7>1	893,5	M1>4	6369,7	M2>6	3512		

Tabla 17. Número de Migrantes Efectivo entre la zona Centro-Sur y Sur de Chile y la Patagonia Argentina.

	1	2	3	4	5	6	7
1	0,0	130,5	39,2	41,3	37,2	33,3	41,5
2	105,8	0,0	23,8	27,7	8,8	37,9	24,4
3	22,3	59,1	0,0	4,4	16,1	10,2	17,5
4	231,8	144,9	68,7	0,0	21,9	96,9	146,8
5	58,9	115,3	29,9	15,8	0,0	30,5	29,6
6	62,5	42,6	78,6	24,0	18,8	0,0	20,5
7	176,5	247,4	64,1	175,4	207,4	61,0	0,0

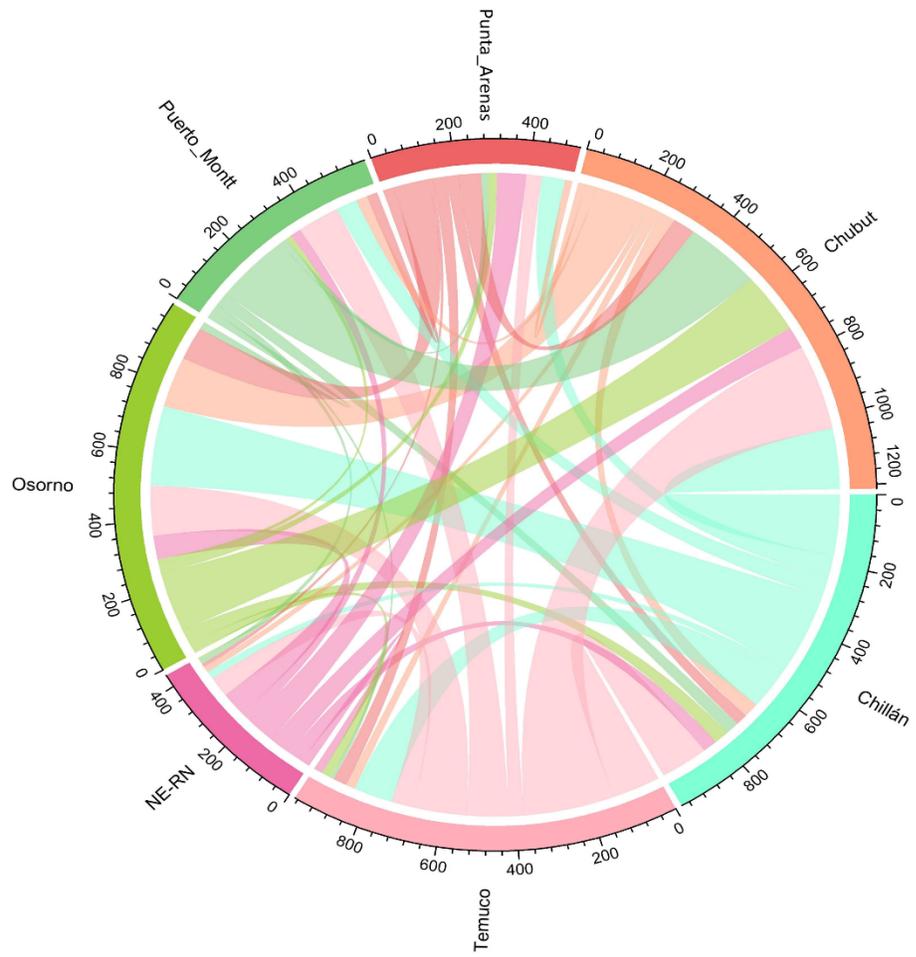


Figura 31. Gráfico Circular del Grupo III.

Estimación tiempos de coalescencia

El modelo de 200 millones de generaciones corrido en BEAST obtuvo una probabilidad posterior de -39263,98 y un likelihood de -33578,84, todos los valores de ESS (Effective Sample Size) estuvieron sobre 200. Para generar el árbol (Fig. 32) se usó un burn-in del 25% y un límite de probabilidad posterior de 0,7. En la izquierda de la Fig. 28 se muestra la reconstrucción completa y a la derecha se muestran dos haplogrupos que pueden ser de interés para evaluar migración. El linaje D1g5a (Fig. 32a), está conformado por individuos de la vertiente oriental y por individuo de la vertiente occidental, este clado presenta una fecha de coalescencia de 1044,4-9146,53 años. D1j (Fig. 32b) presenta una fecha de coalescencia de 7661,28-37031,67. En este clado principalmente conformado por individuos argentinos también se observan tres individuos chilenos.

Respecto a las reconstrucciones filogenéticas, debido a que no aportaron información relevante para evaluar la migración entre ambas vertientes de los Andes, las figuras de cada haplogrupo usando Máxima Verosimilitud e Inferencia Bayesiana se pusieron en el ANEXO 4.

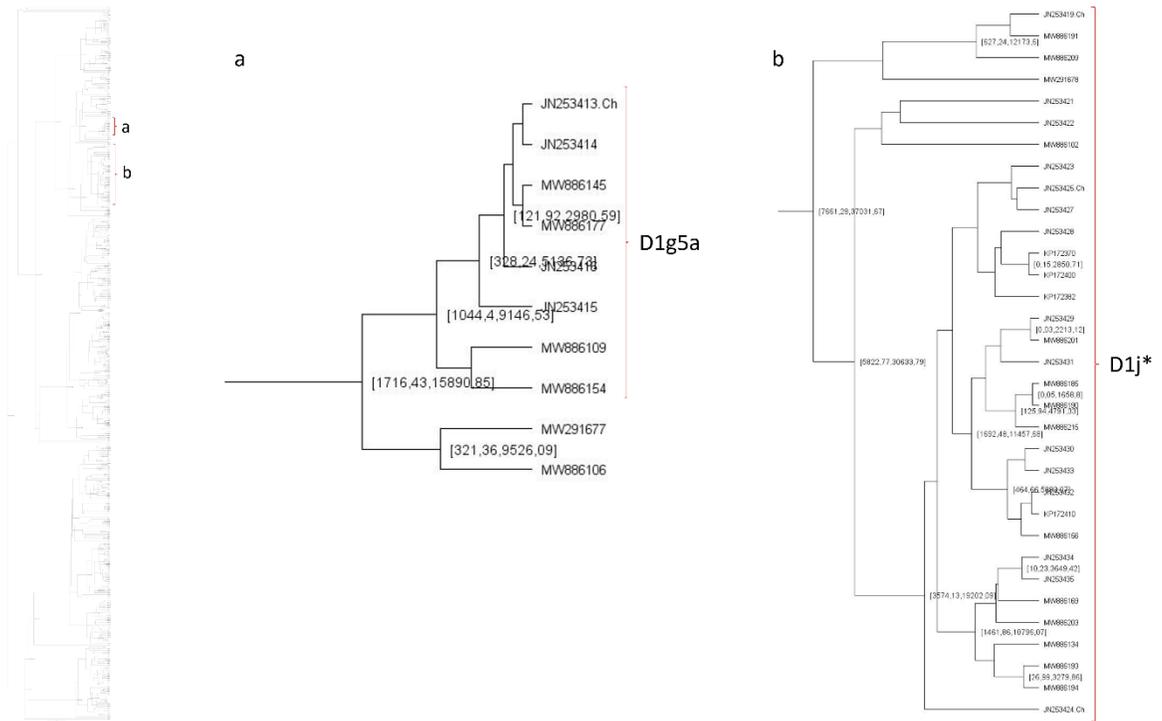


Figura 32. Estimación tiempos de coalescencia. A la izquierda de la imagen se observa la reconstrucción con todos los mitogenomas de Chile y Argentina. **a** es la reconstrucción del haplogrupo D1g5a y **b** es la reconstrucción de D1j*. También se añadieron mitogenomas de individuos de África (L3) y otros pertenecientes a los haplogrupos M, N, para usarlos como outgroups y para poder calibrar las fechas de los haplogrupos americanos.

6. DISCUSIÓN

Al analizar los resultados obtenidos de la caracterización haplotípica se observa que en ambos países hay un gradiente latitudinal en la distribución de algunos linajes mitocondriales, por ejemplo, A2, B2, B2i2b, C1b13, D1g y D4h3a5. Para el caso de Chile esta situación es descrita por otros autores como Moraga y col (2010). Respecto a la distribución de los linajes en Chile, algunos que son descritos para el Sur de este territorio se encuentran en la zona Norte y Centro. Esta situación podría estar evidenciando los diferentes procesos de migración ocurridos en Chile, por ejemplo, la migración campo-ciudad, o la migración de ciudades con menor tamaño poblacional y/o escasa oferta laboral a otras localidades con mayor oferta laboral (Jorquera Navarro, 2016), por ejemplo, en la producción del trigo, plata y posteriormente en la minería del salitre y del cobre (Biblioteca Nacional de Chile, n.d.). En el caso de las empresas salitreras, estas captaban mano de obra de poblaciones del Centro y Sur del país, que más tarde producto de la crisis de esta industria migraban hacia otras localidades el Norte o hacia el Centro de Chile (Godoy Orellana, 2019). Las migraciones del sur del país a centros urbanos como Santiago, ya sea por la migración campo-ciudad o por la situación descrita en la minería, se observa en el PCA, ya que Santiago según la dimensión 2 estaría más al sur que Chillán y Temuco.

Por el lado oriental la mayor frecuencia de los linajes B2i2b, C1b13 y D4h3a5 en el Sur de Argentina estarían dando cuenta de la poca interacción entre lo que se considera la

Patagonia Argentina con el Centro y Pampa de este territorio. Esto estaría apoyando lo descrito por otros autores que usando datos nucleares o de mitogenomas dan cuenta de un flujo limitado entre el sur y centro de Argentina (Luisi et al., 2020; García et al., 2021)

Otro punto por destacar respecto a la caracterización haplotípica es la presencia de los linajes del Centro de Argentina en Chile, como son los casos de C1d1b y D1j, esta situación podría asociada al movimiento de grupos indígenas desde Argentina a Chile, idea que se desarrollara en los próximos párrafos. En el caso de D4h3a2, Perego y col (Perego et al., 2009) mencionan que este haplogrupo solo se encuentra en Chile, a diferencia de lo reportado por Motti y col (2009), que encontró a un individuo en San Juan con este haplogrupo, y que menciona que esto puede ser explicado por la relación política y económica entre esta provincia y San Juan. Considerando esto, y a que se encontraron individuos en más de una provincia de Argentina, sería importante discutir más sobre este linaje y ver qué información nos puede ofrecer sobre los procesos de migración.

Siguiendo con los resultados de los análisis de estructuración y Migrate-n, las poblaciones del Norte Grande de Chile son más cercanas al Noroeste Argentino, y se observó que hay migración entre estos territorios, principalmente entre Arica y Quebrada (y viceversa), entre Valle-Selva y AZP-CAM (y Viceversa) y entre Puna y

AZP-CAM, estos resultados son similares a lo obtenido por Postillone y col (2014), quienes mencionan que la distancia genética entre los Valles de Azapa-Lluta-Camarones y Agua Caliente (Puna, Jujuy) es menor a la distancia entre los Valles y el Sitio Los Amarillos (Quebrada de Humahuaca). Respecto a la distancia genética entre el Noreste y Noroeste Argentino, puede ser explicada por la cercanía del Noreste con el Amazonas, ya que estas poblaciones presentan una estructura genética similar, diferente a lo que se observa con las poblaciones de los Andes (Ribeiro-dos-Santos et al., 2020). Estos resultados se ven apoyados por el test de Mantel que dan cuenta que hay una correlación positiva entre la distancia genética y la distancia geográfica, indicando que la distancia entre el Noroeste Argentino y el Norte Grande Chile limitarían el flujo genético entre estos.

En este grupo hubiese sido útil agregar muestras de San Pedro de Atacama y alrededores para evaluar cómo es la migración entre esta y Jujuy, debido a la importancia en periodos prehispánicos e históricos en las redes de interacción, por lo que sería una tarea por realizar a futuro y así poder discutir con mayor profundidad los antecedentes arqueológicos e históricos.

En el Grupo II, la tasa de migración registrada desde La Rioja y San Juan a la Serena podría estar evidenciando los procesos ocurridos en tiempos históricos de movilidad de grupos indígenas a Chile como mano de obra durante el proceso de colonización,

ejemplo de ello es lo descrito por algunos autores que mencionan que uno de los grupos que se vieron obligados a movilizarse fueron los huarpes (Hevilla, 1999). Este proceso pudo implicar que haplogrupos del Centro de Argentina se presenten en algunas localidades de Chile. Otro factor que pudo contribuir a la migración entre la Región de Coquimbo y las provincias de San Juan y la Rioja es la trashumancia, como la que se ha observado en los Altos Valles de Calingasta (Provincia de San Juan) y que tuvo su génesis en el siglo XVI, con la llegada de los primeros carneros a la zona central de Chile. El ganado caprino se concentra en los valles de Limarí y Choapa, y en los veranos se traslada a los valles intercordilleranos con el fin de producir más. El tránsito generó un intercambio comercial y de ganado que propició el establecimiento de relaciones familiares, y que favoreció el desarrollo de esta práctica (Alvarez, 2021).

Respecto a la migración entre Santiago y Mendoza, que es la que presentó la mayor tasa de migración en el Grupo II, Giamportene (Giamportene, 2006) menciona que en el siglo XIX familias de la clase pobre de Chile migraron por los Andes hacia Mendoza para establecerse por medio de concesiones de tierra y derechos civiles. Además, Mendoza y San Juan fueron parte del Corregimiento de Cuyo del Reino de Chile hasta 1776, lo que ayudó a que Chile pudiera movilizar a grupos de personas como mano de obra desde estas provincias (Gascón, 2009). La ausencia de migración entre Córdoba, Buenos Aires y las ciudades de Chile, se ve reflejado en el Test de Mantel, que muestra una correlación positiva, dando cuenta que en general las poblaciones más alejadas

geográficamente son las que más se distancian genéticamente.

La Patagonia Argentina (Neuquén-Río Negro y Chubut) es más cercana al Centro y Sur de Chile que al Centro y Pampa de Argentina. Además, se observó que hay migración entre el Centro-Sur y Sur de Chile con el Sur de Argentina. El resultado de estructuración es similar a lo descrito por García y col (2021), ya que mencionan que la relación entre la Pampa y el Sur de Argentina estaría limitada, ya que no comparten los mismo subhaplogrupos. Nakatsuka y col (2020) también menciona una situación similar, en que entre la Patagonia Argentina y la Pampa habría flujo genético limitado, habiendo mayor interacción entre la Patagonia Argentina y el Centro y Sur de Chile, lo que se observa en la Fig. 27. Esta situación podría ser explicada por lo mencionado por Roca-Rada et al. (2021) donde las capas de hielo presentes durante la transición del Pleistoceno-Holoceno pudieron limitar la movilidad de grupos fuera de la Patagonia Argentina a este territorio. Además, la estructuración y el modelo de migración del Grupo III podrían estar evidenciando lo descrito en los antecedentes históricos, en que en diferentes momentos hubo procesos de migración en busca de trabajo, como es el caso de la comunidad de Escorial (Gundermann et al., 2009) o la migración chilota tanto hacia la Región de Magallanes como al Sur de Argentina (Jorquera Navarro & Jaramillo Rojas, 2010). Respecto al resultado del Test de Mantel para este grupo dio una correlación negativa, lo que estaría dando cuenta que la distancia geográfica no fue una limitante del flujo genético entre las poblaciones. Además, la menor altitud de la

cordillera de los Andes sería un factor que facilita el tránsito de las poblaciones del Sur de Chile y Sur de Argentina.

El hecho de que se observen procesos de migración con el ADN mitocondrial estaría dando cuenta que no solo los hombres se movilizaban en busca de trabajo, sino también las mujeres, posiblemente acompañando a sus esposos y familias en tiempos históricos o para establecer alianzas entre grupos en tiempos prehispánicos, como los casos que se mencionaron en los antecedentes.

Respecto a la estimación de los tiempos de coalescencia, al usar un límite de probabilidad posterior de 0,7 implicó que varios nodos no presentaran una fecha. A los dos clados a los que se les puso énfasis, García y col (2021) proponen una fecha de 789,93 – 9023,15 año cercana a la calculada en esta investigación (1044,4-9146,53 años). García y col. (2021) lo consideran un clado local que se vincula con otros linajes del Cono Sur, por lo tanto, se podría proponer que desde Argentina migro a Chile. En relación con el linaje D1j, Roca-Rada y col. (2021) calcularon una fecha de coalescencia de 20790-11495 años y De Saint Pierre (2017) de 26100-7300 años, la fecha calculada en este trabajo es de 7661,28-37031,67 años, rango mucho más amplio que los dos anteriores. En este caso habría que ser cautelosos a la hora de hacer conclusiones y sería necesario evaluar este clado. Respecto a cuando pudieron ocurrir los procesos de migración desde Argentina a Chile no se logró establecer un periodo de tiempo, ya que

los clados en que ubicaron los individuos chilenos no presentaban fechas de coalescencias, las que podrían ayudar a saber en qué momento divergieron del haplogrupo nodal. Debido a que la mayoría de las muestras se concentraron en el centro de Argentina, algunos linajes patagónicos quedaron subrepresentados, por lo que no se analizaron los tiempos de coalescencia de D4h3a5 o B2i2b, que si están bien representados en Chile. De todas formas, estimar los tiempos de coalescencia puede ayudar a comparar y discutir las fechas propuestas por otros autores, pero como no era el objetivo principal de este trabajo no se profundizó en ello.

Respecto a los tiempos en que pudieron ocurrir los procesos de migración entre ambas vertientes de los Andes, sería útil usar otros marcadores moleculares y métodos para dar fechas más precisas. Usar otros marcadores ayudaría a incorporar más información sobre estos procesos y evaluar no solo lo que sucede por línea materna.

7. CONCLUSIÓN

Con la metodología empleada y los resultados obtenidos, y que se describieron en esta tesis, se logró:

- Caracterizar la diversidad haplotípica de las poblaciones del lado oriental y occidental de Los Andes.
- Comparar la diversidad genética de la vertiente oriental y occidental de Los Andes.
- Analizar las relaciones y el nivel de flujo genético a distintas latitudes entre las poblaciones del lado este y oeste de la cordillera de los Andes.

Respecto al último objetivo, se logró dar direccionalidad a la movilidad de las poblaciones y cuantificar el número de migrantes. Lo que no se pudo lograr fue la estimación de los tiempos en que pudieron ocurrir los procesos de migración. Esto puede ser evaluado en otro trabajo y con otro tipo de marcadores y métodos, por ejemplo, con marcadores autosómicos. Respecto a la hipótesis de si “ha existido movilidad y flujo genético transcordillerano entre grupos humanos de la vertiente oriental y occidental de la cordillera de Los Andes durante el Holoceno”, se observó que hay migración entre las poblaciones de la vertiente oriental más cercanas a la cordillera de los Andes con las poblaciones de la vertiente occidental. Considerando esto, se puede proponer que la Cordillera de los Andes no es una barrera que limite la movilidad de los grupos humanos y que la movilidad descrita desde la arqueología y la historia, también se observa a nivel genético.

8. REFERENCIAS

- Adán, L., Mera, R., Navarro, X., Campbell, R., Quiroz, D., & Sánchez, M. (2017). Historia prehispánica en la región Centro-Sur de Chile: Cazadores-recolectores holocénicos y comunidades alfareras (ca. 10.000 años a.C. a 1.550 años d.C.). In F. Falabella, M. Uribe, L. Sanhueza, C. Aldunate, & J. Hidalgo (Eds.), *Prehistoria en Chile. Desde sus primeros habitantes hasta los Incas* (Primera, pp. 401–441). Editorial Universitaria.
- Alvarez, M. (2021). Paradiplomacia e integración transfronteriza: las veranadas en los Altos Valles de Calingasta. *Si Somos Americanos*, 21(2), 70–93.
- Andrews, R. M., Kubacka, I., Chinnery, P. F., Lightowlers, R. N., Turnbull, D. M., & Howell, N. (1999). Reanalysis and revision of the cambridge reference sequence for human mitochondrial DNA [5]. *Nature Genetics*, 23(2), 147. <https://doi.org/10.1038/13779>
- Bandelt, H. J., Forster, P., & Röhl, A. (1999). Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Molecular Biology and Evolution*, 16(1), 37–48.
- Bandelt, H. J., Herrnstadt, C., Yao, Y. G., Kong, Q. P., Kivisild, T., Rengo, C., Scozzari, R., Richards, M., Villems, R., Macaulay, V., Howell, N., Torroni, A., & Zhang, Y. P. (2003). Identification of Native American founder mtDNAs through the analysis of complete mtDNA sequences: Some caveats. *Annals of Human Genetics*, 67(6), 512–524. <https://doi.org/10.1046/j.1469-1809.2003.00049.x>
- Beerli, P. (2012). *Migrate Documentation*. <https://doi.org/10.4324/9781315786346-5>
- Beerli, P., Mashayekhi, S., Sadeghi, M., Khodaei, M., & Shaw, K. (2019). Population Genetic Inference With MIGRATE. *Current Protocols in Bioinformatics*, 68(1), 1–28. <https://doi.org/10.1002/cpbi.87>
- Bellelli, C., Scheinsohn, V., & Podestá, M. (2008). Arqueología de pasos cordilleranos: Un caso de estudio en Patagonia Norte durante el Holoceno Tardío. *Boletín Del Museo Chileno de Arte Precolombino*, 13(2), 37–55.
- Berón, M., Di Biase, A., Musaubach, . Gabriela, & Páez, F. (2017). Enclaves Y Espacios Internodales En La Dinámica De Poblaciones En El Wall-Mapu: Aportes Desde La Arqueología Pampeana. *Estudios Atacameños, ahead*, 0–0. <https://doi.org/10.4067/s0718-10432017005000008>
- Berón, M., Leandro, L., & Aranda, C. (2007). Variabilidad Y Tendencias Temporales De Las Prácticas Mortuorias En El Sitio Chenque I. *Actas Del XVI Congreso Nacional de Arqueología Argentina*.
- Berón, M., & Luna, L. (2007). Modalidades De Entierro En El Sitio Chenque I. Diversidad Y Complejidad De Los Patrones Mortuorios De Los Cazadores- Recolectores Pampeanos. *Arqueología En Las Pampas, January 2007*, 129–142.
- Berón, M., Luna, L., & Barberena, R. (2013). Isótopos de oxígeno en restos humanos del sitio Chenque I: Primeros resultados sobre procedencia geográfica de individuos. In A. Zangrando, R. Barberena, A. Gil, G. Neme, M. Giardina, L. Luna, C. Otaola, S. Paulides, L. Salgán, & A. Tivoli (Eds.), *Tendencias teórico-metodológicas y casos de estudio en la arqueología de la Patagonia* (Issue August 2016, pp. 27–38).
- Berón, M., Mera, C. R., & Doina, M. (2012). Traspasando barreras, interacciones sociales y

- conflicto allende la Cordillera Andina. In S. C. de Arqueología (Ed.), *Actas del XVIII Congreso Nacional de Arqueología Chilena* (pp. 339–346).
- Biblioteca Nacional de Chile. (n.d.). *Migración campo ciudad (1885-1952). Memoria Chilena. Disponible en <https://www.memoriachilena.gob.cl/602/w3-article-750.html> . Consultado en 27/10/2023.*
- Bobillo, M. C., Zimmermann, B., Sala, A., Huber, G., Röck, A., Bandelt, H. J., Corach, D., & Parson, W. (2010). Amerindian mitochondrial DNA haplogroups predominate in the population of Argentina: Towards a first nationwide forensic mitochondrial DNA sequence database. *International Journal of Legal Medicine*, 124(4), 263–268. <https://doi.org/10.1007/s00414-009-0366-3>
- Brandini, S., Bergamaschi, P., Cerna, M. F., Gandini, F., Bertolini, E., Cereda, C., Ferretti, L., Alberto, G., Salas, A., Semino, O., Achilli, A., Olivieri, A., Torroni, A., Trsfusionale, M., Irccs, F., & San, P. (2017). The Paleo-Indian Entry into South America According to Mitogenomes. *Molecular Biology and Evolution*, 35(2), 299–311. <https://doi.org/10.1093/molbev/msx267>
- Callegari, A. (1997). Interacción entre el Valle de Copiapo y el Centro-Norte del Valle de Vinchina (La Rioja). *Estudios Atacamenos*, 14, 131–142.
- Caniupán, M., Lamy, F., Lange, C. B., Kaiser, J., Arz, H., Kilian, R., Baeza Urrea, O., Aracena, C., Hebbeln, D., Kissel, C., Laj, C., Mollenhauer, G., & Tiedemann, R. (2011). Millennial-scale sea surface temperature and Patagonian Ice Sheet changes off southernmost Chile (53 °s) over the past ~60 kyr. *Paleoceanography*, 26(3), 1–10. <https://doi.org/10.1029/2010PA002049>
- Cantarelli, A. P. (2007). El sur de Mendoza y sus relaciones con el espacio trasandino. Siglos XVI al XIX. *Ponencia Mendoza*, 1–11.
- Cardoso, S., Palencia-Madrid, L., Valverde, L., Alfonso-Sánchez, M. A., Gómez-Pérez, L., Alfaro, E., Bravi, C. M., Dipierri, J. E., Peña, J. A., & De Pancorbo, M. M. (2013). Mitochondrial DNA control region data reveal high prevalence of Native American lineages in Jujuy province, NW Argentina. *Forensic Science International: Genetics*, 7(3). <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2013.01.007>
- Castro, V., Aldunate, C., Berenguer, J., Cornejo, L., Sinclair, C., & Varela, V. (1994). Relaciones entre el noroeste argentino y el norte de Chile: el sitio 02-Tu-002, Vegas de Turi. *Taller: De Costa a Selva: Producción e Intercambio Entre Los Pueblos Agroalfareros de Los Andes Centro-Sur*, 215–239.
- Castro, V., Berenguer, J., Gallardo, F., Llagostera, A., & Salazar, D. (2017). Vertiente Occidental Circumpuneña. Desde las sociedades posarcaicas hasta los preincas (ca 1500 años a.C. a 1470 años d.C.). In F. Falabella, M. Uribe, L. Sanhueza, C. Aldunate, & J. Hidalgo (Eds.), *Prehistoria en Chile. Desde sus primeros habitantes hasta los incas* (1° ed). Editorial Universitaria.
- Catelli, M. L., Álvarez-Iglesias, V., Gómez-Carballa, A., Mosquera-Miguel, A., Romanini, C., Borosky, A., Amigo, J., Carracedo, Á., Vullo, C., & Salas, A. (2011). The impact of modern migrations on present-day multi-ethnic Argentina as recorded on the mitochondrial DNA genome. *BMC Genetics*, 12(1), 77. <https://doi.org/10.1186/1471-2156-12-77>

- Cattaneo, G. (2005). Tecnología lítica en la localidad arqueológica Piedra Museo (Santa Cruz, Argentina). *Relaciones de La Sociedad Argentina de Antropología*, 30(30), 79–104.
- Cornejo, L., & Sanhueza, L. (2011). Caminos que Cruzan la Cordillera: El Rol del Paso del Maipo en la Ocupación de la Cordillera en Chile Central. *Revista Chilena de Antropología*, 0(23), 101–122. <https://doi.org/10.5354/0719-1472.2011.15563>
- Costa, M. A., Matheson, C., Iachetta, L., Llagostera, A., & Appenzeller, O. (2009). Ancient Leishmaniasis in a highland desert of Northern Chile. *PLoS ONE*, 4(9). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0006983>
- Cremonte, M., & Pereyra, L. (2013). *Atlas de pastas cerámicas arqueológicas: petrografía de estilos alfareros del NOA* (1st ed.). Universidad Nacional de Jujuy.
- Danecek, P., & Bonfield, J. K. (2021). Twelve years of SAMtools and BCftools. *Gugascience*, 10(2).
- Davies, B. J., Darvill, C. M., Lovell, H., Bendle, J. M., Dowdeswell, J. A., Fabel, D., García, J. L., Geiger, A., Glasser, N. F., Gheorghiu, D. M., Harrison, S., Hein, A. S., Kaplan, M. R., Martin, J. R. V., Mendelova, M., Palmer, A., Pelto, M., Rodés, Á., Sagredo, E. A., ... Thorndycraft, V. R. (2020). The evolution of the Patagonian Ice Sheet from 35 ka to the present day (PATICE). *Earth-Science Reviews*, 204(September 2019), 103152. <https://doi.org/10.1016/j.earscirev.2020.103152>
- De Jong, I. (2014). El “negocio de la paz”: la política diplomática de Calfucurá durante la organización nacional (1862-1873). In H. Trincherro, L. Muñoz Campos, & S. Valverde (Eds.), *Pueblos indígenas, Estados nacionales y fronteras* (pp. 155–197).
- De Saint Pierre, M. (2017). Antiquity of mtDNA lineage D1g from the southern cone of South America supports pre-Clovis migration. *Quaternary International*, 444, 19–25. <https://doi.org/10.1016/j.quaint.2017.05.054>
- 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). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0043486>
- De Saint Pierre, M., Gandini, F., Perego, U. A., Bodner, M., Go, A., Corach, D., Angerhofer, N., Woodward, S. R., Semino, O., Salas, A., Parson, W., Moraga, M., Achilli, A., & Torroni, A. (2012). Arrival of Paleo-Indians to the Southern Cone of South America: New Clues from Mitogenomes. *PLoS ONE*, 7(12), 1–9. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0051311>
- Dillehay, T. D., Bonavia, D., Goodbred, S. L., Pino, M., Vásquez, V., & Tham, T. R. (2012). A late Pleistocene human presence at Huaca Prieta, Peru, and early Pacific Coastal adaptations. *Quaternary Research*, 77(3), 418–423. <https://doi.org/10.1016/j.yqres.2012.02.003>
- Dillehay, T. D., Ramírez, C., Pino, M., Collins, M. B., Rossen, J., & Pino-Navarro, J. D. (2008). Monte Verde: Seaweed, food, medicine, and the peopling of South America. *Science*, 320(5877), 784–786. <https://doi.org/10.1126/science.1156533>
- Durán, V., Giesso, M., Glascock, M., Neme, G., Gil, A., & Sanhueza R, L. (2004). Estudio de fuentes de aprovisionamiento y redes de distribución de obsidiana durante el Holoceno Tardío en el sur de Mendoza (Argentina). *Estudios Atacameños*, 43(28), 25–43.

- <https://doi.org/10.4067/s0718-10432004002800004>
- Escolar, D., Salomón Tarquini, C., & Vezub, J. E. (2015). La “Campaña del desierto” (1870-1890): Notas para una crítica historiográfica. In F. Lorenz (Ed.), *Guerras de la Historia Argentina*. ariel Historia.
- 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*, 564–567. <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2010.02847.x>
- Fagundes, N. J. R., Kanitz, R., Eckert, R., Valls, A. C. S., Bogo, M. R., Salzano, F. M., Smith, D. G., Silva, W. A., Zago, M. A., Ribeiro-dos-Santos, A. K., Santos, S. E. B., Petzl-Erler, M. L., & Bonatto, S. L. (2008). Mitochondrial Population Genomics Supports a Single Pre-Clovis Origin with a Coastal Route for the Peopling of the Americas. *American Journal of Human Genetics*, *82*(3), 583–592. <https://doi.org/10.1016/j.ajhg.2007.11.013>
- Falabella, F., Pavlovic, D., Planella, M. T., & Sanhueza, L. (2017). Diversidad y heterogeneidad cultural y social en Chile Central durante los periodos Alfarero Temprano e Intermedio Tardío (300 años a.C. a 1.450 años d.C.). In F. Falabella, M. Uribe, L. Sanhueza, C. Aldunate, & J. Hidalgo (Eds.), *Prehistoria en Chile. Desde sus primeros habitantes hasta los Incas* (Primera, pp. 365–399). Editorial Universitaria.
- Falabella, F., Sanhueza, L., Neme, G., & Lagiglia, H. (2001). Análisis Comparativo de Cerámica Aconcagua entre Chile Y Argentina I. *Revista Relaciones de La Sociedad Argentina de Antropología*, *XXVI*, 193–214.
- García, A., Nores, R., Motti, J. M. B., Pauro, M., Luisi, P., Bravi, C. M., Fabra, M., Gosling, A. L., Kardailsky, O., Boocock, J., Solé-Morata, N., Matisoo-Smith, E. A., Comas, D., & Demarchi, D. A. (2021). Ancient and modern mitogenomes from Central Argentina: New insights into population continuity, temporal depth and migration in South America. *Human Molecular Genetics*, *30*(13), 1200–1217. <https://doi.org/10.1093/hmg/ddab105>
- García, A., Pauro, M., Nores, R., Bravi, C. M., & Demarchi, D. A. (2012). Phylogeography of mitochondrial haplogroup D1: An early spread of subhaplogroup D1j from Central Argentina. *American Journal of Physical Anthropology*, *149*(4), 583–590. <https://doi.org/10.1002/ajpa.22174>
- Garrison, E., & Marth, G. (2012). *Haplotype-based variant detection from short-read sequencing*.
- Gascón, M. (2009). RECURSOS PARA LA FRONTERA ARAUCANA: SANTIAGO DE CHILE Y MENDOZA EN EL SIGLO XVII. In *Revista TEFROS* (Vol. 7). www.unrc.edu.ar/publicaciones
- Giamportene, T. A. (2006). Relatos y recuerdos sobre las ciudades de Mendoza y Santiago en la memoria de los viajeros del siglo XIX. *Piedra y Canto. Cuadernos Del CELIM*, *11–12*, 231–255.
- Godoy Orellana, M. (2019). Minería, crisis económicas y flujos migratorios en Atacama meridional: Taltal (Chile), 1870-1950. *Revista de Historia (Concepción)*, *26*(2), 5–32.
- Goebel, T., Waters, M. R., & O’Rourke, D. H. (2008). The Late Pleistocene dispersal of modern humans in the Americas. *Science*, *319*(5869), 1497–1502. <https://doi.org/10.1126/science.1153569>
- Gómez-Carballa, A., Moreno, F., Álvarez-Iglesias, V., Martín-Torres, F., García-Magariños,

- M., Pantoja-Astudillo, J. A., Aguirre-Morales, E., Bustos, P., & Salas, A. (2016). Revealing latitudinal patterns of mitochondrial DNA diversity in Chileans. *Forensic Science International: Genetics*, *20*, 81–88. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2015.10.002>
- Gómez-Carballa, A., Pardo-Seco, J., Brandini, S., Achilli, A., Perego, U. A., Coble, M. D., Diegoli, T. M., Álvarez-Iglesias, V., Martínón-Torres, F., Olivieri, A., Torroni, A., & Salas, A. (2018). The peopling of South America and the trans-Andean gene flow of the first settlers. *Genome Res.*, *28*(6), 767–779. <https://doi.org/10.1101/gr.234674.118.8>
- González, J. A. (2011). Notas sobre la inmigración argentina en la precordillera antofagastina durante el ciclo salitrero. *Estudios Atacamenos*, *42*, 189–204. <https://doi.org/10.4067/S0718-10432011000200010>
- Gu, Z., Gu, L., Eils, R., Schlesner, M., & Brors, B. (2104). circlize Implements and enhances circular visualization in R. *Bioinformatics*, *30*(19), 2811–2812.
- Gundermann, H., González, H., & de Ruyt, L. (2009). Migración y movilidad mapuche a la Patagonia Argentina. *Magallania*, *37*(1), 21–35. <https://doi.org/10.4067/S0718-22442009000100003>
- Hajduk, A., Albornoz, A. M., & Lezcano, M. J. (2011). Espacio, cultura y tiempo: El corredor bioceánico norpatagónico desde la perspectiva arqueológica. In P. Navarro & W. Delrio (Eds.), *Cultura y Espacio. Araucanía-Norpatagonia* (I, pp. 262–292).
- Hermosilla, N., Saavedra, B., Rojas, G., Pavlovic, D., Castelleti, J., Quiroz, L., & Belmar, C. (2004). El sitio temprano de El Cebollar (Llay-Llay, V Región): Contexto cultural y asociaciones vegetacionales. *Chungará (Arica)*, *36*, 641–650.
- Hernández Llosas, M. I., & Núñez Atencio, L. (2006). La ruta de los dioses. In *Las rutas del Capricornio Andino. Huellas milenarias de Antofagasta, San Pedro de Atacama, Jujuy y Salta*.
- Hevilla, M. C. (1999). San Juan (Argentina): El papel cambiante de una frontera. *Scripta Nova: Revista Electrónica de Geografía y Ciencias Sociales*, *36*.
- Jorquera Navarro, J. I. (2016). *De Chiloé a Magallanes: relatos de vida de inmigrantes chilotes*. Universidad de Chile.
- Jorquera Navarro, J. I., & Jaramillo Rojas, M. (2020). Migración chilota en Magallanes: una lectura sociológica de la diferenciación social. *Revista Temas Sociológicos*, *27*, 757–788. <https://doi.org/10.29344/07196458.27.2499>
- Kashani, B. H., Perego, U. A., Olivieri, A., Angerhofer, N., Gandini, F., Carossa, V., Lancioni, H., Semino, O., Woodward, S. R., Achilli, A., & Torroni, A. (2012). Mitochondrial haplogroup C4c: A rare lineage entering America through the ice-free corridor? *American Journal of Physical Anthropology*, *147*(1), 35–39. <https://doi.org/10.1002/ajpa.21614>
- Katoh, K., Rozewicki, J., & Yamada, K. D. (2019). MAFFT online service: Multiple sequence alignment, interactive sequence choice and visualization. *Briefings in Bioinformatics*, *20*(4), 1160–1166. <https://doi.org/10.1093/bib/bbx108>
- Kumar, S., Bellis, C., Zlojutro, M., Melton, P. E., Blangero, J., & Curran, J. E. (2011). Large scale mitochondrial sequencing in Mexican Americans suggests a reappraisal of Native American origins. *BMC Evolutionary Biology*, *11*(1). <https://doi.org/10.1186/1471-2148-11-293>

- Kumar, S., Stecher, G., Li, M., Knyaz, C., & Tamura, K. (2018). MEGA X: Molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms. *Molecular Biology and Evolution*, 35(6), 1547–1549. <https://doi.org/10.1093/molbev/msy096>
- Li, H., & Durbin, R. (2010). Fast and accurate long-read alignment with Burrows-Wheeler Transform. *Bioinformatics*.
- Llamas, B., Fehren-Schmitz, L., Valverde, G., Soubrier, J., Mallick, S., Rohland, N., Nordenfelt, S., Valdiosera, C., Richards, S. M., Rohrlach, A., Romero, M. I. B., Espinoza, I. F., Cagigao, E. T., Jiménez, L. W., Makowski, K., Reyna, I. S. L., Lory, J. M., Torrez, J. A. B., Rivera, M. A., ... Haak, W. (2016). Ancient mitochondrial DNA provides high-resolution time scale of the peopling of the Americas. *Science Advances*, 2(4). <https://doi.org/10.1126/sciadv.1501385>
- Luisi, P., García, A., Berros, J. M., Motti, J. M. B., Demarchi, D. A., Alfaro, E., Aquilano, E., Argüelles, C., Avena, S., Bailliet, G., Beltramo, J., Bravi, C. M., Cuello, M., Dejean, C., Dipierri, J. E., Jurado Medina, L. S., Lanata, J. L., Muzzio, M., Parolin, M. L., ... Dopazo, H. (2020). Fine-scale genomic analyses of admixed individuals reveal unrecognized genetic ancestry components in Argentina. *PLoS ONE*, 15(7), 1–30. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0233808>
- Maíz, C. (2007). LA CORDILLERA DE LOS ANDES: DE MURO A PORTAL . VISIONES DEL OTRO A TRAVÉS DEL ESPACIO. *Revista de Literaturas Modernas*, 37, 113–156.
- Masiokas, M. H., Rabatel, A., Rivera, A., Ruiz, L., Pitte, P., Ceballos, J. L., Barcaza, G., Soruco, A., Bown, F., Berthier, E., Dussillant, I., & MacDonell, S. (2020). A review of the current state and recent changes of the Andean cryosphere. *Front. Earth Sci.*, 8.
- Minh, B. Q., Schmidt, H. A., Chernomor, O., Schrempf, D., Woodhams, M. D., Von Haeseler, A., Lanfear, R., & Teeling, E. (2020). IQ-TREE 2: New Models and Efficient Methods for Phylogenetic Inference in the Genomic Era. *Molecular Biology and Evolution*, 37(5), 1530–1534. <https://doi.org/10.1093/molbev/msaa015>
- Miotti, L. L. (2006). La fachada atlantica, como puerta de ingreso alternativa de la colonizacion humana de America del sur durante la transicion Pleistoceno/Holoceno. *El Hombre Temprano En América*, 155–158.
- Molina Otárola, R. (2011). Los otros arrieros de los valles, la puna y el desierto de Atacama. *Chungara, Revista de Antropología Chilena*, 43(2), 177–187.
- Moraga, M., De Saint Pierre, M., Torres, F., & Ríos, J. (2010). Vínculos de parentesco por vía materna entre los últimos descendientes de la etnia Kawésqar y algunos entierros en los canales patagónicos: Evidencia desde el estudio de linajes mitocondriales. *Magallania*, 38(2), 103–114.
- Moreno-Mayar, J. V., Vinner, L., Damgaard, P. de B., Funte, C. D. la, Chan, J., Spence, J. P., & Al, E. (2018). Early human dispersals within the Americas. *Science*, 362. <https://doi.org/10.1126/science.aav2621>
- Motti, J. M. (2012). *Caracterización de linajes maternos en la población actual del noroeste y centro-oeste argentinos* [Universidad Nacional de La Plata]. <http://naturalis.fcnyu.unlp.edu.ar/id/20120912001302> Powered
- Motti, J., Rodenak, B., Muzzio, M., Ramallo, V., Santos, M. R., Castro, C., Alfaro, E. L., Dipierri,

- J. E., Scheible, M., Saunier, J. L., Irwin, J. A., Coble, M. D., Bailliet, G., & Bravi, C. M. (2009). The genetic composition of Argentina prior to the massive immigration era: Insights from matrilineages of extant criollos in central-western Argentina. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series*, 2(1), 342–343. <https://doi.org/10.1016/j.fsigss.2009.09.034>
- Nakatsuka, N., Luisi, P., Motti, J. M. B., Salemme, M., Santiago, F., D'Angelo del Campo, M. D., Vecchi, R. J., Espinosa-Parrilla, Y., Prieto, A., Adamski, N., Lawson, A. M., Harper, T. K., Culleton, B. J., Kennett, D. J., Lalueza-Fox, C., Mallick, S., Rohland, N., Guichón, R. A., Cabana, G. S., ... Reich, D. (2020). Ancient genomes in South Patagonia reveal population movements associated with technological shifts and geography. *Nature Communications*, 11(1). <https://doi.org/10.1038/s41467-020-17656-w>
- Nekrutenko, A., & Ostrovsky, A. (n.d.). *Calling variants in non-diploid systems (Galaxy Training Materials)*. Retrieved April 2, 2023, from <https://training.galaxyproject.org/training-material/topics/variant-analysis/tutorials/non-dip/tutorial.html>
- Núñez, L. (1994). Cruzando la cordillera por el norte: señoríos caravanas y alianzas. In Museo Chileno de Arte Precolombino (Ed.), *La Cordillera de los Andes: Ruta de encuentros*.
- Núñez, L., Cartajena, I., Carrasco, C., López, P., Iv, M., Rivera, F., De Souza, P., Santander Vii, B., & Loyola, R. (2016). Nuevas Excavaciones en Tulán-54: Revelando la Arquitectura Ceremonial Durante el Formativo Temprano de la Puna de Atacama. *Revista Chilena de Antropología*, 34, 65–79.
- Órdenes Delgado, M. (2018). Los rotos en la guerra de ocupación de la Araucanía. La exclusión del Lleulle (1862-1883). *Diálogo Andino*, 56, 63–73.
- Pavlovic, D. (2000). Período 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.
- Perego, U. A., Achilli, A., Angerhofer, N., Accetturo, M., Pala, M., Olivieri, A., Kashani, B. H., Ritchie, K. H., Scozzari, R., Kong, Q. P., Myres, N. M., Salas, A., Semino, O., Bandelt, H. J., Woodward, S. R., & Torroni, A. (2009). Distinctive Paleo-Indian Migration Routes from Beringia Marked by Two Rare mtDNA Haplogroups. *Current Biology*, 19(1), 1–8. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2008.11.058>
- Perego, U. A., Angerhofer, N., Pala, M., Olivieri, A., Lancioni, H., Kashani, B. H., Carossa, V., Ekins, J. E., Gómez-Carballa, A., Huber, G., Zimmermann, B., Corach, D., Babudri, N., Panara, F., Myres, N. M., Parson, W., Semino, O., Salas, A., Woodward, S. R., ... Torroni, A. (2010). The initial peopling of the Americas: A growing number of founding mitochondrial genomes from Beringia. *Genome Research*, 20(9), 1174–1179. <https://doi.org/10.1101/gr.109231.110>
- Pérez, A., Reyes, V., & Hermann, L. (2012). Alfarería con improntas de hojas por técnica de reserva en la Patagona Noroccidental Argentina y Centro-Sur de Chile. Experimentación, aspectos estilísticos e hipótesis funcionales. *Chungara, Revista de Antropología Chilena*, 44(4), 593–603.
- Perez, S. I., Postillone, M. B., Rindel, D., Gobbo, D., Gonzalez, P. N., & Bernal, V. (2016).

- Peopling time, spatial occupation and demography of Late Pleistocene-Holocene human population from Patagonia. *Quaternary International*, 445, 214–223.
- Pezo, P., Orellana-Soto, M., De la Fuente, C., Leiva, X., Herrera, L., Flores-Alvarado, S., Galimany, J., De Saint Pierre, M., Bravi, C., & Moraga, M. (2022). Native American mitochondrial lineages in admixed populations from Chile: Detecting recent migrations during post-Columbian times using geographically restricted lineages. *American Journal of Biological Anthropology*, 178(3), 504–512.
- Polzin, T., & Daneschmand, S. V. (2003). On Steiner trees and minimum spanning trees in hypergraphs. *Operation Research Letters*, 31(1), 12–20.
- Postillone, M. B., Cobos, V. A., Urrutia, C., Dejean, C., Gonzalez, P. N., Perez, S. I., & Bernal, V. (2019). Mitochondrial dna diversity and evolutionary history of native human populations of Argentinean Northwest Patagonia. *Human Biology*, 91(2), 57–79. <https://doi.org/10.13110/humanbiology.91.2.01>
- Postillone, M. B., Dejean, C. B., Fuchs, M. L., Varela, H. H., Avena, S. A., & Carnese, F. R. (2014). Evidencia de contacto entre poblaciones prehispánicas de la Puna Jujeña y el Norte de Chile. Nuevas aproximaciones biológicas. *Antropología Biológica y Estudios Del Comportamiento Mortuorio de Los Pueblos Prehispánicos Del Noroeste Argentino*, 99–115.
- Prates, L., Politis, G. G., & Perez, S. I. (2020). Rapid radiation of humans in South America after the last glacial maximum: A radiocarbon-based study. *PloS One*, 15(7), e0236023. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0236023>
- Prieto, A., Canto, J., & Prieto, X. (1991). Cazadores tempranos y tardíos en Cueva del Lago Sofía 1. *Anales Del Instituto de La Patagonia. Serie Ciencias Sociales.*, 20, 75–99.
- Rabassa, J., Coronato, A., & Martínez, O. (2011). Late Cenozoic glaciations in Patagonia and Tierra del Fuego: An updated review. *Biological Journal of the Linnean Society*, 103(2), 316–335. <https://doi.org/10.1111/j.1095-8312.2011.01681.x>
- Raghavan, M., Steinrücken, M., Harris, K., Schiffels, S., Rasmussen, S., DeGiorgio, M., Albrechtsen, A., Valdiosera, C., & ... (2015). Genomic evidence for the Pleistocene and recent population history of Native Americans. *Science*, 349(6250). <https://doi.org/10.1126/science.aab3884>
- Reich, D., Patterson, N., Campbell, D., Tandon, A., Mazieres, S., Ray, N., Parra, M. V., Rojas, W., Duque, C., Mesa, N., García, L. F., Triana, O., Blair, S., Maestre, A., Dib, J. C., Bravi, C. M., Bailliet, G., Corach, D., Hünemeier, T., ... Ruiz-Linares, A. (2012). Reconstructing Native American population history. *Nature*, 488(7411), 370–374. <https://doi.org/10.1038/nature11258>
- Renard, S. F. (1997). Objetos textiles, pasos y caminantes trasandinos: Piezas similares y rasgos comunes en textiles arqueológicos de Argentina y Chile. *Estudios Atacameños*, 14, 291–305. <https://doi.org/10.22199/S07181043.1997.0014.00018>
- Ribeiro-dos-Santos, A. M., Vidal, A. F., Vinasco-Sandoval, T., Guerreiro, J., Santos, S., Ribeiro-dos-Santos, Â., & de Souza, S. J. (2020). Exome Sequencing of Native Populations from the Amazon Reveals Patterns on the Peopling of South America. *Frontiers in Genetics*, 11(October), 1–10. <https://doi.org/10.3389/fgene.2020.548507>

- Roca-Rada, X., Politis, G., Messineo, P. G., Scheifler, N., Scabuzzo, C., González, M., Harkins, K. M., Reich, D., Souilmi, Y., Teixeira, J. C., Llamas, B., & Fehren-Schmitz, L. (2021). Ancient mitochondrial genomes from the Argentinian Pampas inform the early peopling of the Southern Cone of South America. *iScience*, 24(6). <https://doi.org/10.1016/j.isci.2021.102553>
- Ronquist, F., Teslenko, M., Markr, P. van de, Ayres, D. L., Darling, A., Höhna, S., Larget, B., Liu, L., Suchard, M., & Huelsenbeck, J. (2012). MrBayes 3.2: Efficient Bayesian Phylogenetic Inference and Model Choice Across a Large Model Space. *Systematic Biology*, 61, 539–542.
- Rozas, J., Ferrer-Mata, A., Sánchez-Del Barrio, J. C., Guirao-Rico, S., Librado, P., Ramos-Onsins, S., & Sánchez-Gracia, A. (2017). DnaSP v6: DNA Sequence Polymorphism Analysis of Large Datasets. *Molecular Biology and Evolution*, 34, 3299–3302.
- Sala, A., Caputo, M., & Corach, D. (2019). Genetic structure of Mataco-Guaycurú speakers from Argentina and the extent of their genetic admixture with neighbouring urban populations. *Scientific Reports*, 9(1), 1–13. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-54146-6>
- Sala, A., Caputo, M., Ginart, S., Theiler, G., Parolin, M. L., Carnese, R. F., Fainboim, L., & Corach, D. (2018). Historical records under the genetic evidence: “Chiriguano” tribe genesis as a test case. *Molecular Biology Reports*, 45(5), 987–1000. <https://doi.org/10.1007/s11033-018-4246-0>
- Sala, A., & Corach, D. (2014). Analysis of admixture and genetic structure of two Native American groups of Southern Argentinean Patagonia. *Molecular Biology Reports*, 41(3), 1533–1543. <https://doi.org/10.1007/s11033-013-2999-z>
- Salazar, G., & Berón, M. (2013). Diacríticos identitarios en las relaciones transcordilleranas. Evidencias de interacción social y cultural entre el centro de Argentina, centro-oeste de Neuquén y la Araucanía chilena. In M. Nicoletti & P. Núñez (Eds.), *Araucanía-Norpatagonia: la territorialidad en debate. Perspectivas ambientales, culturales, sociales, políticas y económicas*.
- Saldívar Arellano, J. M. (2018). Etnografía de la nostalgia: migración transnacional de comunidades chilotas en Punta Arenas (Chile) y Río Gallegos (Argentina). *Chungara Revista de Antropología Chilena*, 50(3), 501–512. <https://doi.org/10.4067/s0717-73562018005001201>
- Sandoval, J. R., Lacerda, D. R., Jota, M. S. A., Salazar-Granara, A., Vieira, P. P. R., Acosta, O., Cuellar, C., Revollo, S., Fujita, R., Santos, F. R., & Genographic Project Consortium. (2013). The genetic history of indigenous populations of the Peruvian and Bolivian Altiplano: the legacy of the Uros. *PloS One*, 8(9). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0073006>
- Sanhueza Díaz, L., Chavéz, M., Douzet, M. T., & Smythe, M. (2019). Araucanía – Comahue: un espacio transnacional de migración en Chile y Argentina. *Cultura-Hombre-Sociedad*, 29(1), 59–79. <https://doi.org/10.7770/cuhso.v29i1.1898>
- Sanhueza, L., Falabella, F., Fonseca, E., & Andonie, O. (2004). Aplicación de análisis de pastas macroscópicas, petrográficas y de composición de elementos químicos al problema de

- la procedencia de cerámica en el Período Alfarero Temprano de Chile central y Cuyo, Argentina. *Estudios Atacamenos*, 28, 121–132.
- Seyfried, H., Worrier, G., Uhlig, D., Kohler, I., & Calvo, C. (1998). Introducción a la geología y morfología de Los Andes en el Norte de Chile. *Chungara*, 30(1), 7–39.
- Soares, P., Ermini, L., Thomson, N., Mormina, M., Rito, T., Röhl, A., Salas, A., Oppenheimer, S., Macaulay, V., & Richards, M. B. (2009). Correcting for Purifying Selection: An Improved Human Mitochondrial Molecular Clock. *American Journal of Human Genetics*, 84(6), 740–759. <https://doi.org/10.1016/j.ajhg.2009.05.001>
- Strauss, A., Oliveira, R. E., Villagran, X. S., Bernardo, D. V., Salazar-García, D. C., Bissaro, M. C., Pugliese, F., Hermenegildo, T., Santos, R., Barioni, A., de Oliveira, E. C., Moreno de Sousa, J. C., Jaouen, K., Ernani, M., Hubbe, M., Inglez, M., Gratão, M., Rockwell, H., Machado, M., ... Neves, W. (2016). Early Holocene ritual complexity in South America: the archaeological record of Lapa do Santo (east-central Brazil). *Antiquity*, 90(354), 1454–1473. <https://doi.org/10.15184/aqy.2016.220>
- Suchard, M., Lemey, P., Baele, G., Ayres, D., Drummond, A., & Rambaut, A. (2018). Bayesian phylogenetic and phylodynamic data integration using BEAST 1.10. *Virus Evolution*, 4.
- Tamm, E., Kivisild, T., Reidla, M., Metspalu, M., Smith, D. G., Mulligan, C. J., Bravi, C. M., Rickards, O., Martinez-Labarga, C., Khusnutdinova, E. K., Fedorova, S. A., Golubenko, M. V., Stepanov, V. A., Gubina, M. A., Zhadanov, S. I., Ossipova, L. P., Damba, L., Voevoda, M. I., Dipierri, J. E., ... Malhi, R. S. (2007). Beringian standstill and spread of native American founders. *PLoS ONE*, 2(9), 1–6.
- Tarragó, M. (1977). Relaciones prehispánicas entre San Pedro de Atacama (norte de Chile) y regiones aledañas: La Quebrada de Humahuaca. *Estudios Atacameños. Arqueología y Antropología Surandinas.*, 5(5), 51–64. <https://doi.org/10.22199/s07181043.1977.0005.00006>
- Taylor, M. A., Hendy, I. L., & Pak, D. K. (2014). Deglacial ocean warming and marine margin retreat of the Cordilleran Ice Sheet in the North Pacific Ocean. *Earth and Planetary Science Letters*, 403, 89–98.
- Wang, S., Lewis, C. M., Jakobsson, M., Ramachandran, S., Ray, N., Bedoya, G., Rojas, W., Parra, M. V., Molina, J. A., Gallo, C., Mazzotti, G., Poletti, G., Hill, K., Hurtado, A. M., Labuda, D., Klitz, W., Barrantes, R., Bortolini, M. C., Salzano, F. M., ... Ruiz-Linares, A. (2007). Genetic variation and population structure in Native Americans. *PLoS Genetics*, 3(11), 2049–2067. <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.0030185>
- Weissensteiner, H., Pacher, D., Kloss-Brandstätter, A., Forer, L., Specht, G., Bandelt, H.-J., Kronenberg, F., Salas, A., & Schönherr, S. (2016). *HaploGrep 2: mitochondrial haplogroup classification in the era of high-throughput sequencing*. <https://doi.org/10.1093/nar/gkw233>

9. ANEXOS

ANEXO 1. Frecuencias de los haplogrupos de Chile y Argentina por Macrohaplogrupo

Tabla 18. Frecuencias del Macrohaplogrupo A. Frecuencias de cada haplotipo para las 26 poblaciones analizadas. * corresponden a los linajes que no se pueden definir solo con D-loop

Población	A2	A2*	A2(64)	A2(64)*	A2af1a	A2ah	A2ay1	A2bd	A2m	A2u1
Arica	0,029	0,000	0,033	0,000	0,000	0,000	0,010	0,010	0,000	0,000
AZP-CAM	0,000	0,000	0,054	0,011	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
Iquique	0,016	0,000	0,047	0,005	0,000	0,005	0,005	0,000	0,000	0,005
Coquimbo	0,018	0,000	0,060	0,030	0,000	0,000	0,006	0,000	0,000	0,000
La Serena	0,022	0,000	0,073	0,011	0,006	0,000	0,000	0,028	0,000	0,000
Santiago	0,014	0,000	0,017	0,014	0,002	0,000	0,003	0,000	0,000	0,002
Chillán	0,014	0,000	0,021	0,023	0,000	0,000	0,007	0,000	0,000	0,007
Temuco	0,002	0,000	0,028	0,020	0,000	0,000	0,002	0,000	0,000	0,002
Osorno	0,000	0,000	0,018	0,009	0,000	0,000	0,000	0,000	0,009	0,000
Puerto Montt	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,009	0,000	0,000	0,000
Punta Arenas	0,000	0,000	0,000	0,010	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000

Puna	0,024	0,000	0,117	0,034	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
Quebrada	0,034	0,000	0,069	0,034	0,000	0,005	0,000	0,000	0,000	0,000
Valle-Selva	0,038	0,000	0,075	0,015	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
Salta	0,039	0,000	0,074	0,039	0,000	0,005	0,000	0,000	0,000	0,000
Formosa	0,168	0,000	0,000	0,015	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
CHA-MI-COR	0,171	0,000	0,098	0,073	0,000	0,000	0,000	0,000	0,037	0,000
Catamarca	0,022	0,000	0,049	0,033	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
La Rioja	0,056	0,000	0,048	0,048	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
San Juan	0,006	0,000	0,108	0,024	0,000	0,000	0,006	0,018	0,000	0,000
Mendoza	0,042	0,000	0,161	0,059	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
Córdoba	0,246	0,016	0,000	0,000	0,000	0,000	0,066	0,000	0,000	0,000
Santa Fe	0,075	0,000	0,163	0,050	0,000	0,013	0,000	0,000	0,000	0,000
Buenos Aires	0,148	0,000	0,059	0,067	0,000	0,000	0,007	0,000	0,030	0,000
NE-RN	0,000	0,000	0,017	0,074	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
Chubut	0,021	0,000	0,007	0,007	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000

Tabla 19. Frecuencias del Macrohaplogrupo B.

Población	B2	B2*	B2b*	B2b14a	B2b2	B2b2a	B2b3a	B2d	B2i2	B2i2a	B2i2a1	B2i2b	B2i2b1
Arica	0,211	0,134	0,000	0,005	0,000	0,005	0,000	0,000	0,000	0,005	0,024	0,100	0,005
AZP-CAM	0,290	0,258	0,000	0,022	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,011	0,011	0,011
Iquique	0,155	0,098	0,000	0,000	0,000	0,005	0,000	0,005	0,000	0,010	0,021	0,109	0,010
Coquimbo	0,024	0,096	0,000	0,000	0,006	0,000	0,000	0,006	0,000	0,012	0,018	0,145	0,018
La Serena	0,050	0,095	0,006	0,000	0,000	0,000	0,000	0,022	0,000	0,011	0,028	0,101	0,006
Santiago	0,048	0,046	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,010	0,036	0,122	0,039
Chillán	0,049	0,016	0,002	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,023	0,023	0,096	0,075
Temuco	0,032	0,024	0,002	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,016	0,049	0,113	0,071
Osorno	0,036	0,036	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,009	0,063	0,063	0,036
Puerto Montt	0,018	0,071	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,053	0,071	0,009
Punta Arenas	0,010	0,038	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,038	0,057	0,057
Puna	0,437	0,184	0,000	0,000	0,010	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,005	0,000
Quebrada	0,527	0,133	0,000	0,000	0,015	0,000	0,005	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
Valle-Selva	0,414	0,158	0,000	0,000	0,015	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
Salta	0,314	0,108	0,000	0,000	0,015	0,000	0,000	0,000	0,000	0,005	0,000	0,000	0,000
Formosa	0,219	0,168	0,000	0,000	0,000	0,000	0,007	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
CHA-MI-COR	0,195	0,037	0,012	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
Catamarca	0,250	0,130	0,011	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
La Rioja	0,056	0,056	0,000	0,000	0,008	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
San Juan	0,048	0,108	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,012	0,018	0,036	0,000
Mendoza	0,119	0,076	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,017	0,000	0,000
Córdoba	0,082	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
Santa Fe	0,313	0,063	0,013	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
Buenos Aires	0,148	0,022	0,000	0,000	0,000	0,000	0,022	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
NE-RN	0,008	0,008	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,008	0,017	0,025	0,033	0,050

Chubut	0,071	0,007	0,000	0,000	0,014	0,000	0,000	0,000	0,021	0,043	0,043	0,042	0,021
--------	-------	-------	-------	-------	-------	-------	-------	-------	-------	-------	-------	-------	-------

Tabla 20. Frecuencias del Macrohaplogrupo C.

Población	C1	C1*	C1a	C1b	C1b*	C1b+16311	C1b13	C1b13a	C1b13d	C1b5b	C1b25	C1c	C1c*	C1d	C1d*	C1d+194	C1d1b	C4c
Arica	0,014	0,000	0,000	0,091	0,019	0,005	0,086	0,000	0,019	0,000	0,005	0,005	0,000	0,005	0,000	0,014	0,000	0,000
AZP-CAM	0,011	0,000	0,000	0,075	0,000	0,011	0,043	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,011	0,000	0,000
Iquique	0,031	0,000	0,000	0,062	0,010	0,005	0,155	0,000	0,005	0,000	0,000	0,000	0,005	0,005	0,000	0,010	0,010	0,000
Coquimbo	0,024	0,000	0,000	0,048	0,030	0,006	0,151	0,000	0,012	0,000	0,000	0,000	0,000	0,006	0,000	0,054	0,012	0,000
La Serena	0,017	0,000	0,000	0,078	0,017	0,006	0,140	0,000	0,011	0,000	0,006	0,000	0,000	0,011	0,000	0,022	0,006	0,000
Santiago	0,005	0,000	0,000	0,066	0,019	0,020	0,223	0,000	0,022	0,000	0,000	0,000	0,000	0,002	0,000	0,017	0,003	0,000
Chillán	0,009	0,000	0,000	0,028	0,007	0,009	0,233	0,000	0,002	0,000	0,000	0,000	0,000	0,009	0,000	0,016	0,000	0,000
Temuco	0,010	0,000	0,000	0,051	0,022	0,000	0,219	0,000	0,008	0,000	0,000	0,000	0,002	0,002	0,000	0,020	0,000	0,000
Osorno	0,009	0,000	0,000	0,054	0,009	0,009	0,223	0,000	0,009	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
Puerto Montt	0,000	0,000	0,000	0,124	0,000	0,000	0,274	0,000	0,053	0,000	0,000	0,000	0,000	0,027	0,000	0,009	0,000	0,000
Punta Arenas	0,000	0,000	0,000	0,133	0,000	0,019	0,238	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,010	0,000	0,019	0,000	0,000
Puna	0,005	0,000	0,000	0,029	0,005	0,010	0,000	0,000	0,000	0,029	0,000	0,019	0,000	0,000	0,005	0,005	0,005	0,000
Quebrada	0,000	0,000	0,000	0,074	0,000	0,015	0,005	0,000	0,000	0,000	0,000	0,025	0,005	0,000	0,005	0,000	0,005	0,000
Valle-Selva	0,000	0,000	0,000	0,135	0,000	0,015	0,000	0,000	0,000	0,008	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,015	0,000
Salta	0,020	0,000	0,000	0,103	0,000	0,005	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,064	0,000	0,010	0,000	0,005	0,020	0,000
Formosa	0,073	0,022	0,000	0,036	0,007	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
CHA-MI-COR	0,024	0,000	0,000	0,107	0,024	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,024	0,000	0,000	0,000	0,000	0,036	0,000
Catamarca	0,000	0,000	0,000	0,110	0,024	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,024	0,000	0,000	0,000	0,000	0,037	0,000
La Rioja	0,000	0,000	0,000	0,192	0,000	0,000	0,016	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,056	0,016
San Juan	0,000	0,000	0,000	0,198	0,018	0,018	0,042	0,000	0,000	0,000	0,000	0,012	0,000	0,000	0,000	0,012	0,072	0,018
Mendoza	0,017	0,000	0,000	0,144	0,025	0,000	0,042	0,000	0,008	0,000	0,000	0,034	0,000	0,017	0,000	0,000	0,025	0,008
Córdoba	0,197	0,016	0,016	0,000	0,000	0,000	0,016	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,016	0,000	0,033	0,049	0,000
Santa Fe	0,000	0,013	0,000	0,063	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
Buenos Aires	0,044	0,022	0,000	0,074	0,000	0,000	0,022	0,000	0,007	0,000	0,000	0,015	0,000	0,015	0,044	0,000	0,022	0,000
NE-RN	0,066	0,000	0,000	0,017	0,017	0,000	0,174	0,000	0,008	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,025	0,000	0,025	0,000
Chubut	0,000	0,000	0,000	0,092	0,014	0,007	0,248	0,014	0,000	0,000	0,000	0,021	0,000	0,000	0,000	0,007	0,007	0,000

Tabla 21. Frecuencias del Macrohaplogrupo D.

Población	D1	D1f	D1f1	D1g	D1g+ 16189	D1g1	D1g1b	D1g2	D1g2a	D1g4	D1g5	D1g6	D1j	D1j1a2	D4h3a	D4h3 a1a1	D4h3 a2	D4h3 a4	D4h3 a5	D4h3 a6
Arica	0,019	0,000	0,000	0,062	0,000	0,000	0,000	0,010	0,005	0,014	0,000	0,005	0,000	0,019	0,014	0,005	0,000	0,005	0,010	0,000
AZP-CAM	0,086	0,000	0,000	0,032	0,011	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,022	0,011	0,022	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
Iquique	0,026	0,000	0,000	0,057	0,000	0,010	0,010	0,005	0,016	0,016	0,010	0,005	0,005	0,005	0,021	0,000	0,000	0,000	0,016	0,000
Coquimbo	0,024	0,000	0,000	0,042	0,000	0,006	0,006	0,000	0,018	0,018	0,036	0,012	0,012	0,000	0,036	0,000	0,006	0,000	0,000	0,000
La Serena	0,017	0,000	0,000	0,095	0,000	0,000	0,017	0,000	0,006	0,006	0,028	0,006	0,028	0,000	0,022	0,000	0,006	0,000	0,000	0,000
Santiago	0,020	0,000	0,000	0,095	0,003	0,005	0,036	0,010	0,024	0,014	0,012	0,009	0,014	0,000	0,020	0,000	0,003	0,000	0,005	0,000
Chillán	0,026	0,000	0,000	0,086	0,023	0,005	0,061	0,014	0,023	0,021	0,012	0,014	0,007	0,000	0,021	0,005	0,002	0,000	0,009	0,000
Temuco	0,034	0,000	0,000	0,073	0,000	0,038	0,047	0,016	0,024	0,022	0,016	0,002	0,004	0,002	0,008	0,006	0,000	0,000	0,008	0,002
Osorno	0,054	0,000	0,000	0,089	0,018	0,036	0,125	0,009	0,018	0,027	0,009	0,000	0,000	0,000	0,009	0,000	0,000	0,000	0,018	0,000
Puerto Montt	0,071	0,000	0,000	0,053	0,000	0,027	0,080	0,009	0,009	0,000	0,009	0,009	0,000	0,000	0,009	0,000	0,000	0,000	0,009	0,000
Punta Arenas	0,076	0,000	0,000	0,105	0,010	0,029	0,048	0,019	0,010	0,000	0,010	0,000	0,000	0,000	0,019	0,000	0,000	0,000	0,048	0,000
Puna	0,039	0,015	0,005	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,005	0,010	0,000	0,000	0,005	0,000	0,000	0,000
Quebrada	0,025	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,010	0,005	0,000	0,000	0,000	0,005	0,000	0,000
Valle-Selva	0,060	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,038	0,008	0,000	0,000	0,000	0,008	0,000	0,000
Salta	0,118	0,005	0,000	0,005	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,025	0,005	0,015	0,000	0,000	0,005	0,000	0,000
Formosa	0,255	0,007	0,007	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,007	0,000	0,007	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
CHA-MI-COR	0,110	0,000	0,049	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,012	0,012	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
Catamarca	0,054	0,000	0,000	0,011	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,136	0,000	0,000	0,000	0,033	0,000	0,000	0,000
La Rioja	0,024	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,024	0,000	0,400	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
San Juan	0,042	0,000	0,000	0,030	0,000	0,000	0,006	0,000	0,012	0,012	0,018	0,000	0,096	0,000	0,006	0,000	0,006	0,000	0,000	0,000
Mendoza	0,008	0,000	0,000	0,017	0,000	0,000	0,000	0,000	0,017	0,000	0,068	0,008	0,076	0,008	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
Córdoba	0,082	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,098	0,016	0,016	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
Santa Fe	0,200	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,038	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000

Buenos Aires	0,096	0,000	0,000	0,000	0,000	0,007	0,000	0,007	0,000	0,000	0,007	0,000	0,074	0,007	0,022	0,000	0,000	0,007	0,000	0,000
NE-RN	0,008	0,000	0,017	0,058	0,000	0,033	0,132	0,017	0,033	0,008	0,025	0,025	0,025	0,008	0,008	0,008	0,000	0,008	0,017	0,000
Chubut	0,014	0,000	0,000	0,092	0,007	0,043	0,028	0,007	0,035	0,007	0,007	0,000	0,000	0,000	0,035	0,000	0,000	0,000	0,014	0,000

ANEXO 2. PCA e histogramas

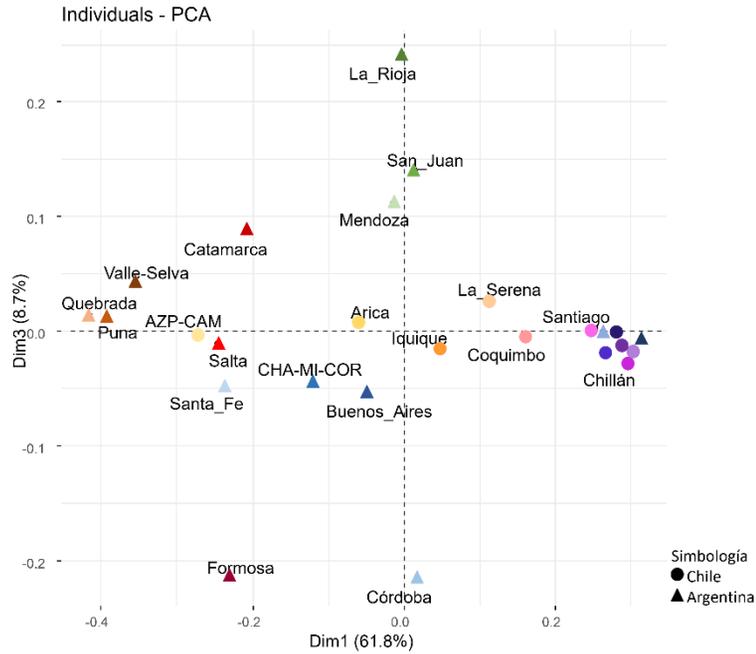


Figura SEQ Figura * ARABIC 33. PCA con las dimensiones 1 y 3 con poblaciones de las vertiente occidental y oriental de los Andes.

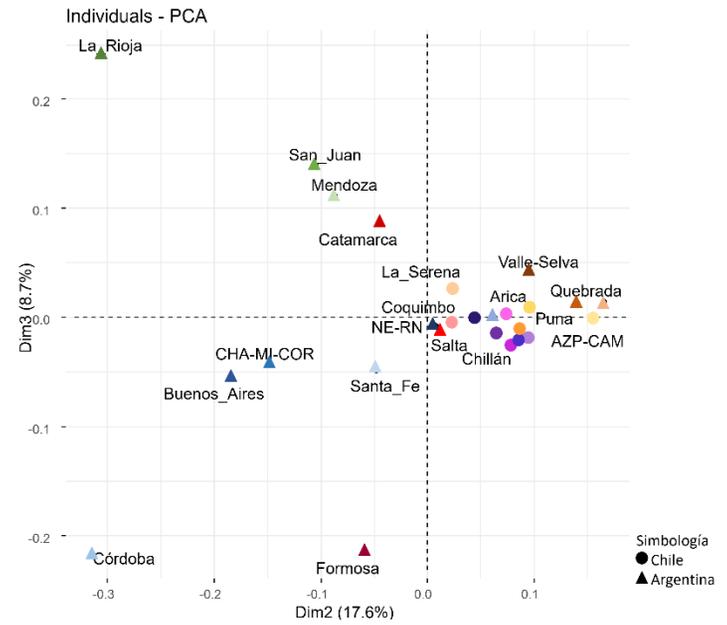
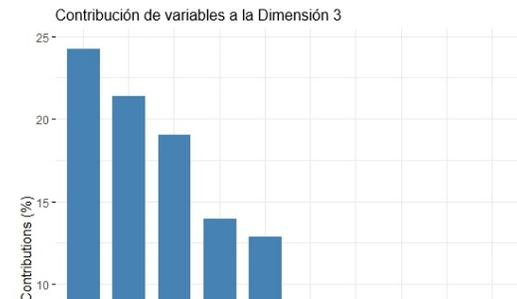
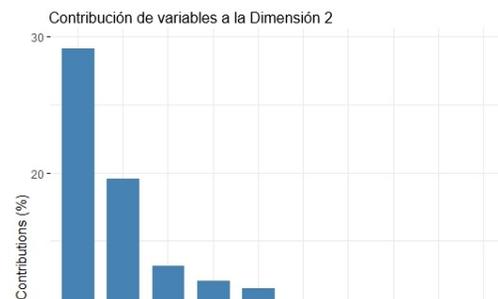


Figura SEQ Figura * ARABIC 34. PCA con las dimensiones 2 y 3 con poblaciones de las vertiente occidental y oriental de los Andes.



ANEXO 3. Modelos de migración

Grupo I

Tabla 22. Modelos evaluados en Migrate-n para el Grupo I. Se adjuntan los modelos con sus matrices y puntajes correspondientes. El símbolo / significa que comienza una nueva fila.

Modelo	Matriz	Puntaje
1.Full Matrix	*****/*****/*****/*****/ *****/*****/*****/*****/ *****/*****	-24610,5
2.No migración	*00000000/0*0000000/00*000000/000*000000/ 0000*00000/00000*0000/000000*000/0000000*00/ 00000000*0/000000000*	-28964,7
3.No migración transcordillerana	***0***000/****000000/****000000/****000000/ *000*****/*000*****/*000*****/0000*****/ 0000*****/0000*****	-23576,9
4.Source Sink	*000000000/**00000000/0**0000000/00**000000/ *000*00000/0000**0000/00000**000/000000**00/ 0000000**0/0000000*0*	-23299,5
5.Variación	*000000000/**00000000/****0000000/0***000000/ *000***000/*000***000/*000***000/0000*****00/ 0000000**0/0000000*0*	-23307,2
6. Variación	**00*00000/****0**0000/0***000000/00**000000/ **00****00/0*00****00/0000****00/0000*****/ 0000000**0/0000000*0*	-23391,9
7.Variación	***0***000/*****000/*****000/0*****000/ *****00/*****00/*****00/0000*****/ 0000000**0/0000000*0*	-23141,5

Grupo II

Tabla 23. Modelos evaluados en Migrate-n para el Grupo II.

Modelo	Matriz	Puntaje
1.Full Matrix	*****/******/******/******/ *****/******/******/******/ *****	-18774,1
2.No Migración	*00000000/0*0000000/00*000000/000*00000/ 0000*0000/00000*000/000000*00/0000000*0/ 00000000*	-28071,8
3.No migración transcordillerana	**00**000/**00**000/00**00***/00**00***/ **00**000/**00**000/00**00***/00**00***/ 00**00***	-20806,2
4.Source Sink 1	*00000000/**0000000/****000000/00**00000/ **00*0000/0*00**000/00*00**00/000*000*0/ 0000000**	-18460
5.Variación	**0*00000/**0*00000/00**00000/000*00000/ **00*0000/0000**000/00*000*00/000*000*0/ 0000000**	-18629,1
6.Stepping Stone	*ssss0000/s*s*s*s0000/ss*s00s00/ss*s*000s0/ ss00*s*s00/0000s*s00/00s0ss*00/000s000*s/ 0000000s*	-18617,9
7.Variación	*****0000/*****0000/****00*00/****000*0/ **00***00/0000***00/00*0***00/000*000**/ 0000000**	-18380
8.Variación	*****00/*****0/00**00***/00**00***/ *****00/*****00/00**00***/00**00***/ 00**00***	-18522,5

Grupo III

Tabla 24. Modelos evaluados en Migrate-n para el Grupo III.

Modelo	Matrix	Puntaje
1.Full Matrix	*****/*****/*****/*****/ *****/*****/*****/	-15537,48
2.No migración	*000000/0*00000/00*0000/000*000/ 0000*00/00000*0/0000000*	-22577,74
3.No migración transcordillerana	**0****0/**0****0/00*000*/**0****0/ **0****0/**0****0/00*000*	-16990,73
4.Source Sink 1	*000000/**00000/*0*0000/0*0*000/ 000**00/0000**0/00*00**	-17149,43
5.Variación	*0*0000/**00000/00*0000/0*0*000/ 000**00/0000**0/00*00**	-16345,1
6.Stepping Stone	*ss0000/s*ss000/ss*ss0s/0ss*s0s/ 00ss*ss/0000s*s/00s0ss*	-15822,42
7.Variación	***0000/****000/*****0*/0****0*/ 00*****/0000***/00*0***	-15791,65

ANEXO 4. Reconstrucciones filogenéticas

Reconstrucción de filogenias: Maximum Likelihood.

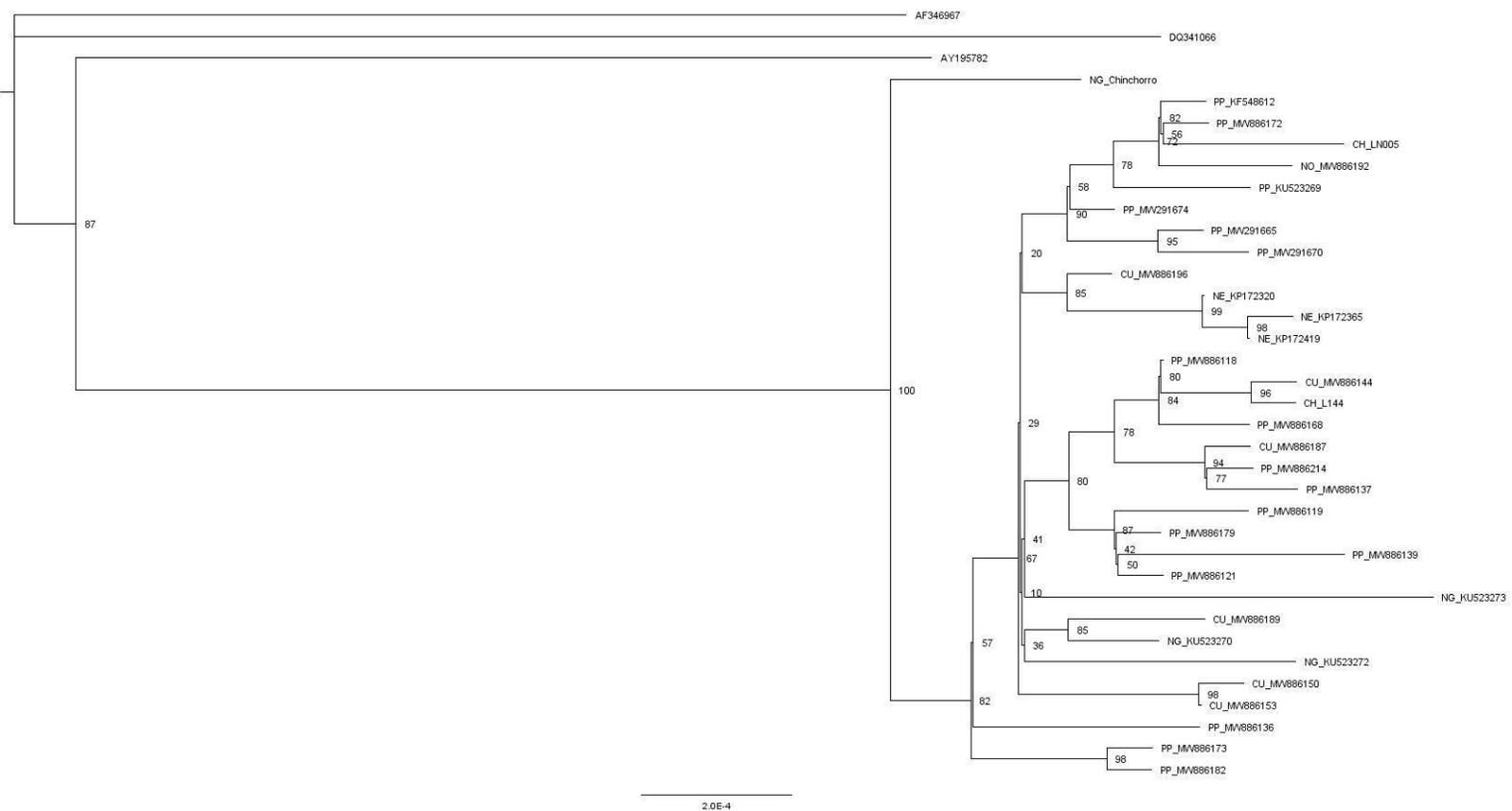


Figura 38. Filogenia del Macrohaplogrupo A construida con Maximum Likelihood.



Figura 39. Filogenia del Macrohaplogrupo B construida con Maximum Likelihood.



Figura 40.
Filogenia del

Macrohaplogrupo C construida con Maximum Likelihood.

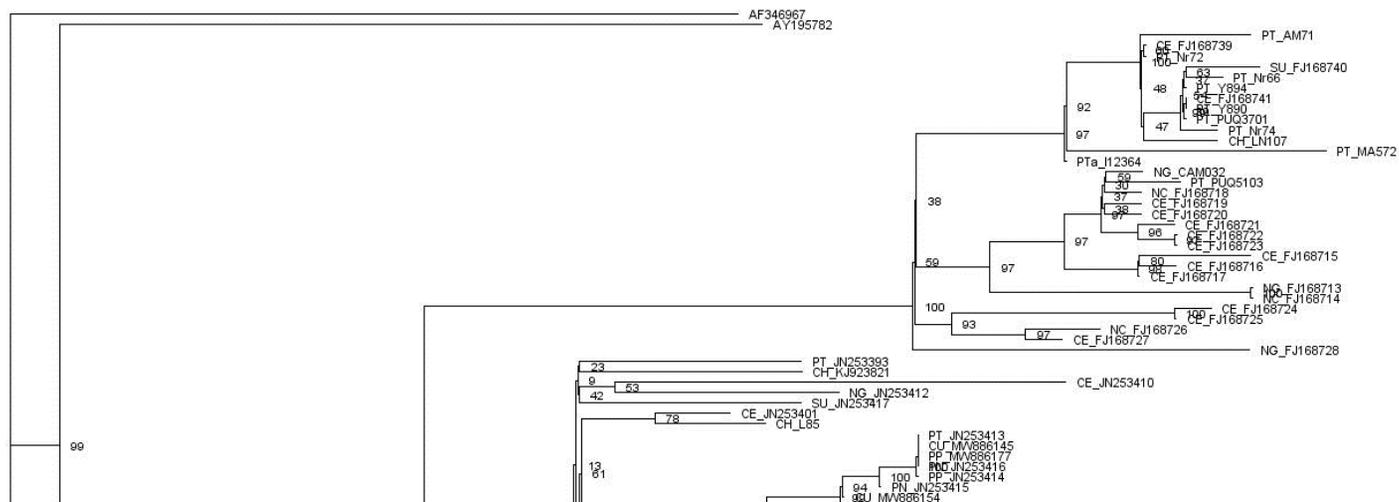


Figura 41.
Filogenia del

Macrohaplogrupo D construida con Maximum Likelihood.

Reconstrucción de Filogenias con Inferencia Bayesiana

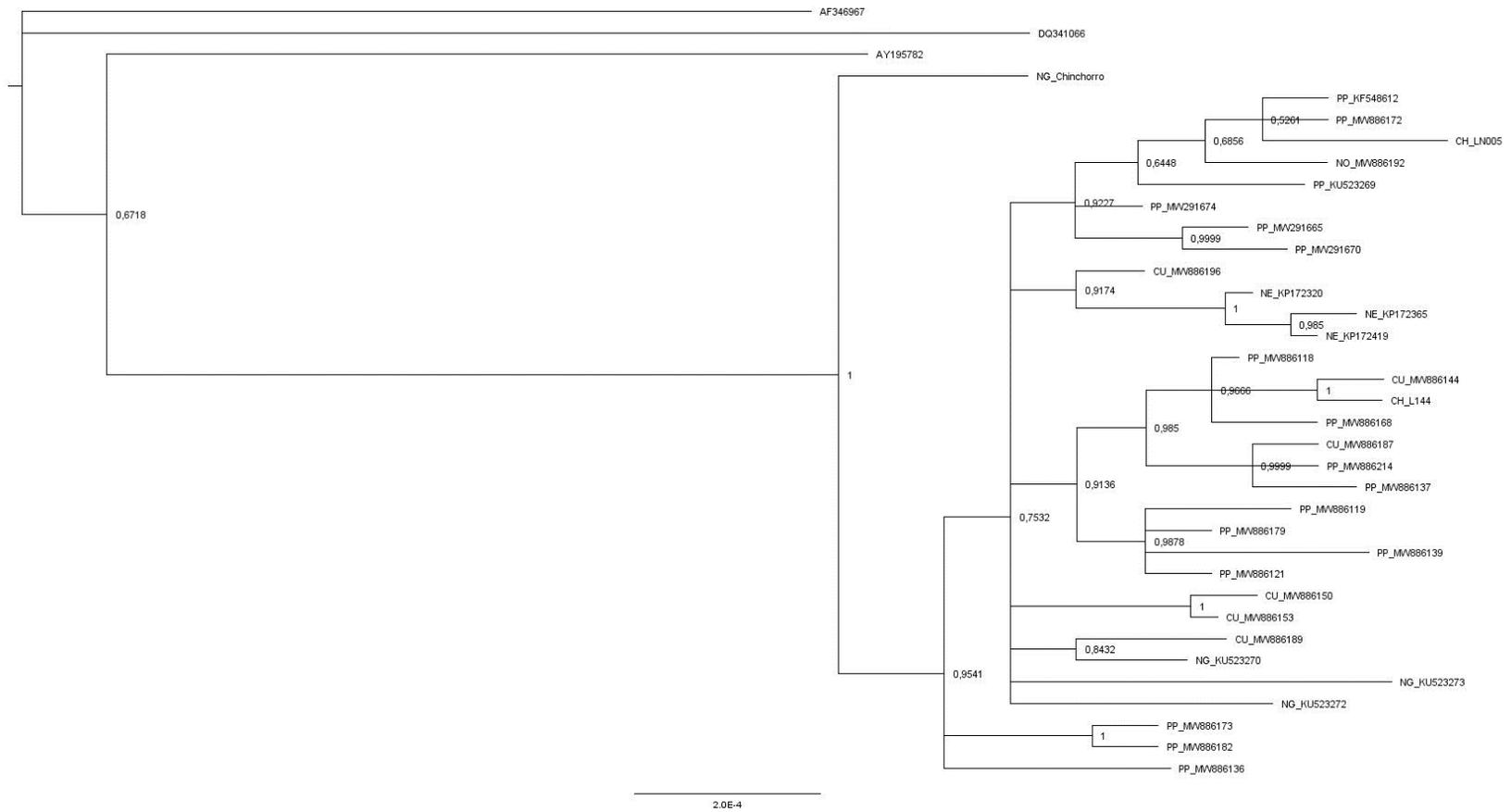


Figura 42. Filogenia del Macrohaplogrupo A construida con Inferencia Bayesiana.

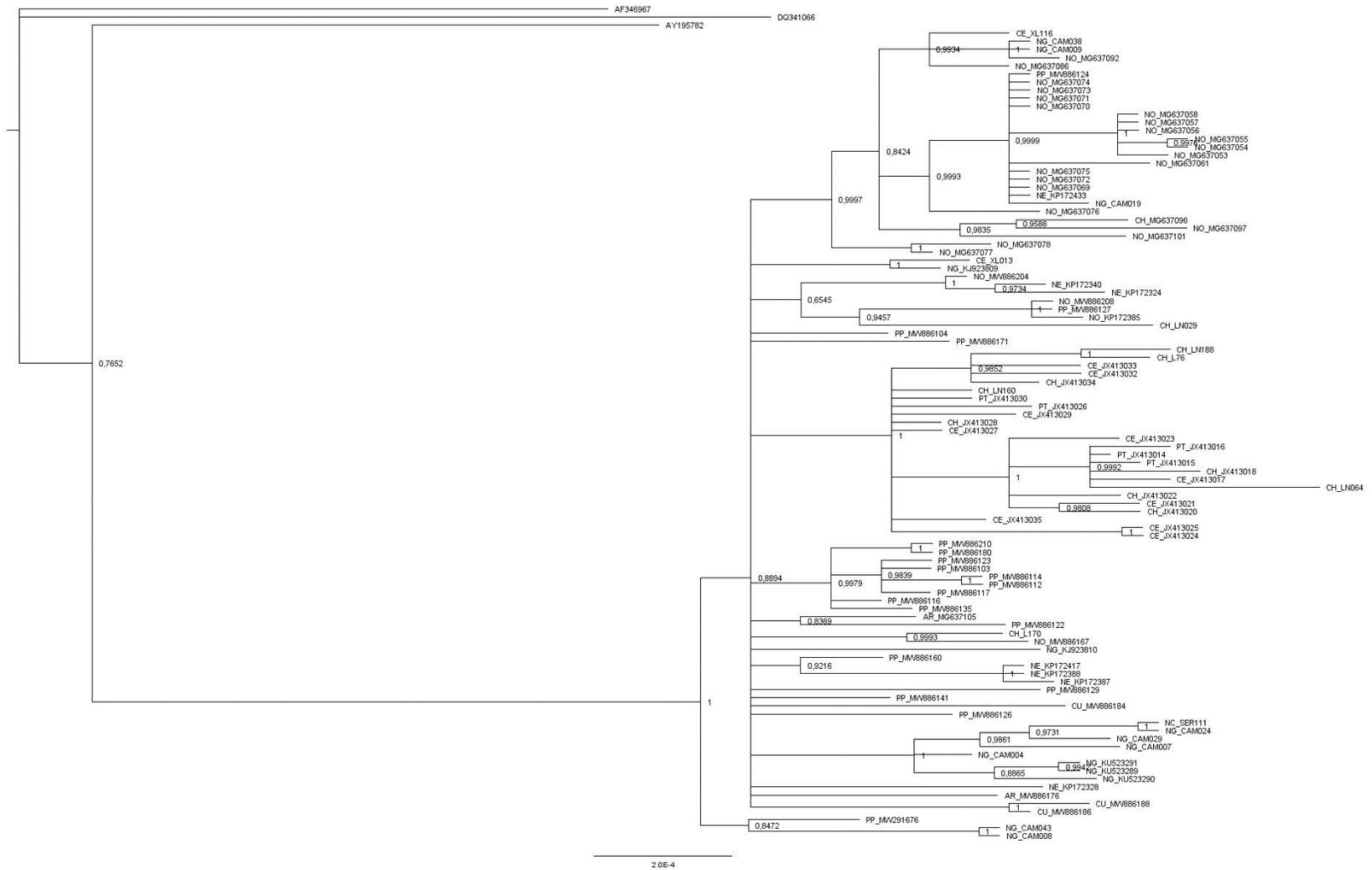


Figura 43. Filogenia del Macrohaplogrupo B construida con Inferencia Bayesiana.

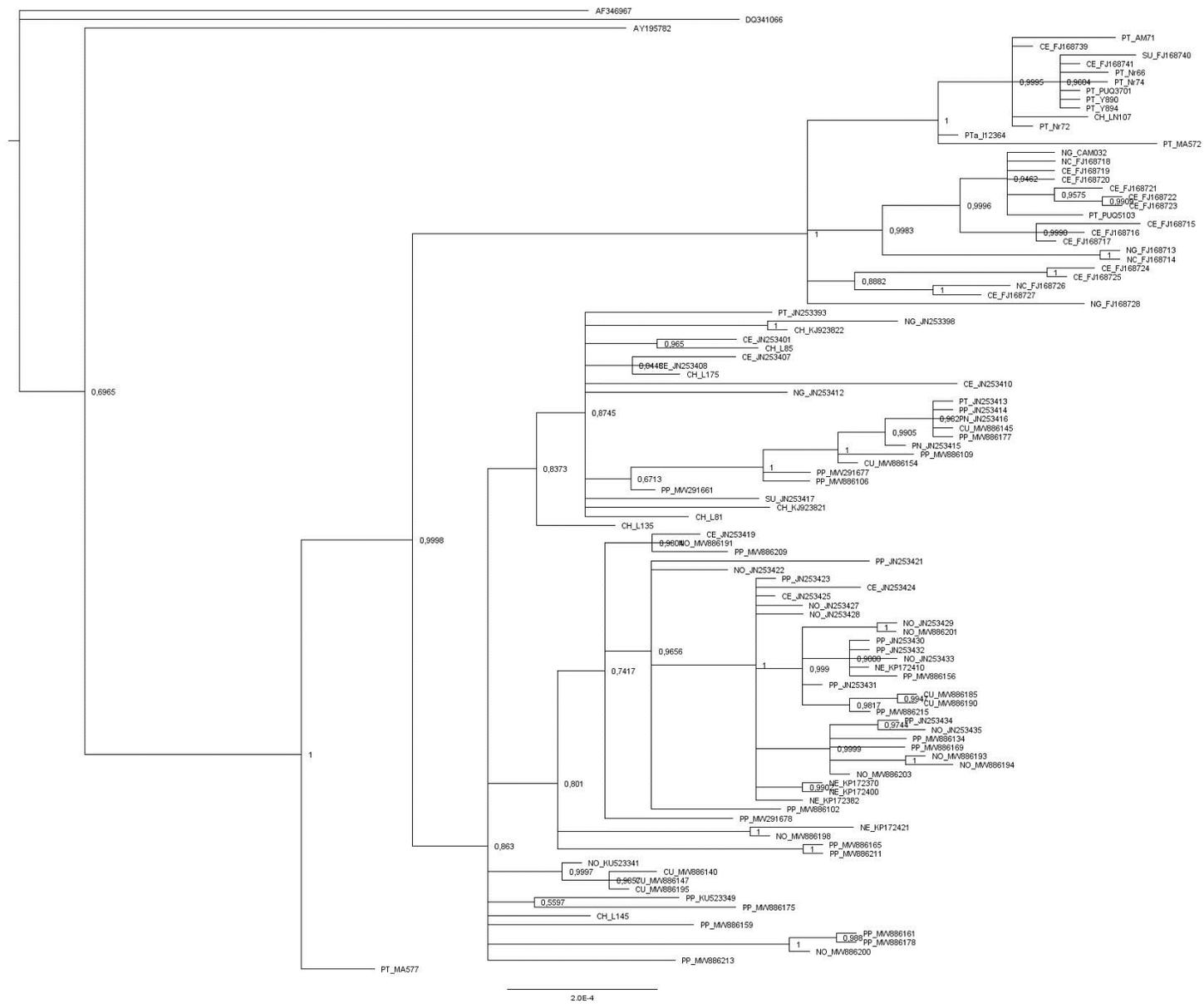


Figura 45.
Filogenia del

Macrohaplogrupo D construida con Inferencia Bayesiana.

