



**UNIVERSIDAD DE CHILE
FACULTAD DE CIENCIAS SOCIALES
DEPARTAMENTO DE ANTROPOLOGÍA**

**Caracterización genética de las comunidades agropastoriles de la
Región de Coquimbo (Chile), a través del análisis del ADN
mitocondrial.**

Tesis para optar al título de Antropóloga Física

Francisca Vásquez Estay

**Profesora Guía:
Dra. Michelle de Saint Pierre Barrera**

**Profesor Tutor:
Dr. Nicolás Montalva**

Santiago de Chile, 2023

**“Por entre las breñas hasta el campo en flor
va con sus cabritas el niño pastor
Por entre las breñas hasta el cielo van
a ver las estrellas que en el cielo están”**

Canción popular

Índice

Índice de figuras	5
Índice de tablas.....	5
Índice de gráficos.....	6
Índice de anexos.....	6
Agradecimientos	7
Resumen	8
Introducción	9
Antecedentes y Marco teórico.....	10
1. ADN mitocondrial en estudios microevolutivos	10
2. Poblamiento americano y sus aproximaciones: evidencias arqueológicas y genéticas.....	11
3. Poblamiento de Sudamérica y el cono sur.	14
4. Descripción de haplogrupos del cono sur: ADNmt en el Noroeste de Argentina y el territorio de Chile.....	18
5. Poblamiento e historia de la región de Coquimbo	22
6. Las comunidades agropastoriles del Norte Semiárido de Chile	32
Origen de las comunidades agropastoras y la tenencia comunal de tierras.	33
Subsistencia	34
Itinerarios de trashumancia.....	35
Estructura y genética de las poblaciones agropastoriles de la región de Coquimbo .	37
Planteamiento del problema	38
Hipótesis.....	38
Objetivos.....	38
Objetivo general:	38
Objetivos específicos:	38
Metodología.....	39
1. Muestra	39
2. Métodos	41
Amplificación y secuenciación	41
Revisión de cromatogramas y alineamiento de secuencias	42
Análisis estadístico y análisis de datos	42
Resultados.....	45
1. Frecuencia de linajes mitocondriales.....	45

Linajes amerindios	46
Linajes no amerindios	47
2. Índices de diversidad molecular y test de neutralidad.....	48
3. Redes de haplotipos.....	50
Macrohaplogrupo A2.....	50
Macrohaplogrupo B2.....	51
Macrohaplogrupo C1	52
Macrohaplogrupo D	53
4. Matriz de distancias F_{ST} y dendrogramas Neighbor-joining	54
5. Análisis de Componentes Principales	58
6. AMOVA	59
Discusión	62
Conclusiones y Perspectivas futuras	69
Bibliografía.....	70
Anexos.....	81

Índice de figuras

FIGURA 1: RECOPIACIÓN DE INVESTIGACIONES Y RUTAS MIGRATORIAS PROPUESTAS (CASTRO E SILVA ET AL., 2022).....	15
FIGURA 2: RUTA DE POBLAMIENTO DE SUDAMÉRICA SEGÚN GÓMEZ-CARBALLA ET AL. (2018).....	16
FIGURA 3: PUEBLOS DE INDIOS 1536 -1544 (REGIÓN DE COQUIMBO). FUENTE: CORTÉS, 2003.....	26
FIGURA 4: MERCEDES DE TIERRAS CONCEDIDAS 1544, 1549 Y 1558 (REGIÓN DE COQUIMBO). FUENTE: CORTÉS, 2003.	28
FIGURA 5: MAPA DE LAS COMUNIDADES AGRÍCOLAS DE LA REGIÓN DE COQUIMBO. FUENTE: (MONTALVA, 2014)	32
FIGURA 6: MAPA DE LA FRONTERA CHILENO- ARGENTINA PARA LA ZONA DE LA REGIÓN DE COQUIMBO Y ZONAS DE PASTAJE EN CALINGASTA. FUENTE: (HEVILLA & MOLINA, 2010)	35
FIGURA 7: MAPA DE LAS COMUNIDADES MUESTREADAS	40
FIGURA 8: RED DE HAPLOTIPO A2.	50
FIGURA 9: RED DE HAPLOTIPO B2.	51
FIGURA 10. RED DE HAPLOTIPO C1.....	52
FIGURA 11: RED DE HAPLOTIPOS D.....	53
FIGURA 12: DENDROGRAMAS NEIGHBOR-JOINING CONSTRUIDOS A PARTIR DE LAS DISTANCIAS GENÉTICAS DEL ANÁLISIS DE FST TAMURA & NEI ENTRE POBLACIONES CHILENAS Y ARGENTINAS. EL DENDROGRAMA DE LA IZQUIERDA (A) SE REALIZA A PARTIR DE SECUENCIAS PARA POBLACIONES NATIVAS Y MESTIZAS DE CHILE Y MESTIZAS DEL NO ARGENTINA. EL DENDROGRAMA DE LA DERECHA (B) SE REALIZA A PARTIR DE LA HVI DE SECUENCIAS DE POBLACIONES NATIVAS Y MESTIZAS DE CHILE, NATIVAS DE ARGENTINA (DIAGUITA Y KOLLA), MESTIZAS DEL NO DE ARGENTINA Y LA POBLACIÓN SHIPIBO-CONIBO-CASHIBO DE LA SELVA AMAZÓNICA DE PERÚ.	57
FIGURA 13: MAPA DE DISTRIBUCIÓN DE HAPLOGRUPOS RAROS ENCONTRADOS EN LAS COMUNIDADES AGROPASTORAS.....	64

Índice de tablas

TABLA 1: POBLACIÓN INDÍGENA ENCOMENDADA DEL NORTE CHICO. 1700-1770. FUENTE: CARMAGNANI, 1963.....	29
TABLA 2: MIGRACIÓN VISTA A TRAVÉS DE MATRIMONIOS ENTRE 1771-1800 EN EL DISTRITO DE PETRORCA. FUENTE: CARMAGNANI, 1963	30
TABLA 3: VENTAS DE ESCLAVOS EN COQUIMBO POR SEXO Y CASTA 1702-1820. FUENTE: (ARRE MARFULL, 2011)	31
TABLA 4: MUESTRAS POR COMUNIDAD	39
TABLA 5: MUESTRAS UTILIZADAS POR COMUNIDAD	40
TABLA 6: COMPUESTO PCR PARA UN VOLUMEN FINAL DE 25 μ L.....	41
TABLA 7: CONDICIONES PARA LA AMPLIFICACIÓN DE PCR PARA UN VOLUMEN FINAL DE 25 μ L.....	41
TABLA 8: PARTIDORES UTILIZADOS PARA LA AMPLIFICACIÓN DE LINAJES MITOCONDRIALES	42
TABLA 9: PARTIDORES UTILIZADOS PARA LA SECUENCIACIÓN DE LINAJES MITOCONDRIALES.....	42
TABLA 10: MUESTRAS DE POBLACIONES PARA COMPARAR.....	43
TABLA 11: ÍNDICES DE DIVERSIDAD MOLECULAR UTILIZADOS.	43
TABLA 12: FRECUENCIAS DE HAPLOGRUPOS MITOCONDRIALES PARA LAS COMUNIDADES AGROPASTORILES.	45

TABLA 13: ÍNDICES MOLECULARES BÁSICOS (TAJIMA-NEI) DE COMUNIDADES AGROPASTORILES ESTUDIADAS.....	48
TABLA 14: TEST DE NEUTRALIDAD: PRUEBA DE FU'S PARA LAS COMUNIDADES AGROPASTORAS ESTUDIADAS.	49
TABLA 15: ÍNDICE F_{ST} TAMURA & NEI POBLACIONES DE COMPARACIÓN CHILE Y NOA. EN AZUL SE MUESTRAN LOS VALORES DE P-VALOR, SIENDO $P=0,05$. EN AZUL Y NEGRITA SE MUESTRAN LOS VALORES ESTADÍSTICAMENTE SIGNIFICATIVOS. EN COLOR NEGRO SE MUESTRAN LOS VALORES DEL F_{ST}	55
TABLA 16: ÍNDICE F_{ST} TAMURA & NEI POBLACIONES DE COMPARACIÓN CHILE, NOA E INDÍGENA ARGENTINO Y AMAZÓNICO PERUANO. EN AZUL SE MUESTRAN LOS VALORES DE P-VALOR, SIENDO $P=0,05$. EN AZUL Y NEGRITA SE MUESTRAN LOS VALORES ESTADÍSTICAMENTE SIGNIFICATIVOS. EN COLOR NEGRO SE MUESTRAN LOS VALORES DEL F_{ST}	56
TABLA 17: TEST AMOVA PARA CONTRASTAR HIPÓTESIS DE DIFERENCIACIÓN ENTRE COMUNIDADES AGROPASTORILES Y POBLACIONES DEL NOROESTE DE ARGENTINA Y MESTIZAS CHILENAS DE CENTRO SUR.....	59
TABLA 18: TEST AMOVA PARA CONTRASTAR HIPÓTESIS DE DIFERENCIACIÓN ENTRE COMUNIDADES AGROPASTORILES Y POBLACIONES KOLLA Y MESTIZAS ARGENTINA DEL NOROESTE.	60
TABLA 19: TEST AMOVA PARA CONTRASTAR HIPÓTESIS DE DIFERENCIACIÓN ENTRE LAS COMUNIDADES AGROPASTORILES Y POBLACIONES DEL NORTE Y CENTRO-SUR DE CHILE.	61

Índice de gráficos

GRÁFICO 1. SUBLINAJES AMERINDIOS DE LAS COMUNIDADES AGROPASTORILES DE COQUIMBO	46
GRÁFICO 2: ANÁLISIS DE COMPONENTES PRINCIPALES A PARTIR DE LA MATRIZ DEL ÍNDICE F_{ST} TAMURA & NEI POBLACIONES DE COMPARACIÓN CHILE, NOA E INDÍGENA ARGENTINO Y AMAZÓNICO PERUANO.....	58

Índice de anexos

ANEXO 1: ESTADO DE LAS MUESTRAS ANALIZADAS EN LA REGIÓN DE COQUIMBO	81
ANEXO 2: FRECUENCIA DE HAPLOGRUPOS EN LA REGIÓN DE COQUIMBO.	82
ANEXO 3: GRÁFICOS DE PORCENTAJE DE SUBLINAJES AMERINDIOS EN LAS COMUNIDADES ESTUDIADAS.	83
ANEXO 4: CONTRIBUCIÓN DE LAS DIMENSIONES A EXPLICAR LOS DATOS.	84
ANEXO 5: TABLA DE COMPARACIÓN DE FRECUENCIAS DE HAPLOGRUPOS DE POBLACIONES NATIVAS DE CHILE CON LAS COMUNIDADES AGROPASTORAS.....	85
ANEXO 6: TABLA DE COMPARACIÓN DE FRECUENCIAS DE HAPLOGRUPOS DE POBLACIONES MESTIZAS DE CHILE CON LAS COMUNIDADES AGROPASTORAS.....	85
ANEXO 7: TABLA CON LAS SECUENCIAS INCOMPLETAS DEL D-LOOP DEL ADN MITOCONDRIAL PARA LAS POBLACIONES EN ESTE ESTUDIO.	86
ANEXO 8: TABLA CON LAS SECUENCIAS COMPLETAS DEL D-LOOP DEL ADN MITOCONDRIAL PARA LAS POBLACIONES EN ESTE ESTUDIO.	88

Agradecimientos

Debido a los casi tres años de trabajo de esta tesis que debió enfrentar revueltas sociales y pandemias mundiales, esta lista de agradecimientos se ha vuelto extensa y diversa. Tengo la dicha además de contar con muchas personas maravillosas a mi alrededor.

El primer agradecimiento es siempre a los voluntarios de los distintos pueblos de crianceros de la región de Coquimbo. Gracias por donar una parte de si mismos para el estudio científico, muchas gracias por mantener sus costumbres y por su puesto por sus exquisitos quesos.

Debo agradecer también a mi profesora guía Michelle de Saint Pierre por darme esta oportunidad, por acompañarme y apoyarme con mucha paciencia en esta investigación, a pesar de todos los obstáculos que hubo en el camino. También al profesor Nicolás Montalva quien en un curso de verano hace muchos años me inspiró a que decidiera estudiar esta carrera, gracias por la confianza.

Las gracias se quedan cortas para cada uno de la lista interminable de familiares que tengo, sin ustedes nunca sería la persona que soy hoy. Que sepan que cada aliento fue fundamental en todo este proceso. Gracias a todos por creer siempre en mí.

Quiero hacer un agradecimiento especial a mis padres que me enseñaron de alegrías, me dieron educación y tuvieron fe en mis capacidades incluso cuando yo no la tenía, muchas gracias. A mis abuelas por todos los cocavies entre estudios, y los retos para que me abrigue o me acueste temprano. Y particularmente a mi hermano, mi amuleto de suerte, que tuvo que soportar por años mis desvelos y divagaciones de estudio. Sin su compañía mi vida sería infinitamente más aburrida y triste.

Muchas gracias a Bastián, mi esposo, por las charlas de aliento a medianoche, las meditaciones, los cafés y los memes. Gracias por amarme tanto.

A mis amigas y amigos que me han dado el ánimo que necesitaba a cada momento. Especialmente a Francisca Hormazábal que me ha apoyado en mis dislexias, te quiero montones amiga.

Al ciprés de Punucapa, que marcó un hito que me dio la fuerza para vencer la frustración y terminar mi viaje junto a esta tesis.

Y finalmente, aunque suene poco ortodoxo, al grupo musical Chancho en piedra por la compañía que su música me dio en tantas noches de insomnio. Les dedico mi tesis ya que a causa de ella no pude asistir al Show final.

Resumen

Las poblaciones agropastoriles de la región de Coquimbo se destacan, dentro de otras poblaciones mestizas campesinas del país, debido a un modo de vida particular basado en la trashumancia de cabras. La propuesta más extendida del origen de estas poblaciones las sitúa en la época colonial, a partir de poblaciones mestizas que se establecen en espacios marginales de los distintos valles de la región. Sin embargo, la conformación de estas poblaciones mestizas no es clara, al recibir esta zona constantes migraciones de indígenas encomenderos, mulatos, europeos y al establecerse la extinción normativa de los pueblos locales, en un intento de establecer valores nacionales durante la época de la República. A través del análisis de la región hipervariable del ADN mitocondrial, se busca esclarecer el origen materno de estas comunidades, a través de la exploración de las relaciones filogeográficas de estas comunidades con otras poblaciones nativas y mestizas de Chile y Argentina. Siendo la hipótesis de trabajo que el origen genético mitocondrial de las poblaciones agropastoras de la región de Coquimbo se encuentra en poblaciones nativas de la zona. Dentro de los resultados, se registraron patrones haplotípicos atípicos en comparación a otras poblaciones indígenas y mestizas del país, así como también la presencia de haplogrupos raros para el cono sur, un posible nuevo sublinaje, y un relativo aislamiento genético respecto a las poblaciones de comparación. Se evidencia también una similitud genética de estas comunidades a pueblos indígenas y mestizos del Noroeste de Argentina, como las poblaciones Kolla argentinas y el pueblo de Calingasta, las que pueden ser producto de los patrones de movilidad que tienen las comunidades agropastoras. Estos resultados permiten sugerir que el escenario más probable es que el componente femenino de estas comunidades esté mayormente conformado por poblaciones nativas.

Palabras clave: Comunidades agropastoriles, Región de Coquimbo, ADN mitocondrial, Diaguitas.

Introducción

La región de Coquimbo, ubicada en el norte semiárido de Chile, alberga un conjunto de comunidades agropastoras que han mantenido un modo de vida tradicional arraigado, que combina la agricultura y el pastoreo de cabras, a pesar de enfrentar un entorno geográfico desafiante para la productividad agrícola.

Conocidos popularmente como crianceros, estos grupos trashuman de forma estacional cruzando la cordillera hacia los valles altos de Calingasta en la cordillera de Los Andes, buscando el mejor forraje para sus animales. A pesar de enfrentar desafíos en el contexto de la modernidad y la globalización, estas comunidades continúan preservando sus tradiciones y formas de organización social, demostrando una notable resiliencia y capacidad de coexistir con el entorno natural que las rodea.

Al ser uno de los últimos grupos que practican la ancestral tradición de la trashumancia, las comunidades agropastoriles de la región de Coquimbo han sido objeto de numerosos estudios de diversa índole que se han interesado en la estructura social, la tenencia colectiva de sus tierras y la acción comunitaria como mecanismos de adaptación y supervivencia en un contexto desafiante.

Sin embargo, el origen y la conformación de estas poblaciones no está claro. A pesar de saber de su existencia desde épocas coloniales las personas que conformaron estas comunidades fueron un grupo mixto de “marginados sociales” (Carmagnani, 1963; Castro & Bahamondes, 1986) de los cuales se tienen pocos antecedentes de su procedencia.

El presente trabajo tiene como objetivo la caracterización genética de las comunidades agropastoriles de la Región de Coquimbo, a través de un enfoque molecular que permitirá revelar las huellas impresas en su ADN mitocondrial. El análisis de la región hipervariable del ADN mitocondrial se presenta como una herramienta clave para desentrañar los patrones de migración, y la relación genética del componente femenino entre estas poblaciones, brindando una visión más completa de su historia evolutiva y sus vínculos con otras poblaciones.

Los resultados de esta investigación tienen por fin no solo contribuir al conocimiento científico de la historia genética de estas comunidades, sino también a la valoración y preservación de su patrimonio cultural, develando la historia no escrita de estas poblaciones. Asimismo, podría tener implicaciones importantes en la comprensión de la evolución humana y la dinámica de poblaciones en el contexto regional y sudamericano.

Antecedentes y Marco teórico

1. ADN mitocondrial en estudios microevolutivos

La mitocondria es un organelo de origen endosimbiótico que se encuentra presente en la gran mayoría de las células eucariontes y se transmiten – en el caso del ser humano- por vía materna. Estas tienen la particularidad de poseer su propio ADN; el ADN mitocondrial humano (ADNmt), el cual es una biomolécula bicatenaria de estructura circular y cerrada, constituida por 16.569 pares de bases conocidas en su totalidad desde el año 1981 (Anderson et al., 1981) las cuales codifican para diferentes genes, ARN y proteínas que participan en la fosforilación oxidativa (Stoneking, 1994). Existe dentro de esta molécula un segmento denominado D-loop o región control, que contiene 1.200 pares de bases y está compuesto por 3 regiones hipervariables - en adelante HV - ubicadas en torno al origen de replicación del ADNmt y se usa de manera preferente para hacer distintos estudios poblacionales.

Es debido a una serie de propiedades únicas en el ADNmt, como una alta cantidad de copias; su herencia materna; la ausencia de recombinación y su alta tasa de mutación, que es una elección habitual para los estudios de historia y evolución de la población humana (Pakendorf & Stoneking, 2005). Dentro de ellos podemos enumerar la deducción de patrones migratorios y caracterización de poblaciones (Moraga et al., 2017). Así como también, en estudios recientes, el entendimiento de los efectos socioculturales que pueden influir en la evolución humana: Tales como algunos tipos de matrimonio, patrones de residencia postmarital, sistemas de castas o incluso el trazado de los orígenes genéticos de inmigrantes y esclavos (Gallardo & Garesse, 2012). Es a través de estos estudios que hemos podido corroborar el origen africano del humano moderno, y mejorar nuestro entendimiento de las migraciones que han dado forma a las poblaciones humanas modernas.

Para realizar estudios poblacionales empleando ADNmt existen dos aproximaciones principales basadas en el estudio de linajes; para lo cual se utilizan haplogrupos, y en el estudio de las poblaciones individuales; que usan para sus fines, variados métodos de genética poblacional. Es primordial entonces utilizar en conjunto los métodos de análisis de haplogrupos y métodos estadísticos que examinen las relaciones poblacionales, para tener una imagen completa de la historia de las poblaciones y las personas que la componen (Gallardo & Garesse, 2012).

2. Poblamiento americano y sus aproximaciones: evidencias arqueológicas y genéticas

Las migraciones han sido siempre un aspecto intrínseco de los seres humanos. Gracias a este proceso, hace aproximadamente 60.000 años logramos salir de África como especie y poblamos poco a poco cada uno de los continentes del planeta (Bergström et al., 2021). Uno de los últimos continentes en ser poblado fue América, el cual se encuentra separado del resto por el océano Pacífico y Atlántico, por esta razón ha sido objeto de numerosos estudios y debates que buscan inferir las rutas y el tiempo de su poblamiento. Dentro de este debate, la arqueología, la bioantropología y la genética han sido disciplinas de particular importancia para inferir los patrones de movilidad, las rutas, el tiempo y las duraciones de los eventos migratorios tempranos hacia el continente, que permiten finalmente construir hipótesis en este aspecto (Rothhammer & Dillehay, 2009)

A partir de la disciplina arqueológica la teoría predominante de poblamiento de América fue la del "modelo Clovis", que sostiene que los primeros habitantes de América llegaron al continente cruzando la región de Beringia, la cual conectaba Siberia y Alaska a través de un corredor terrestre llamado "Corredor libre de Hielo" – IFC, por sus siglas en inglés. Este se abrió entre las placas de hielo que cubrían el Noroeste de Norteamérica a finales del Último Máximo Glacial. Esta teoría se basó en el descubrimiento de sitios tempranos en Norteamérica que se clasificaron bajo la cultura arqueológica Clovis, lo que sugiere una probable colonización desde Asia, vía Beringia, que se estimó con una edad aproximada de 13.000 años cal. A.P. (Waters & Stafford, 2007).

Sin embargo, en las últimas décadas se encontraron sitios en América del Sur con fechados más tempranos y con tipologías de herramientas líticas diferentes a los artefactos Clovis en América del Norte, lo que sugirió que la migración a través del IFC no fue el único camino de entrada a América. Se estimó una fecha más temprana de los sitios tempranos en Sudamérica que no calzan con el modelo Clovis y donde el sitio Monte Verde, al sur de Chile, con una edad aproximada de 14.600 años cal. A.P., jugó un rol importante (Dillehay et al., 2015; Dillehay & Collins, 1988). Este descubrimiento permitió la concepción del ingreso al continente en una época más temprana que no es coincidente con la apertura del IFC pero que si lo es con la disponibilidad de la costa del Pacífico como ruta de migración costera (Clark et al., 2022) . A su vez han motivado una búsqueda de sitios paleoindios que pudieran dar un marco temporal más coherente con los fechados para Sudamérica. Actualmente, los fechados indican un ingreso aproximado de 23.000 años cal. A.P., siendo esta la fecha del Sitio Rhinoceros Horn en Beringia (Hoffecker & Elias, 2007; Pitulko et al., 2004). A pesar de no haber acuerdo respecto a la fecha y las olas migratorias dentro de la disciplina arqueológica, existe un acuerdo de flujo de población desde el Norte al Sur con dos posibles modelos de poblamiento: (1) El modelo de "corredor libre de hielos" y (2) la "migración costera" (Rothhammer & Dillehay, 2009)

Sin embargo, la arqueología no es la única disciplina involucrada en el esfuerzo por entender las problemáticas del poblamiento de América. La lingüística y la genética también se han sumado a este debate. El estudio lingüístico con mayor relevancia es el de Joseph

Greenberg (1987), quien, mediante un análisis de las lenguas indígenas del continente, postuló que todas provienen de una lengua autóctona ancestral que se dividió en tres ramas: las lenguas Eskimo-Aleut, Na-Dene y Amerindia. Si bien esta hipótesis ha sido objeto de controversias centradas en la falta de evidencias de que haya entrado una sola lengua al continente, y en la amplia diversidad lingüística de América, este trabajo plantea la posibilidad de que haya existido una separación cultural previa o posterior al poblamiento del continente.

Los estudios genéticos, en cambio, han mostrado que existen poblaciones indígenas en América del Sur que tienen orígenes antiguos y no se pueden explicar por una sola migración desde Siberia. La evidencia genética sugiere que el poblamiento del continente desde Asia pudo haber comenzado hace unos 23.000 años atrás a través del estrecho de Bering, y que los primeros habitantes permanecieron aislados en esta región hasta hace unos 19.000 a 15.000 años atrás durante el último máximo glacial (Pinotti et al., 2019; Tamm et al., 2007), siendo esto concordante con otras líneas de investigación ya nombradas. Es importante destacar que estos dos modelos no son mutuamente excluyentes y que ambas migraciones contribuyeron a la composición genética de las poblaciones nativas americanas posteriores (Castro E Silva et al., 2022).

El ADNmt, en este sentido, se ha utilizado como un marcador útil para probar hipótesis en torno al poblamiento americano, entregando una caracterización genética de los distintos grupos, y permitiendo conocer la antigüedad de los linajes con el fin de contrastar con otras disciplinas y datos disponibles. Estos estudios han encontrado en América 4 macrohaplogrupos de procedencia asiática A, B, C y D (Achilli et al., 2008) dando origen a los linajes americanos A2, B2, C1b, C1c, C1d, C4c, C4g, D1, D2a, D3, D4h3, X2a, teniendo estas distribuciones y frecuencias variables a lo largo del continente, y siendo C1 el más extendido por América. (Achilli et al., 2008; Bandelt et al., 2003; Tamm et al., 2007). Todos estos linajes surgen con relativa sincronización hace aproximadamente 18,400 años A.P., indicando un periodo de aislamiento de los primeros pobladores probablemente en la zona de Beringia (Llamas et al., 2016). Debido a la distribución focalizada de los haplogrupos D4h3a - encontrado en un esqueleto de Alaska y en poblaciones de la Patagonia del sur de Chile y Argentina (De Saint Pierre et al., 2012; Moraga et al., 2000, 2004), C4c - encontrados en la zona de Canadá y Colombia (Brown et al., 1998) – y X2a – identificado solo en una zona acotada de Norteamérica (Brown et al., 1998)– es que estos se clasifican como haplogrupos raros dentro del continente. Un estudio paleo geográfico de dos de estos haplogrupos raros – D4h3a y X2a – indicó al menos 2 rutas de migración desde Beringia con tiempos similares, una por la Ruta Costera -haplogrupo D4h3a - que juega un papel importante en la población de los dos continentes y en particular en Sudamericano, y otro por el corredor sin hielo – X2a- el cual pudo ser más significativo para el poblamiento de América del Norte (Perego et al., 2010)

Desde los estudios de Achilli et al. (2008), no existen escenarios entregados por el ADNmt que avalen la idea preliminar de un poblamiento inicial relacionado a lo Clovis. Por el contrario, en cuanto a estudios más recientes utilizando ADN antiguo genómico de esqueletos precolombinos, han revelado una mayor diversidad genética de los antiguos pobladores de América del Sur de lo que se pensaba anteriormente (Posth et al., 2018). En

particular, se identificaron dos linajes ancestrales principales: uno relacionado con poblaciones del norte de Sudamérica y otro relacionado con poblaciones de la región andina (Posth et al., 2018). Los autores también encontraron evidencia de una alta mezcla genética entre poblaciones ancestrales sugiriendo una interacción y mezcla entre grupos que se originaron en diferentes regiones de Sudamérica. Y que por lo tanto la región fue colonizada por múltiples poblaciones que se mezclaron y diversificaron con el tiempo.

3. Poblamiento de Sudamérica y el cono sur.

Debido a las condiciones topográficas de Sudamérica, en particular a la presencia de la cordillera de los Andes que podría presentar una importante barrera natural para los primeros pobladores del subcontinente, es que se hipotetizan dos posibles vías: (1) Un movimiento de las poblaciones hacia uno de los lados de la cordillera - este u oeste – con flujos de movilidad hacia el otro lado desde distintas latitudes, o (2) una disgregación de los grupos en la zona norte de Sudamérica resultando en dos grupos separados. Siendo esta última la más respaldada por los datos genéticos (Bodner et al., 2012).

Al respecto Rothhammer & Dillehay (2009) señalan basándose en evidencia arqueológica y paleoclimática que el poblamiento del subcontinente partió hace unos 15.000 A.P. a 13.500 A.P., y proponen una ruta migratoria a través del istmo de Panamá con grupos cazadores recolectores que siguieron los cursos de los ríos Cauca y Magdalena hacia los Andes, o hacia el lado de Venezuela y el norte de Brasil. A partir de este evento es que una población sigue la ruta costera por el oeste de los Andes, y otra se dispersó por el Amazonas hacia el sur, apoyando de esta forma el segundo modelo.

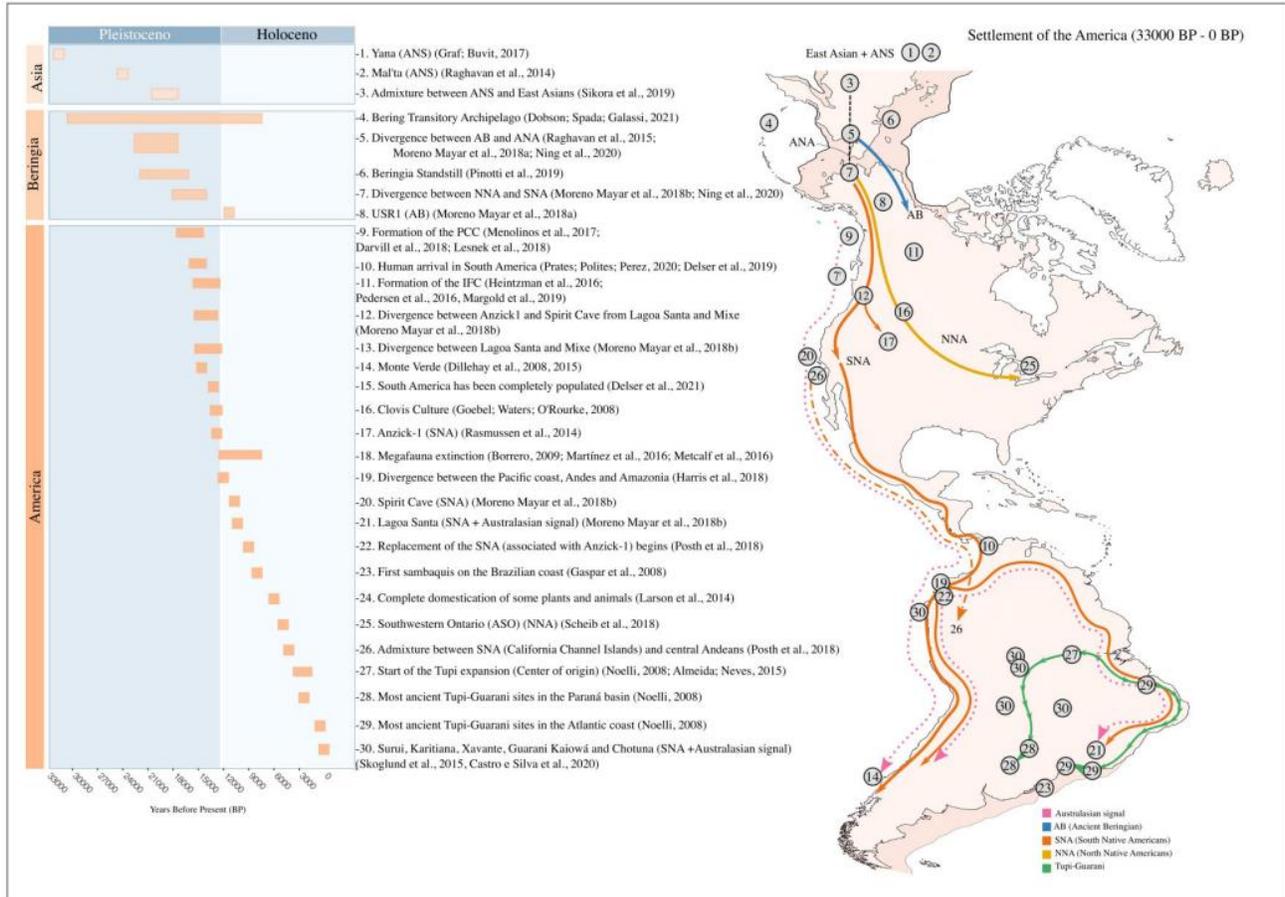
Con cada nueva investigación, y la acumulación de las evidencias obtenidas, este modelo se ha vuelto más complejo en términos de velocidad del poblamiento como en las posibles rutas alternativas y variaciones. Actualmente se han caracterizado al menos 3 poblaciones distintas que se dispersaron por el subcontinente sudamericano a través de rutas terrestres: (1) Un primer grupo afín al individuo Anzick-1, el cual está ligado a la cultura Clovis que llegaría al continente. (2) Un Segundo grupo que empieza a “reemplazar” al primer grupo en el registro genético hace aproximadamente 9.000 años A.P. y (3) un tercer grupo cercano a los individuos de las islas del canal de California, antes de los 4.200 años A.P. y que en algunas investigaciones se ha relacionado con la dispersión de la agricultura en Mesoamérica.(Posth et al., 2018; Sutter, 2021) (Figura 1).

En cuanto al poblamiento del cono sur, Bodner et al. (2012) postula un posible poblamiento temprano y de gran velocidad siguiendo la costa oeste, esto en base a la presencia de los haplogrupos mitocondriales D1g y D1j en poblaciones del Sur de Chile y Argentina, en donde la barrera natural de los Andes no sería una restricción estricta, abriendo la posibilidad a migraciones trasandinas en ambas direcciones.

Por otro lado, en la revisión realizada por Fehren-Schmitz et al. (2017) se concluye que hubo un poblamiento estacionario de los Andes Centrales hace unos 14.000 a 13.000 años A.P., con una continuidad poblacional durante al menos 8.500 años antes del contacto europeo, contradiciendo la hipótesis de Rothhammer et al. (2001) de un poblamiento altiplánico desde el Amazonas. Postula además que se observa una alta diversidad genética dentro de las poblaciones andinas modernas, lo que indica tamaños de población significativos y un flujo génico constante. Además, se destaca la predominancia del macrohaplogrupo B2 a lo largo de los Andes, lo que demuestra la continuidad y afinidad entre los grupos andinos. Sin embargo, es importante destacar que este patrón no fue constante a lo largo del tiempo, ya que se ha observado a través de estudios de ADN antiguo, una predominancia del macrohaplogrupo D1 en poblaciones de la costa noreste y

sureste de Perú, durante el Periodo Intermedio Tardío (1000 a 1400 A.P.). No fue hasta el Periodo Tardío que la frecuencia mitocondrial se inclina hacia el macrohaplogrupo B2 (Barbieri et al., 2011; Fehren-Schmitz et al., 2017).

Figura 1: Recopilación de investigaciones y rutas migratorias propuestas (Castro e Silva et al., 2022)

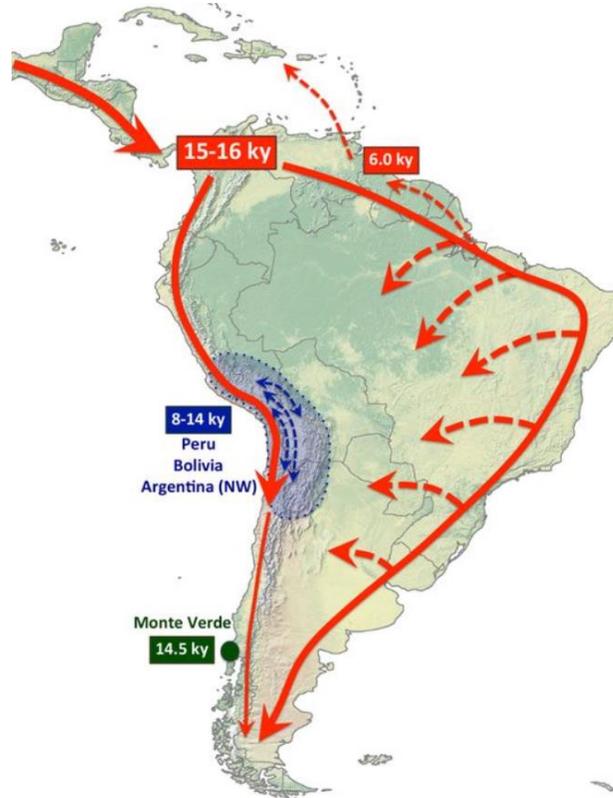


Al respecto, Gómez-Carballa et al., (2018) analizan ADN mitocondrial y SNP autosómicos de diferentes poblaciones andinas comprobando lo expuesto por Fehren-Schmitz et al., (2017) en cuanto a la alta continuidad genética en las poblaciones andinas hasta tiempos recientes. A partir de su investigación agrega que pudo existir una ola migratoria desde Norteamérica hace 16.000 a 14.600 años A.P., apoyado además en la evidencia encontrada por Brandini et al., (2018) estos migrantes avanzarían en dos rutas: una por la parte Atlántica y otra por la costa pacífica. Se destaca también la existencia de un alto flujo genético entre los territorios de Perú y Bolivia con una direccionalidad de Perú a Bolivia hasta el Noroeste de Argentina, sin migraciones significativas en el sentido contrario. (Figura 2).

El modelo migratorio propuesto por Gómez y Carballa et al., (2018) postula que no hubo intercambios genéticos significativos entre los paleoindios del Oeste de los Andes con quienes siguieron la ruta del Este de la cordillera, exceptuando las que se encuentran en la franja andina de los territorios chilenos. En esta línea, se considera a los bosques

amazónicos como una barrera geográfica para el flujo génico entre las poblaciones que tomaron las rutas Pacífica y Atlántica.

Figura 2: Ruta de poblamiento de Sudamérica según Gómez-Carballa et al. (2018).



Justamente en el sector andino chileno se plantean hipótesis sobre posibles pasos trasandinos, como resultado del movimiento poblacional desde la ruta de la costa pacífica hacia el sector Noroeste y Centro de la actual Argentina. Esta suposición se fundamenta en la ubicación de los sitios arqueológicos más antiguos en el lado Oeste de la cordillera y en la mayor densidad poblacional registrada en el centro de Chile. Estos factores sugieren la existencia de una posible ruta de poblamiento a través de los Andes hacia Mendoza, y además, el noroeste y centro oeste de Argentina podrían haber sido colonizados a través de dos rutas distintas: la mencionada anteriormente, y otra a través del sector de la Puna. (Motti et al., 2017).

Así mismo, en la discusión del poblamiento de la zona más austral, la presencia del haplogrupo mitocondrial D4h3a5, presente en poblaciones patagónicas de Chile y Argentina, puede indicar una ruta migratoria que muestra que toda la zona de la Patagonia pudo ser poblada mediante la ruta costera (De Saint Pierre et al., 2012). Esto concuerda con el estudio de Nakatsuka et al. (2020) en el que encontraron una clina correlacionada con el ordenamiento geográfico costero, utilizando secuenciación completa de ADN antiguo y modernos de grupos en poblaciones sub patagónicas (Nakatsuka et al., 2020). Estas evidencias amplían nuestra visión a un poblamiento del cono sur, y particularmente de los andes sur, como una serie de movimientos mucho más complejos que los presentados por

Rothhammer & Dillehay inicialmente, y que reabren el debate sobre el modelo más preciso para explicar el poblamiento de la zona.

4. Descripción de haplogrupos del cono sur: ADNmt en el Noroeste de Argentina y el territorio de Chile.

El enfoque de este trabajo se centra en la región de Coquimbo, la cual se encuentra ubicada en la Macrozona del Norte semiárido, situada entre el denominado Norte Grande de Chile y el sector Centro del mismo país. Además, esta región se encuentra en proximidad a numerosos pasos internacionales hacia la zona del Noroeste de Argentina. Por esta razón, resulta fundamental llevar a cabo una revisión de los estudios de ADNmt en estos sectores, con el fin de comprender las dinámicas en las que la población estudiada podría estar inserta.

Es relevante subrayar que para efectos de los estudios con ADNmt, el exterminio de comunidades indígenas durante la colonización europea junto al proceso de mestizaje han tenido un impacto significativo en la región americana, resultando en una alta tasa de extinción reciente de linajes mitocondriales ancestrales (Llamas et al., 2016). Este proceso de colonización y mestizaje no solo ha llevado a la pérdida de información genética, sino también a la formación de una genética tripartita en todo el territorio sudamericano en dónde se encuentran ancestrías principalmente indígenas, europeas y africanas. El mestizaje, que ha ocurrido de manera local y diferenciada en el espacio, ha dado lugar a un mosaico de ancestrías, reflejando las asimetrías de sexo y poder socioeconómico presentes en la sociedad. (Castro E Silva et al., 2022). Es la localidad del proceso de mestizaje que involucra irremediablemente a poblaciones indígenas lo que genera la consistencia de grupos residiendo en las mismas regiones que sus antepasados. Este tipo de circunstancias dio lugar al concepto de homopatria que establece que las poblaciones que actualmente residen en la región dónde habitó determinado grupo étnico, conservan linajes de dicho grupo y que, por lo tanto, el estudio de poblaciones actuales tiene validez para hacer interpretaciones respecto a la distribución geográfica de linajes nativos (Gonçalves et al., 2010)

Así mismo, hay que tener en cuenta que el sector de los Andes centrales, situado un poco más al Norte de las áreas estudiadas, fue ocupado durante un período más extenso y por poblaciones de mayor tamaño en comparación con el resto de Sudamérica. Estas comunidades contaban con sistemas de producción de alimentos intensivos y, con el tiempo, desarrollaron una estructura jerárquica, manteniendo conexiones culturales sólidas que se expandieron hacia las regiones circundantes. En consecuencia, a nivel genómico, presentan una mayor diversidad genética dentro de las poblaciones y, al mismo tiempo, una menor diferenciación genética entre ellas en comparación con otras regiones de Sudamérica. (Castro E Silva et al., 2022; Fehren-Schmitz et al., 2017; Gómez-Carballa et al., 2018). Por otra parte, las comunidades indígenas del Cono Sur se distinguen genéticamente de otras comunidades indígenas de Sudamérica, manteniendo una continuidad genética a lo largo del territorio. Específicamente, el centro-sur de Chile y la Patagonia presentan un componente genético único (Castro E Silva et al., 2022)

Para la región de los Andes Sur, que abarca el sur de Perú y Bolivia, el noroeste de Argentina y el norte de Chile, la composición genética fue moldeada por los movimientos

poblacionales generados a raíz de las redes de intercambio, vinculadas a los centros políticos imperiales como Tiwanaku, Wari e Inka. Estas redes de intercambio jugaron un papel crucial en la conformación de las dinámicas poblacionales y en la distribución genética en la región (Fuselli et al., 2003). Un linaje crucial para el estudio de esta región es el haplogrupo B2, el cual está presente en toda América del Sur con un porcentaje aproximado del 23%, aunque su frecuencia varía en cada zona del continente. Sin embargo, en las regiones andinas, este haplogrupo alcanza una presencia significativa, con aproximadamente un 20% a 40% en Ecuador, y frecuencias cercanas al 90% en poblaciones nativas de Perú y Bolivia (Gómez-Carballa et al., 2018).

En un estudio filogeográfico del haplogrupo B2 en linajes andinos Gómez-Carballa et al., (2018) investigaron los linajes específicos para los Andes sur. Entre ellos se encuentra el haplogrupo B2ai, caracterizado por el polimorfismo C16168T, el que se encuentra en frecuencias cercanas al 4% en los Andes del Perú y Bolivia, con una edad aproximada de 8.400 años A.P. Este se expande hacia Ecuador y el Norte de Chile, dando lugar también al sublinaje B2ai2a, presente en Bolivia y el Norte de Argentina.

Se identifica también el linaje B2aj, el cuál es exclusivo de la región andina y está definido por los polimorfismos A88536G, G15883A y C16188T. Este linaje tiene su origen en Perú, con una antigüedad de 10.400 años A.P., y representa evidencia del flujo de genes entre regiones vecinas, ya que abarca desde Perú hasta Bolivia y los Andes argentinos, sin evidenciarse rutas en dirección inversa. En cuanto al sublinaje B2aj1a1a este podría haberse originado en Argentina (Gómez-Carballa et al., 2018).

En cuanto al linaje B2y, caracterizado por el polimorfismo C16261T, se encuentra presente en toda la costa del Pacífico, desde Norteamérica hasta Chile, y tiene su origen en el subcontinente norte. También se registra una distribución moderada hacia el Norte de Argentina. Por su parte, el subclado B2y2a1a surge en Perú hace 6.600 años aproximadamente, y se extiende por Bolivia hasta el Noreste de Argentina (Gómez-Carballa et al., 2018).

En relación con las características genéticas del sector noroeste de Argentina (NOA), se ha identificado que la zona del Norte del país trasandino posee el componente genético americano más destacado en relación con el resto del país, alcanzando un 70% de prevalencia. (Catelli et al., 2011). De igual manera, las investigaciones confirman una marcada conexión entre las poblaciones del norte del NOA aquellas de origen andino. En localidades como Maimará y Quiaca, se han encontrado altas frecuencias de haplogrupos característicos del Norte de Chile y el Oeste de Bolivia (Motti, 2012) Además, en la provincia de Jujuy, se observa un alto porcentaje de frecuencia de los linajes A2 y B2, alcanzando un 13,9% y un 56,7%, respectivamente (Cardoso et al., 2013)

Dentro de los estudios de Motti et al., (2012) en poblaciones mestizas del Noroeste y centro-oeste de Argentina, se han encontrado distribuciones interesantes de los linajes D1j, que se presentan en abundantes muestras y son casi exclusivos de la zona central de Argentina. Es por esta distribución restrictiva que se hipotetiza un origen de D1j en las Sierras Pampeanas (García et al., 2012). De igual manera, los haplogrupos D1g, B2i2 y C1b13 están altamente representados en localidades como La Rioja, San Juan, Calingasta y el

Norte de Mendoza (NOA) tres linajes que se encuentran también en la zona central de Chile (Pezo et al., 2022) pudiendo indicar relaciones de flujo de población ancestrales o históricas entre ambas macrozonas.

En la revisión del haplogrupo D1g en el Noroeste de Argentina se ha observado una alta diversificación, con haplogrupos que se separan del nodal por numerosos pasos mutacionales, lo que sugiere la presencia de una gran cantidad de haplotipos faltantes. Esto podría significar que el área muestreada es una zona periférica de distribución del linaje o el resultado de una disminución de la diversidad haplotípica, debido a un evento como un cuello de botella poblacional. Estos hallazgos son de relevancia para comprender la historia genética y las dinámicas poblacionales en esta región del país (Motti, 2012).

La estructura genética de la población chilena actual ha sido caracterizada a partir de tres componentes: el amerindio, el europeo y en menor medida el africano, variando la proporción de estos componentes en relación con la ubicación geográfica y las características de la población estudiada, teniendo en cuenta la historia de formación de la población chilena -en dónde mayoritariamente la genética local fue desplazada y/o reducida por la población europea y africana- y los procesos migratorios propios de cada región (Moraga et al., 2017)

Los estudios de ADNmt en Chile se han llevado a cabo para poblaciones originarias del norte -Aimara y Atacameño- y sur -Mapuche, Pehuenche, Huilliche, Yagán y Kawésqar-, y mestizas para sectores urbanos y rurales (De Saint Pierre et al., 2012; Flores-Alvarado et al., 2022; Gómez-Carballa et al., 2016; Moraga et al., 2017; Pezo et al., 2022). En población originaria los estudios muestran los cuatro macro haplogrupos fundadores – A2, B2, C1 y D1 – con un patrón de decrecimiento de los macrohaplogrupos A2 y B2 hacia el sur, al mismo tiempo que los haplogrupos C1 y D1 aumentan en el mismo sentido. Este patrón se puede explicar debido al efecto fundador (De Saint Pierre et al., 2012; Moraga et al., 2000, 2004, 2017).

El linaje A2, se ha encontrado en Chile en un 5,1% en las muestras encontradas en poblaciones Aimara y un 25% en las encontradas en poblaciones Atacameña (De Saint Pierre et al., 2012). En las poblaciones amerindias de Centro-Sur se encuentra en frecuencias menores al 10% en población Huilliche y Pehuenche. Y no se encuentra presente en poblaciones Mapuche ni del extremo sur del país (De Saint Pierre et al., 2012; Moraga et al., 2000)

El linaje B2, como es mencionado anteriormente está ligado a las poblaciones de los andes Centrales (Fehren-Schmitz et al., 2017), existiendo unas altas frecuencias del haplogrupo B2 en población Aimara y Atacameña, de aproximadamente un 65% para ambas poblaciones (De Saint Pierre et al., 2012; Moraga et al., 2010). Sin embargo el subhaplogrupo B2i2 se encuentra ausente en las poblaciones del norte y se encuentra con frecuencias entre el 10% al 40% entre las poblaciones del centro-sur como Mapuche, Pehuenche y Huilliche (De Saint Pierre et al., 2012; Moraga et al., 2000).

Respecto a los linajes C1 y D1, aumentan en frecuencia hacia los sectores más meridionales, alcanzando valores de más de un 40% en poblaciones Mapuche, Huilliche y

Pehuenche, y valores cercanos al 50% en población Yagán (De Saint Pierre et al., 2012; Moraga et al., 2000) y Kawésqar (De Saint Pierre et al., 2012). Para el linaje C1, el más extendido en las poblaciones del Centro-Sur es el linaje C1b13 que va desde el 13% al 28% de representación. La poca diversidad que presenta el macrohaplogrupo C1 en relación a los haplogrupos B2 y D1 en los grupos del extremo Sur de Chile y Argentina pueden ser explicados por efecto fundador (Moraga et al., 2000) .

En tanto el linaje D1, en particular los subhaplogrupos D1g y D1j que son haplogrupos poco comunes en América, muestran altas frecuencias en las poblaciones nativas de Chile y Argentina. El haplogrupo D1g se encuentra especialmente en los grupos Pehuenche, Huilliche y Mapuche de ambos países (Bodner et al., 2012; De Saint Pierre et al., 2012). Los subhaplogrupos C1b13 y D1g son los más extendidos en estas poblaciones. Como se ha mencionado previamente, Bodner et al., (2012) sostiene que ambos linajes – D1j y D1g – son consistentes con un movimiento rápido costero, y sugiere que el sublinaje D1g representa un linaje ancestral Mapuche, ya que la extensión del haplogrupo D1g se solapa con el antiguo territorio Mapuche. Por otro lado, como ya se ha mencionado, la presencia del haplogrupo D4h3a5 en poblaciones patagónicas de Chile y Argentina, podría indicar una ruta migratoria alternativa a la propuesta por Rothhammer & Dillehay (2009) la cual sugiere que toda la zona de la Patagonia pudo ser poblada a través de la ruta costera (De Saint Pierre et al., 2012).

Por otra parte, los estudios realizados a poblaciones mestizas se han realizado en localidades rurales como los Valles de Azapa, Camarones, caleta Paposo en la zona norte; el Valle de Aconcagua, por la zona central; y Carelmapu, Quetalmahue, Detif y Chiloé por la región del sur, así como también en sectores urbanos como Iquique, Antofagasta, Calama, San Felipe y Los Andes, Santiago, Concepción, Temuco y Punta Arenas. Observándose el mismo gradiente de representación de haplotipos que el observado en poblaciones originarias (Gómez-Carballa et al., 2016; Moraga et al., 2017; Moraga et al., 2004; Pezo et al., 2022).

Dentro de esta categoría se encuentra un estudio que presenta una discontinuidad en la costa y valles de la región de Antofagasta, encontrándose una mayor relación de sectores costeros con poblaciones del Centro-Sur del país, mientras que los sectores del interior son más cercanos a las poblaciones nativas del norte de Chile, los Andes bolivianos y el Noroeste de Argentina (de Saint Pierre Barrera et al., 2020; Faure Echeverría, 2018).

Así mismo en un estudio reciente se analizan migraciones históricas para las ciudades de Santiago, Concepción y Los Andes/ San Felipe, analizando 3 linajes restringidos a la zona centro sur: B2i2, C1b13 y D1g. Se encuentra un alta afinidad entre las ciudades de Santiago y Concepción (Pezo et al., 2022)

Todos los grupos nativos analizados a lo largo de diferentes investigaciones concuerdan en una alta continuidad geográfica de las poblaciones. Nakatsuka et al., 2020 determinó para las poblaciones Kawésqar, Yamana marítimo y Selknam terrestres que las poblaciones actuales están más relacionadas con individuos arqueológicos de la misma región que a los individuos actuales de otras regiones.

5. Poblamiento e historia de la región de Coquimbo

La región de Coquimbo se encuentra en la zona norte del país - norte semiárido – entre las regiones de Atacama al norte y Valparaíso al sur, limitando al este con la provincia de San Juan en Argentina. Tiene una extensión de alrededor de 40.500 km² y una población aproximada de 757.586 (INE, 2017).

Es un área de clima seco con áreas más húmedas entre la cordillera de la costa y el océano Pacífico. Se encuentra surcado por cadenas montañosas orientadas de oeste-este de alrededor de 3000 metros, y cortada por los ríos Elqui, Limarí y Choapa de norte a sur, los cuales se encuentran asociados a valles y provincias del mismo nombre. La gran mayoría de la población vive en pueblos o ciudades cercanas a la línea costera, y gran parte de los valles cercanos a las riberas de río están ocupados por pueblos asociados a compañías agroindustriales (INE, 2017). Por su parte, las comunidades agropastoriles se ubican por lo general en sectores marginales o en la alta montaña. (Ministerio de Bienes Nacionales, 2020).

El territorio de la región de Coquimbo ostenta una rica historia de ocupación temprana, respaldada con evidencia arqueológica de hace al menos 13.000 años A.P. en la zona del valle del Choapa. A lo largo del tiempo, diversas ocupaciones de cazadores recolectores han mantenido una ocupación constante tanto en la costa como en el interior de la región. Entre los sitios e hitos más significativos del periodo finipleistocénico, merecen mención el Sitio Santa Julia con una datación aproximada de 11.000 años A.P., ubicado al Norte de Los Vilos (Jackson et al., 2007); el Sitio Quereo, datado entre 13.500 y 13.000 años A.P., en la quebrada homónima al sur de Los Vilos (Montané & Bahamondes, 1973; Núñez et al., 1987); el Valiente, con una antigüedad aproximada de 10.700 a 9.970 años A.P., situado en la localidad de Tilama, al interior de Los Vilos (Méndez & Jackson, 2015); La Coipa, datado en 13.000 años A.P., ubicado en Cómbarbalá, siendo este el único sitio en el interior hasta la fecha; y Los Rieles, con una antigüedad que oscila entre 12.410 y 11.230 años A.P., localizado al norte del sector de Los Vilos (Jackson et al., 2012).

Este último sitio, Los Rieles, se distingue por resguardar uno de los restos humanos más antiguos de Sudamérica y exhibir un escenario de singular interés, al diferenciarse de los otros sitios mencionados. En contraposición a los conjuntos líticos "cola de pescado" y las adaptaciones a la caza o carroñeo de megafauna hallados en los demás sitios, Los Rieles presenta afinidades con el conjunto lítico de la cultura Huentelauquén, y adaptaciones a recursos costeros. Además, el patrón de entierro lateral flectado ha sido identificado en otros sitios tempranos en la costa del Pacífico, como el complejo temprano Las Vegas en Ecuador y el complejo Paján en el Centro-norte de Perú, así como también en culturas posteriores, como el complejo Huentelauquén. Esto ha suscitado la interpretación de que la zona fue poblada a través de la ruta costera y que los sitios Santa Julia, Quereo y el Valiente, en contraste con el sitio Los Rieles, podrían reflejar poblaciones distintas, sugiriendo posibles evidencias de dos oleadas de poblamiento en la zona o una misma población que cambió su estrategia de explotación de recursos (Jackson et al., 2012).

Durante el periodo arcaico, esta ocupación muestra patrones de movilidad a lo largo de la costa, pero también una posibilidad de movilidad hacia el interior, al descubrirse en sitios trasandinos una tecnología lítica similar en su morfología a la local de la región de Coquimbo (Falabella et al., 2016). A su vez durante el arcaico temprano u holoceno temprano, aparecen en sitios cercanos a posibles rutas de paso distintas materialidades que muestran la presencia de restos, que podrían indicar patrones de alta movilidad estacional entre distintos pisos altitudinales, desde la costa pacífica hasta la provincia de San Juan, Argentina. Como ejemplo, el sitio San Pedro Viejo Pichasca presenta una ocupación continua durante todo el holoceno en un sector de paso. Este sitio correspondería a grupos de cazadores recolectores que coexistirían con el complejo Huentelauquén en la costa y la cultura Los Morrillos de la vertiente oriental de Los Andes (Cornejo et al., 2016), y hacia el holoceno tardío da indicios de agricultura similares a los vistos en Argentina y restos malacológicos obtenidos desde la costa occidental (Kelly, 2017). Así también se tiene en cuenta la existencia de sitios de la Provincia de San Juan, como ARQ-18, que presentan indicios de un proceso temprano de domesticación, asociado según la academia arqueológica argentina, a influencias desde el lado chileno de la cordillera (Gasco, 2014)

Durante el periodo alfarero, se evidenció un proceso de poblamiento que se extendió desde el valle del río Copiapó hasta el valle del río Aconcagua, con el establecimiento de modos de vida más sedentarios. Las investigaciones actuales, basadas en el análisis de la diversidad cerámica de los sitios pertenecientes al periodo alfarero temprano, sugieren que este territorio habría sido ocupado por diversos grupos, cuya influencia habría dejado su impronta en el estilo alfarero de estas poblaciones. Entre las posibles influencias, se destaca la cultura Agrelo-Calingasta del centro-oeste argentino, así como otras poblaciones contemporáneas ubicadas hacia el sur y norte de esta región (Sanhueza et al., 2003). Las tradiciones alfareras de estas áreas mantuvieron una notable continuidad con escasos cambios durante gran parte del periodo alfarero y, muy probablemente, coexistieron en el tiempo con la Cultura diaguita. Uno de los desarrollos culturales más destacados del periodo Alfarero Temprano es el complejo cultural Molle, que se caracteriza por la presencia de tembetás de piedra, pipas de piedra en forma de T invertida y cerámica monocroma con decoraciones que comparten rasgos y modelados similares a los encontrados en el Noroeste de Argentina, así como también con decoraciones que se asemejan a las de la posterior cultura Diaguita. Este complejo cultural se mantendrá a lo largo del periodo Alfarero Intermedio (Troncoso et al., 2016).

Durante el periodo alfarero intermedio aparece el complejo cultural Ánimas, el cual presenta dos patrones de asentamiento distintos en las regiones tercera y cuarta. En este complejo, se destaca la presencia de sitios habitacionales que coexisten con sitios caracterizados como Diaguitas. Además, se observa la presencia de metalurgia en cementerios con similitudes estéticas y funcionales a lo encontrado en el Noroeste de Argentina, así como la presencia de estaño como bien no local. Esta metalurgia muestra afinidades con los desarrollos de las culturas Belén y Santa María en Argentina. En los sitios funerarios, se ha registrado una alta cantidad de camélidos, lo que podría indicar la existencia de sociedades pastoras, aunque no se ha encontrado evidencia del proceso de domesticación en la zona (Troncoso et al., 2016).

Existen varias hipótesis que vinculan el complejo cultural Ánimas con el desarrollo de la cultura Diaguita en la cuarta región, a pesar de la presencia de contextos Ánimas contemporáneos a los Diaguitas (Troncoso et al., 2016). Asimismo, a nivel pan regional, las culturas arqueológicas Belén y Santa María en la provincia de Catamarca, están relacionadas con el desarrollo de la cultura Diaguita en Argentina, basándose en sus características cerámicas (Motti, 2012).

Durante el periodo alfarero intermedio tardío, aproximadamente en el siglo 850 d.C., emerge en la región la cultura Diaguita, caracterizándose como el desarrollo cultural más representativo en el área comprendida, desde el valle de Huasco hasta el valle del Choapa. Esta cultura presenta una serie de modos de vida y materialidades compartidas en todos los sitios (Ampuero, 1989), aunque también se distinguen singularidades particulares entre valles (Troncoso et al., 2016).

En cuanto al origen de estas comunidades, diversas hipótesis han sido propuestas. En un enfoque inicial, Latcham sugiere que los grupos Diaguita de la zona se vinculan con las comunidades Diaguita de Argentina (Carvajal Lazo, 1990). No obstante, Cornely en 1954 argumenta que la única similitud entre los Diaguitas chilenos y argentinos es el idioma que hablaban, ya que incluso dentro de la región argentina, los grupos diaguitas compartían únicamente la lengua kakán. Iribarren cuestiona este dato y la relación entre los Diaguitas y Chilenos al demostrar que el kakán difícilmente fue hablado por los pueblos de la parte chilena (Ampuero, 1989). En la actualidad, se entiende el origen de los Diaguitas como un proceso enraizado en el desarrollo previo de las comunidades del grupo ánimas (Troncoso et al., 2016). En estudios más recientes, sin embargo, Paola González plantea una posible relación con los grupos Shipibo-Conibo-Cashibo de la Amazonía peruana, basándose en los diseños decorativos presentados en ambas culturas (González, 2016).

Durante el periodo intermedio tardío, la cultura Diaguita se caracterizó por desarrollar sociedades agrícolas y sedentarias. Los sitios diaguitas emergieron en lugares que coinciden con las actuales comunidades agropastoras en el semiárido, con un patrón de asentamiento disperso a lo largo de terrazas fluviales en zonas propicias para el cultivo y con unidades autosuficientes conformadas por un par de grupos familiares. El núcleo principal de asentamiento Diaguita se localizó en el valle de Illapel y la bahía de La Serena. Por otro lado, en el valle del Choapa, los asentamientos se ubicaron en la zona de Huentelauquen y el estero Conchalí, ambos lugares aptos para la vida agrícola y ganadera, con accesos hacia las zonas del interior. (Troncoso et al., 2016).

Las sociedades Diaguitas preincaicas presentan características importantes desde la perspectiva arqueológica. A pesar de estar organizadas en asentamientos familiares y, por lo tanto, ser heterogéneas, cuentan con sectores de uso común, como los cementerios, lo cual indica cierto grado de organización social. Asimismo, se destaca una alta estandarización de la cerámica (Troncoso et al., 2016)

Otro rasgo relevante de estas sociedades es la presencia de arte rupestre en áreas fuera de los valles, especialmente en sectores de paso. Este último aspecto ha sido conceptualizado como un espacio de uso público y se ha observado que están ubicados de

manera que indican direccionalidad de los movimientos de las personas, tal como lo han analizado Troncoso et al., (2020).

Además, se ha identificado una abundante presencia de camélidos en algunos sitios, con un patrón más cercano al aprovisionamiento de materiales -como el textil- más que a la domesticación y pastoreo activos. Esto ha llevado a concebir un sistema de crianceros similar al de las comunidades agrícolas de cabras que habitan actualmente la zona (Cartajena Fasting et al., 2015; López M et al., 2015).

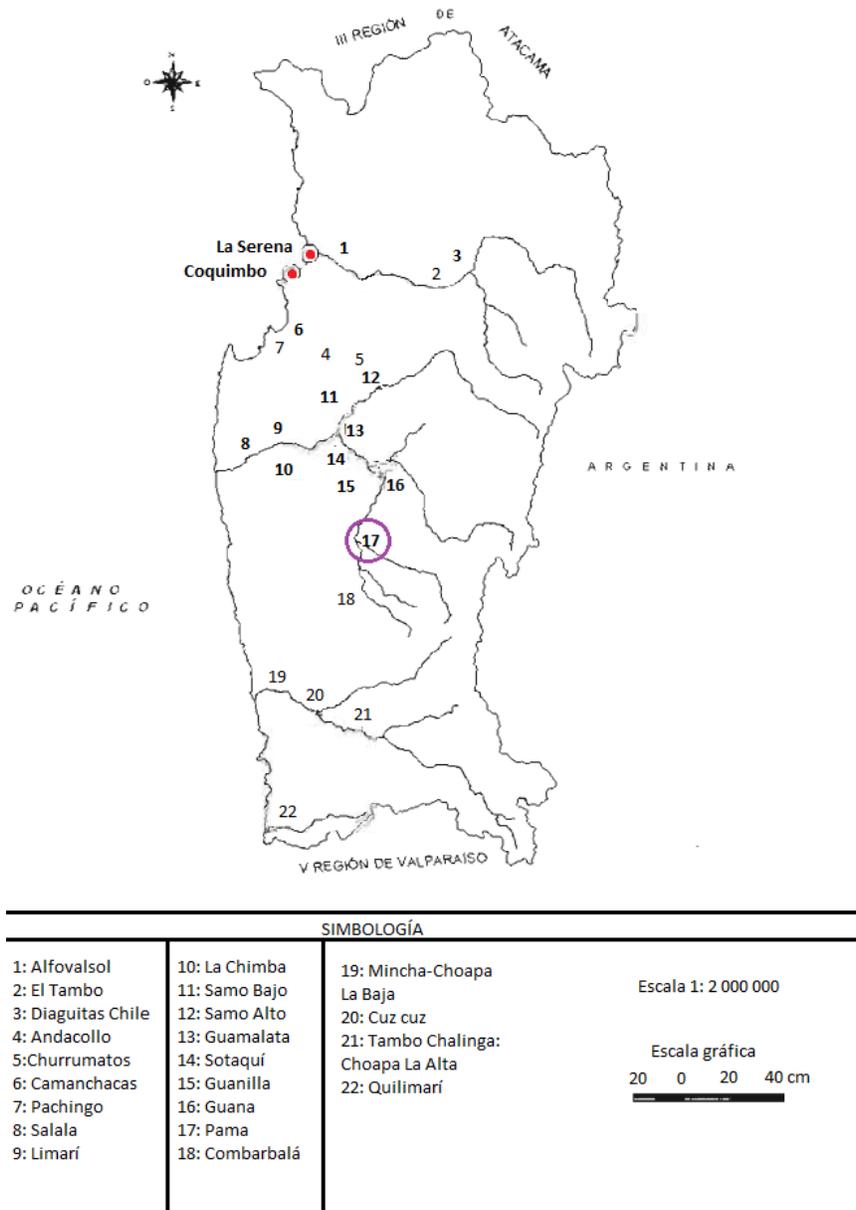
En el periodo tardío, aproximadamente durante el siglo XV, un acontecimiento relevante previo a la invasión española fue la presencia incaica y su anexamiento al Tawantinsuyo, lo que generó una profunda transformación en los patrones culturales locales. Este proceso tuvo un impacto significativo en los sistemas tecnológicos, visuales y hábitos de consumo, tal como se evidencia arqueológicamente a través de la introducción de nuevas formas, diseños y decorados cerámicos. Además, se incorporaron nuevos elementos al paisaje, como tambos y santuarios en altura (Cantarutti Rebolledo & Mera Moreno, 2004; Uribe & Sánchez, 2016).

En cuanto a la hipótesis sobre el ingreso al territorio, Stehberg (1992) ha propuesto una teoría que sugiere que el proyecto incaico se habría expandido desde el este al oeste y de sur a norte. En otras palabras, el movimiento incaico se habría desplazado inicialmente por el lado trasandino, conquistando el Noroeste y Centro-oeste de Argentina, para luego ingresar a Chile y anexionar a los grupos Diaguitas nucleares a su territorio. Para los grupos Diaguitas de Argentina, esta anexión al imperio incaico habría ocurrido en un ambiente relativamente pacífico, sin eventos violentos, y la dominación político-económica del territorio se habría llevado a cabo mediante un contingente de migrantes traídos desde otros territorios (Motti, 2012).

En el caso del territorio chileno, las hipótesis actuales también sugieren un escenario de alianza entre la ocupación incaica y las culturas Diaguitas. Esta idea se sustenta en la falta de evidencias de conflictos o fortalezas defensivas (Pukaras) en el territorio Diaguita. (Troncoso, 2022). Los territorios en donde arqueológicamente se han encontrado los núcleos de conquista inca suelen coincidir con los territorios ocupados por población Diaguita, teniendo un espacio de conexión principal en el Valle del Quilimarí y al valle de Illapel, como un centro de agregación comunitaria (Troncoso, 2022)

Durante el siglo XV, la posterior conquista española resultó en una devastadora aniquilación de las culturas locales de la zona, según se hipotetiza en fuentes etnohistóricas (Acuña et al., 2000; Falabella, Uribe, Sanhueza, Aldunate, & Hidalgo, 2016). Para el año 1558, en la visita realizada por el Oidor Hernando de Santillán, apenas quedaban alrededor de 3.630 personas en 22 pueblos (Figura 3) de los aproximadamente 20.000 individuos que se estima vivían en la región al momento de la llegada de los españoles, según lo señalado por Jorge Hidalgo en su libro "Las culturas Protohistóricas del Norte Chico". Es importante considerar que para entonces, estos pueblos ya habían sufrido castigos y matanzas infligidos por los españoles desde la llegada de Almagro, Joan Bohon, Francisco Villagra y Francisco de Aguirre, en su intento de someter a estas comunidades. (Cortés, 2003).

Figura 3: Pueblos de indios 1536 -1544 (Región de Coquimbo). Fuente: Cortés, 2003.



En el círculo morado se destaca el pueblo de “indios” más cercano al sector del estudio.

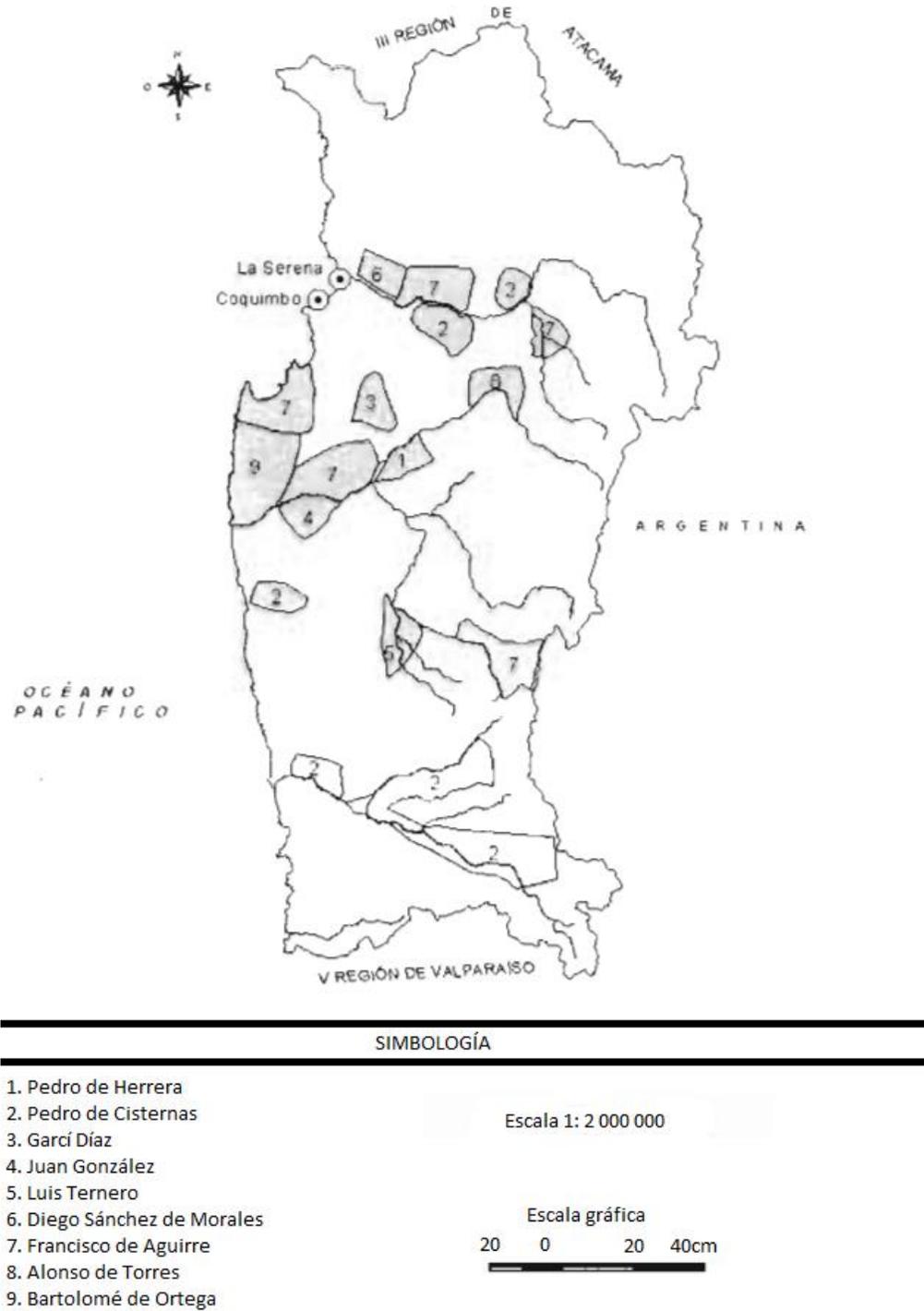
Los valles del Copiapó, Huasco, Elqui, Limarí y Choapa son distribuidos entre los primero 11 y luego 9 primeros conquistadores – encomenderos (Figura 4). Por disposiciones de la entonces legislación sobre mercedes de tierra ningún encomendero era dueño del valle entero ni de las quebradas e interfluvios adyacentes a él, aptas para sembrar trigo o criar ganado, estas tierras tendrán el nombre de estancias y es aquí donde luego se desarrollarán las comunidades agropastoriles de la región (Cortés, 2003).

Durante la época de la colonización, la población indígena encomendada fue destinada como mano de obra en diversos lugares, como los lavaderos de Andacollo o las minas

Brillador, Los Choros y La Higuera, ubicados en el valle del Elqui, así como a las minas de Mincha y Chigualoco en el valle del Choapa, y a las minas de cobre de Tamaya en Limarí.

La sobreexplotación de los indígenas, sumado a las condiciones de malnutrición y enfermedades, provocó un drástico declive en la población local, llegando a un punto crítico durante la crisis de 1580. En el siglo XVII, la situación se agravó, y se comenzó a importar mano de obra indígena desde regiones como Perú, las provincias de San Juan, Cuyo y Mendoza, la región de la frontera Mapuche y la isla de Chiloé, con el fin de cubrir la demanda de mano de obra (Cortés, 2003). Además, es importante mencionar que también se trajeron esclavos africanos desde Portugal, España y diversas regiones de África para satisfacer estas demandas (Mellafe, 1984). Es relevante resaltar que durante el proceso de encomienda en las villas trasandinas, se produjo una migración principalmente de hombres hacia Chile. Esto puede comprobarse mediante fuentes etnográficas que relatan casos de mujeres indígenas en la región de Cuyo, que quedaban solas con sus hijos en los pueblos trasandinos (Motti, 2012).

Figura 4: Mercedes de tierras concedidas 1544, 1549 y 1558 (Región de Coquimbo). Fuente: Cortés, 2003.



Durante el periodo colonial, los predios en la región experimentaron una subdivisión progresiva en pequeñas parcelas de tierra, las cuales comenzaron a ser heredadas o vendidas a medida que la población local aumentaba. A lo largo del Siglo XVII, la economía de la zona se especializó en la minería en las serranías y la agricultura de trigo en las tierras bajas (Carmagnani, 1963; Cortés, 2003). Y hacia finales de siglo, se produjo un notable aumento de la población blanca y mestiza en la región de Coquimbo, la que crecía en proporción inversa a la disminución de la población indígena encomendada, aunque la población indígena en general, tanto encomendada como no encomendada, seguía aumentando (Tabla 1) (Carmagnani, 1963).

Tabla 1: Población indígena encomendada del Norte Chico. 1700-1770. Fuente: Carmagnani, 1963

Regiones	1700	1750	1770
Copiapó	217	192	172
Huasco	768	661	604
Coquimbo	2210	1902	1628
Quillota	2016	1727	1622
TOTAL	5211	4482	4026

En esa época, la región tenía tres grupos de indígenas con diferentes estatus: los encomendados, los de depósito y los libres. Los indios de depósito eran, por definición, una supresión de la esclavitud de los "araucanos", pero esta categoría desapareció a principios del siglo XVIII, y estos indígenas pasaron a ser considerados indios libres. Los indios libres eran antiguos indios de depósito o aquellos que habían huido de la encomienda, y generalmente prestaban servicios en minas, haciendas o casas. En La Serena, para el año 1699, se observó que esta categoría estaba mayormente ocupada por indígenas de la Araucanía o Tucumán, mientras que para el año 1740 procedían de la Araucanía o lugares cercanos. Este proceso de migración indígena contribuyó al aumento de la población indígena, a pesar de la disminución de la encomienda (Carmagnani, 1963).

En las últimas décadas del Siglo XVII, la economía basada en la encomienda se vio afectada por diversas pestes, especialmente una ocurrida en 1687, lo que resultó en una reducción significativa de la cantidad de indígenas encomendados. Para satisfacer la demanda laboral, decidieron trasladar a los nativos de los pueblos a trabajar en haciendas o estancias, rompiendo así el sistema de trabajo anterior que consistía en tres turnos de trabajo para los indígenas encomendados. Este traslado aceleró el proceso de mestizaje en las haciendas. Al mismo tiempo, al quedar libres las tierras de los pueblos indígenas, estas se convirtieron en un objetivo para los mestizos y blancos pobres, quienes comenzaron a ocuparlas (Carmagnani, 1963).

Es importante resaltar que las características censales de la época se llevaban a cabo principalmente en iglesias y estaban sujetas al criterio del párroco, lo que implicaba dificultades para distinguir entre mestizos y "blancos", especialmente debido al alto grado de ilegitimidad. El proceso de mestizaje y el alto grado de ilegitimidad en la región sirvió para acentuar el número de personas marginadas y pobres. (Carmagnani, 1963)

Durante el Siglo XVIII, la región sufrió nueve brotes de viruela, tres de tifoidea, uno de cólera, dos de influenza y tres de disentería. Aunque no se tiene una comprensión clara de qué territorios y poblaciones fueron afectados en mayor medida, la población continuó aumentando no solo debido al crecimiento natural interno, sino también por procesos de inmigración, especialmente hacia las zonas mineras en auge (Carmagnani, 1963).

En la tabla siguiente, se puede observar la cantidad de matrimonios entre inmigrantes y vecinas del distrito de Petrorca. Es notable que la mayor cantidad corresponde a aquellos efectuados entre "arribanos" (inmigrantes) y mujeres locales, lo que indica que la mayor parte del contingente migratorio estaba compuesto por hombres, aunque también hubo una menor migración de mujeres (Tabla 2). Los inmigrantes procedían principalmente de la zona central del país, de lugares como Santiago, Maule, Chillán y Concepción. Además, también se registró una migración externa de españoles, franceses, italianos e irlandeses (Carmagnani, 1963).

Tabla 2: Migración vista a través de matrimonios entre 1771-1800 en el distrito de Petrorca. Fuente: Carmagnani, 1963

Años	Vecinos	Arribanos	Vecina-Arribano	TOTAL
1771-1775	25	13	49	87
1776-1780	44	12	59	115
1781-1785	33	28	95	156
1786-1790	45	32	72	149
1791-1795	53	37	101	191
1796-1800	69	40	109	218

En el caso de los afrodescendientes, si bien la esclavitud fue un proceso evidente durante toda la época colonial, fue en las últimas décadas del siglo XVIII que dicho proceso se acentuó debido a la creciente demanda de mano de obra en la región. En 1778, el curato con mayor población afrodescendiente era el de Limarí, con un 54,8% de mulatos dentro de la población total del curato. Esta tendencia se mantuvo en 1813, siendo el distrito de Barraza el que registró un 40% de población de origen africano, de los cuales la mayoría eran personas libres para esa fecha. Los esclavos, por su parte, se ubicaban principalmente en ámbitos domésticos o urbanos; en la región de Coquimbo, se concentraban en la ciudad de La Serena. En contraste, los afrodescendientes libres desempeñaban diversas ocupaciones y profesiones, tales como criados, inquilinos, peones de minas, artesanos, pequeños propietarios, arrieros, entre otros, y se encontraban principalmente en los sectores rurales (Arre Marfull, 2011).

En cuanto a la trata de esclavos, estos eran principalmente trasladados desde el Río de la Plata, Buenos Aires, hasta el Reino de Chile, observándose en la región de Coquimbo una leve predominancia del contingente femenino en estas ventas (Tabla 3). No obstante, en las actas de defunciones se aprecia un patrón opuesto, con un mayor número de hombres esclavos fallecidos que mujeres. Al respecto, es importante destacar que las esclavas obtenían con más frecuencia su libertad, probablemente debido a que estaban mayormente vinculadas a las casas y rara vez cambiaban de lugar de trabajo una vez que alcanzaban

la libertad. Por otro lado, los hombres esclavos desempeñaban labores de campo, minería o trabajos pastoriles, manteniendo menor contacto con sus amos. Además, es muy probable que la liberación de las esclavas haya contribuido significativamente a la numerosa población de afrodescendientes libres en provincias como Limarí, dado que la condición de esclavo o libre era transmitida a través de la madre (Arre Marfull, 2011)

Tabla 3: Ventas de esclavos en Coquimbo por sexo y casta 1702-1820. Fuente: (Arre Marfull, 2011)

Periodo	Negros	Negras	Mulatos	Mulatas	Total	Porcentaje
1702-1761	10	6	5	9	30	38,5%
1762-1820	0	0	21	27	48	61,5%
Total	10	6	26	36	78	100%
Porcentaje	12,8%	7,8%	33,3%	46,1%	100%	

Debido a todos estos procesos la población local se compone de una herencia mestiza con un componente indígena local, un componente indígena encomendero, un componente español y un componente africano caracterizado como menor (Acuña et al., 2000; Mellafe, 1984).

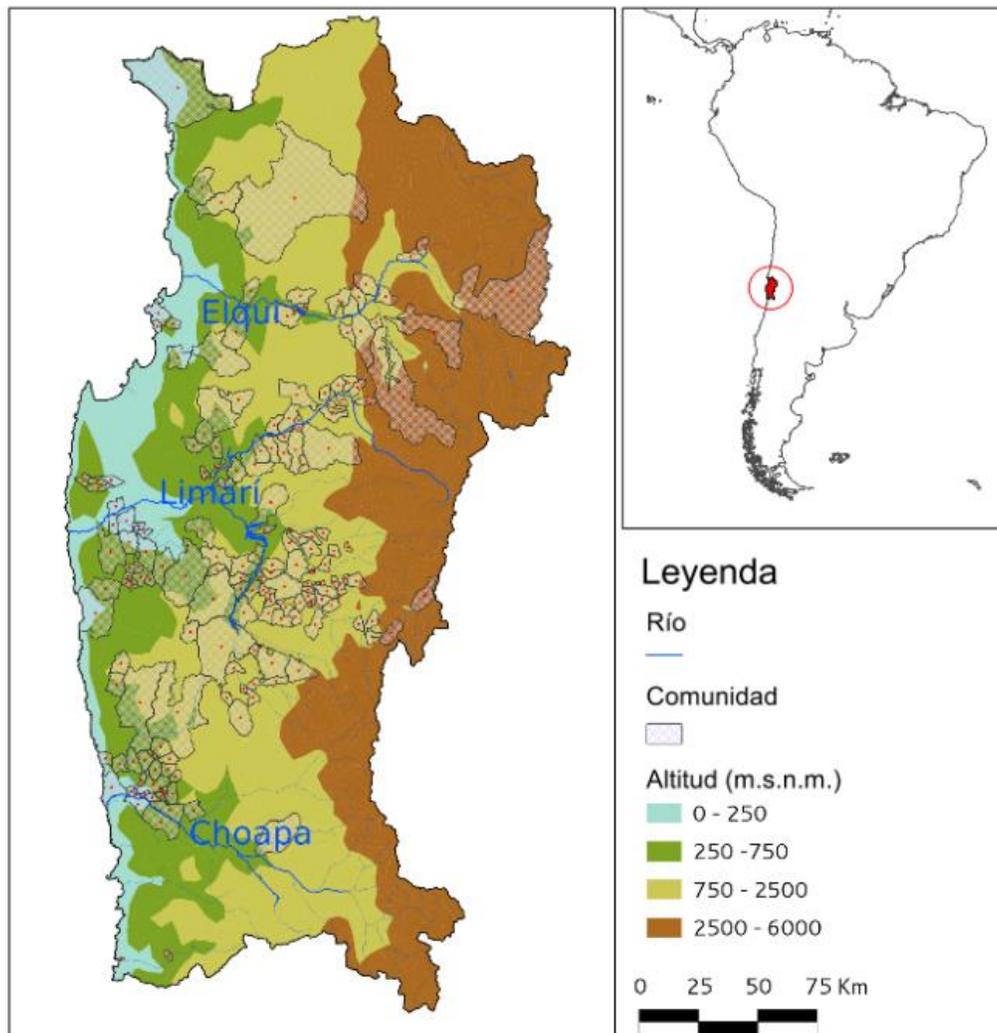
En el siglo XIX, gran parte de los indígenas y afrodescendientes prácticamente "desaparecieron" de los registros, siendo reemplazados en el lenguaje por una nueva categoría mestiza que incluía a campesinos, obreros, artesanos, peones, entre otros, en un esfuerzo republicano por fomentar un sentimiento de "chilenidad" y un compromiso patriótico durante los conflictos bélicos que se desarrollaron a lo largo de ese siglo (Ovalle Letelier, 2020).

Finalmente, a pesar de la extensa matanza e invisibilización de los indígenas locales, que fueron tempranamente considerados como mestizos, han surgido movimientos recientes que buscan reivindicar la cultura originaria Diaguita en el territorio de la región de Coquimbo, tanto en áreas rurales como urbanas. Esto ha llevado al reconocimiento estatal de esta cultura en el año 2006 (Sabio Collado, 2009). Asimismo, investigaciones actuales han vinculado algunas de las tradiciones locales con una herencia Diaguita. Un ejemplo de ello son los bailes chinos practicados por las comunidades agropastoriles en la cuarta región, cuyos movimientos, patrones de baile y tecnología sonora se asemejan a los representados en el arte y materialidad arqueológica Diaguita (Gili et al., 2023). Estos hallazgos evidencian una herencia cultural de larga data, y un vínculo entre las personas que habitan el territorio en la actualidad y los grupos indígenas locales que existieron en épocas pre-españolas.

6. Las comunidades agropastoriles del Norte Semiárido de Chile

Las comunidades agropastoriles son definidas legalmente como una agrupación de propietarios de un terreno rural común (Ley 19.233, 1968), estos grupos se han dedicado a la transhumancia de cabras y ovejas, y a la producción agrícola de baja escala. La mayor parte de estas comunidades se encuentran en la región de Coquimbo (187) y unas pocas en la región de Atacama (2), de Valparaíso (7) y Metropolitana (1) (Figura 5) (Ministerio de Bienes nacionales, 2020)

Figura 5: Mapa de las comunidades agrícolas de la región de Coquimbo. Fuente: (Montalva, 2014)



Estas comunidades se caracterizan por poseer un sistema de propiedad colectiva de las tierras que es clasificada por Gallardo Fernández (2002) como un sistema semi comunitario de la administración de la tierra, al presentar una mezcla de derechos colectivos e individuales sobre esta. Se encuentran generalmente ubicadas en territorios con baja productividad agrícola las que sufren deteriorización de la tierra debido a sequías

recurrentes. Es en este sentido que se presenta al pastoralismo de estas poblaciones como una estrategia de subsistencia que responde a la escasez de recursos y a las condiciones climáticas propias de esta región (Gallardo Fernández, 2002). En general estas comunidades se caracterizan por ser demográficamente pequeñas, con una baja tasa de inmigración y relativamente aisladas geográficamente (Bienes nacionales, 2020; Hamelin, 2003).

Origen de las comunidades agropastoras y la tenencia comunal de tierras.

Si bien el origen de las comunidades agropastoras y sus tradiciones no es claro, se remonta a la entrega de las Mercedes de tierra a españoles de alto rango en el siglo XVIII durante la época colonial, constituyéndose comunidades mestizas de aborígenes prehispánicos y españoles, e ingresando de esta forma la idea de la propiedad privada (Cortes, 2003; Gallardo Fernández, 2002).

La transformación gradual de estancias a comunidades agrícolas tiene varias posibles hipótesis resumidas por Gallardo Fernández (2002), basadas a partir del deterioro de la tierra debido a su uso intenso como fuente de comida y combustible para las personas trabajando en las minas, así como también en la deteriorización de la hacienda como institución económica colonial a partir del siglo XVIII. En primer lugar, Castro y Bahamondes (1986) señalan que el origen se da gracias al deterioro de las tierras y abandono de los mercederos de estas dejándolas a cargo de los inquilinos. Por otra parte, Santander (1993) sugiere un origen colonial basado en un sistema previo prehispánico de las comunidades locales. Finalmente, la misma Gallardo Fernández (2002) propone que la tenencia comunal y la multigenitura indivisible de herencia de las tierras se dieron a causa de las condiciones climáticas adversas y la escasez de trabajadores.

Pese a la existencia de las comunidades desde tiempos coloniales y los procesos de reconocimiento de tierra incentivados por los mismos campesinos, el primer reconocimiento de carácter institucional de estas comunidades ocurre en 1962 en la reforma agraria del presidente Jorge Alessandri R. Posteriormente, en el gobierno del presidente Eduardo Frei Montalva se publica la Ley de Comunidades Agrícolas - o Decreto fuerza de Ley N°5 de 1968- dándose gran parte de la expropiación de terrenos durante este período y el posterior del gobierno del presidente Salvador Allende (Alexander, 2008).

En dictadura, se consagra al agua como un bien liberal en 1981 y se separa la tierra mediante una nueva ley de comunidades agrícolas que establece dos goces distintos: inscritos y no inscritos. Esto desencadenó conflictos relacionados con la individualización y parcelación de predios comunales, así como disputas en torno a la ocupación de recursos hídricos (Alexander, 2008).

Con la instauración de la democracia, se creó un marco jurídico específico para estas comunidades, modificando el decreto de 1968 en 1993. No obstante, estos reglamentos son interpretados e implementados de manera diversa en cada una de las comunidades. A pesar de los nuevos aspectos jurídicos, la región sigue enfrentando una constante escasez de agua que aún no ha sido resuelta (Sánchez Dinamarca, 2018).

En la actualidad, los sectores rurales de la región de Coquimbo experimentan una baja tasa de inmigración y una elevada tasa de emigración hacia las zonas urbanas (Hamelin, 2003). Además, muchas de las comunidades prohíben el acceso de personas ajenas a ellas a la tenencia o dominio de las tierras (Sanchez Dinamarca, 2018).

Subsistencia

Las comunidades agropastoriles ocupan los espacios del interior de los valles transversales, asentándose en sectores de menor productividad agrícola en la región y altamente afectados por los procesos de desertificación y erosión. Según Alexander, (2008), estas comunidades sólo disponen de un 7% de la tierra arable, de la cuál únicamente un 1,6% se encuentra bajo riego.

La aridez y desertificación de la zona se atribuyen a la falta de recursos hídricos, así como a la erosión natural de los suelos, que ha sido intensificada por acciones humanas como la actividad minera, la deforestación, las prácticas agrícolas y el exceso de pastoreo (Castro & Bahamondes, 1986; Peralta, 1978). Estas condiciones áridas revisten importancia en la conformación de las comunidades, considerando las hipótesis de origen ya mencionadas anteriormente. El factor climático-ambiental ha favorecido el sistema de subsistencia de estas comunidades, y esto se ve reforzado por un sistema social que promueve su forma de vida, como lo son la tenencia privada y comunal de la tierra (Gallardo Fernández, 2002), la emigración frecuente necesaria para mantener el tamaño reducido de las comunidades, acorde a las condiciones ambientales (Alexander, 2008). Así mismo son comunidades que se caracterizan por un sistema político social acorde sus formas de subsistencia, esto se materializa en formas de asistencia mutua, redistribución de excedentes, estructuras de toma de decisiones, estrategias domésticas en conjunto con producción, pastoralismo e integración del mercado y trabajo agrícola (Alexander, 2008).

La actividad agrícola que presentan las comunidades cumple un doble propósito de autoconsumo y la producción de especies para el intercambio económico. Para lograrlo, utilizan tres formas de uso del espacio de tierra relacionadas con la producción (Alexander, 2008; Castro & Bahamondes, 1986):

En primer lugar, se encuentra el trabajo en "hijuelas", que son pequeñas superficies de tierra arable de entre 0,5 a 7 hectáreas, dotadas de sistemas de riego, destinadas a la horticultura. El acceso a estas áreas suele ser heredado, aunque en algunas comunidades se permite la compra entre sus miembros (Castro & Bahamondes, 1986).

Otra forma es el cultivo del seco, el que consiste en una tierra de uso temporal dependiente de las lluvias. En general se ocupa para la producción de cereales y son tierras de tenencia colectivas para el usufructo privado (Castro & Bahamondes, 1986). El uso individual de estas tierras es decidido en un asamblea de comuneros (Alexander, 2008).

Finalmente, destaca el pastoreo en campos colectivos, que abarcan alrededor del 80 al 90% de las tierras de las comunidades, convirtiéndose así en una de las estrategias productivas más significativas para ellas. El pastoreo, especialmente de ganado caprino, está orientado principalmente a la producción de quesos en lugar de carne o cuero. No obstante, debido a diversos factores como la construcción de caminos, cercamiento de tierras y venta de terrenos, entre otros (Hevilla & Molina, 2010) los espacios colectivos han

En estas comunidades, se emplea tradicionalmente el uso de espacios comunitarios para el pastoreo, específicamente desde marzo hasta las primeras nieves. Sin embargo, durante los meses de junio y julio, se busca una "segunda primavera" en la alta cordillera argentina (Ciadella & Dubroeuq, 2003) o en septiembre y octubre en las "veranadas" (Hevilla & Molina, 2010). Estos desplazamientos estacionales tienen el propósito de proveer alimento a las cabras en las pasturas de alta montaña generadas en las zonas de deshielo (Figura 6).

El estudio de Ximena Aranda en el año 1971, establece que los movimientos de ganado tienen menor amplitud en los valles del Huasco y el Elqui, donde se llevan a cabo dentro de las comunas interiores y la parte chilena de la cordillera. Por otro lado, en el valle del Limarí, se observa una estructura interna de masa ganadera diferente, con traslados de cortas distancias para ovinos y de largas distancias para caprinos. Estos desplazamientos de animales incluyen zonas costeras y áreas de la cordillera de San Juan. Para las comunidades de Monte Patria, Combarbalá y Punitaqui más del 70% de la masa de caprinos transhuman principalmente a las localidades de Tulahuén, Las Tórtolas y Cogoti.

Aunque en menor intensidad que en el pasado, las prácticas trashumantes aún se mantienen vigentes. Los crianceros o cabreros chilenos que realizan actualmente estos desplazamientos hacia el otro lado de la cordillera suelen ser pastores o propietarios caprinos que se desplazan en grupo. En esta labor, tradicionalmente participan niños, mujeres y hombres de la comunidad, habitando viviendas temporales llamadas "pircas", cuya función principal es el resguardo y la elaboración de queso, principalmente a cargo de mujeres y niños. Mientras tanto, otros miembros de la familia buscan los mejores pastajes, generando pequeñas movilidades complementarias al ascenso y descenso de la cordillera (Hevilla & Molina, 2010).

Es importante destacar que estos viajes no solo tienen el propósito de aprovisionamiento de pastajes, sino también implican la instauración de redes de socialización y la generación de intermediarios para la venta de quesos, involucrando estos trayectos con redes comerciales, actitudes individuales y procesos sociales más amplios. Sin embargo, es relevante mencionar que los movimientos de ganado a través de la cordillera fueron penalizados por ley hasta el año 2013 debido al peligro de propagación de pestes, aunque estas legislaciones no detuvieron el pastoreo en zonas trasandinas (Hevilla & Molina, 2010)

De manera similar, las poblaciones argentinas de Calingasta y San Juan realizan arrees hacia los sectores de pastajes, principalmente de caballos, vacas y ovejas, a partir de octubre. Estas prácticas también involucran a la familia, pero con movilidades de distancias más cortas y con la principal producción de lana para vender en Chile, Mendoza y áreas cercanas. Cabe señalar que estas prácticas fueron intervenidas en 1970 con la expropiación de fundos por razones de seguridad del estado (Hevilla & Molina, 2010).

En resumen, las dinámicas de pastoralismo en ambos lados de la cordillera van creando escenarios que se entrelazan y relacionan cultural, social y económicamente las regiones chilenas de los valles con la cordillera, los límites internacionales y las poblaciones de Calingasta.

Estructura y genética de las poblaciones agropastoriles de la región de Coquimbo

Estudios previos a las poblaciones agropastoriles de esta región han demostrado que estas tienen una ancestría mixta, con un componente americano y europeo en proporciones similares (Acuña et al., 2000; Montalva Rivera, 2014). El componente africano si bien aparece dentro de los análisis bayesianos de Montalva Rivera (2014) se encuentra en menor medida y desaparece al aumentar las iteraciones.

En cuanto a la estructura de la población se sabe que presentan una alta consanguineidad tanto a partir de estudios de isonimia (Barrai et al., 2012) como genéticos (Montalva Rivera, 2014). Si bien estudios previos enuncian una posible estructuración geográfica (Montalva Rivera, 2014), esta se vio desmentida por un estudio posterior de genética de poblaciones bajo el método Monmonier, que sin embargo reveló la presencia de barreras crípticas norte-sur entre los valles de Elqui-Limarí y Limarí- Choapa, quedando de esta manera el valle del Limarí genéticamente un poco más aislado que los otros. Así también este mismo estudio reveló una mayor similitud genética entre las poblaciones de la costa que con el interior (Guerra Spencer, 2019).

Finalmente, estos grupos han sido estudiados por su adaptación reciente a la lactosa - persistencia de la lactasa-, siendo un caso interesante de introgresión genética del alelo 13910 *T de origen europeo (Montalva et al., 2019; Montalva Rivera, 2014)

En conclusión, existen cinco aspectos que son claves a la hora de estudiar la estructura genética de estos grupos: El bajo tamaño demográfico, el aislamiento, la consanguineidad, la trashumancia y por lo tanto alta movilidad de estos grupos, la baja inmigración y alta emigración.

Planteamiento del problema

Los estudios de ADN mitocondrial han jugado un rol importante en la comprensión del origen biológico y microevolución de las poblaciones actuales, permitiendo estudiar el origen de las poblaciones ancestrales y reconocer las características de los procesos de conformación de la población mestiza (Moraga, Pezo, & de Saint Pierre, 2017).

La siguiente investigación se centra en el análisis de la región hipervariable del ADNmt de los pobladores de las comunidades agropastoriles del Norte semiárido de Chile, particularmente en la cuarta región de Coquimbo, con el fin de estudiar los orígenes de esta población, concretamente a la población femenina que dio origen a estas comunidades. De esta manera, la interrogativa que guiará el proceso investigativo es cuál es el origen genético de la población de las comunidades agropastoriles del Norte Semiárido de Chile.

Teniendo en consideración el vacío investigativo que tiene esta área geográfica - sopesando además su larga data de ocupación amerindia - así como a la población estudiada que en investigaciones anteriores, mediante marcadores nucleares, se ha caracterizado como grupos de ancestría mixta (Acuña et al., 2000; Montalva et al., 2019), se intentará dar respuesta a dos inquietudes que surgen a partir de la caracterización de linajes mitocondriales de poblaciones similares: (1) Si estas poblaciones tienen origen genético en población nativa de la zona, y por lo tanto, presentarán haplotipos no documentados; (2) y cuál es la relación filogenética de los grupos agropastoriles de la región de Coquimbo con respecto al resto de las poblaciones chilenas y las poblaciones del Noroeste de Argentina.

Hipótesis

El origen genético mitocondrial de las poblaciones agropastoras de la región de Coquimbo se encuentra en poblaciones nativas de la zona.

Objetivos

Objetivo general:

Explorar las relaciones filogeográficas de las poblaciones agropastoriles de la región de Coquimbo mediante el ADNmt.

Objetivos específicos:

Realizar la amplificación por PCR y secuenciación de las regiones hipervariables del ADNmt de la muestra de las poblaciones agropastoriles de la región de Coquimbo.

Describir los haplogrupos mitocondriales de las poblaciones agropastoriles de la región de Coquimbo.

Comparar las frecuencias de haplogrupos mitocondriales con otras poblaciones dentro del territorio chileno y argentino.

Examinar la relación genética de las poblaciones agropastoriles de Coquimbo en relación con otras poblaciones chilenas.

Examinar la relación genética de las poblaciones agropastoriles de Coquimbo en relación con poblaciones del Noroeste argentino.

Metodología

1. Muestra

La muestra fue recolectada en el contexto del proyecto Fondecyt N° 11160402 "*Cultural phylogenetics and coevolution of wealth inheritance and land tenure norms in agropastoralist communities*" teniendo como población a las Comunidades agropastoriles de la región de Coquimbo y realizando un muestreo no probabilístico basado en criterios de representación de la diversidad - el coeficiente Gini, sesgo agnaticio y diversidad de apellidos - y la accesibilidad descritos en el apartado 5.2 de Sanchez (2018). El muestreo valida su representatividad a partir del estudio realizado por Flores-Alvarado (2018) en el cual se evalúa el efecto del muestreo por conveniencia.

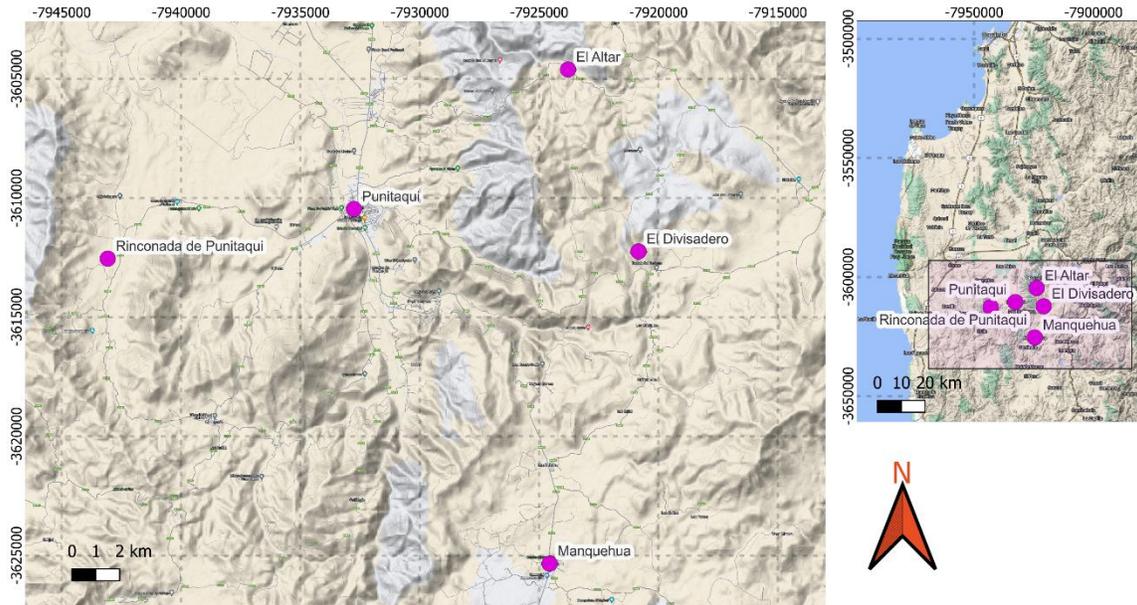
La muestra final se compone de 111 muestras de 5 comunidades de la región de Coquimbo (

Tabla 4). Estas corresponden a individuos femeninos y masculinos voluntarios, mayores de 18 años, con consentimiento informado aprobado por el Comité de Ética de la Universidad de Tarapacá. Para la recolección se realizó un frotis de 10 hisopos de algodón en el lado interno de su boca por participante, los cuales fueron almacenados en tubos cónicos de 15 ml que contenían 2.5 ml de Salgboombuffer. Cada tubo fue marcado con un código distintivo para cada participante, sellado con parafilm y almacenado en una bolsa térmica aislada para evitar la precipitación de SDS fuera de la solución a bajas temperaturas (Montalva Rivera, 2014). La extracción del ADN se llevó a cabo mediante el protocolo de Quinque et al (2006) en el laboratorio de Nicolás Montalva el año 2018.

Tabla 4: Muestras por comunidad

Comunidad	N
El divisadero	7
El altar	12
Manquehua	22
Punitaqui	57
Rinconada Punitaqui	13
TOTAL	111

Figura 7: Mapa de las comunidades muestreadas



Debido a la calidad de las muestras no fue posible utilizar la totalidad de ellas en el análisis final. Esto se debió a diversas limitaciones, como la falta de amplificación, secuenciaciones confusas o incompletas (Anexo 1). Por ello se tomó la decisión de excluir las muestras que no amplificaron o que contenían secuenciaciones confusas de cualquier análisis.

No obstante, las muestras con secuenciaciones incompletas se utilizaron únicamente en los análisis de frecuencias de haplogrupos, siempre y cuando la cantidad de lecturas fuera suficiente para inferir un haplogrupo. Para los alineamientos y análisis estadísticos, únicamente se emplearon las muestras completas con el fin de garantizar la fiabilidad y precisión de los resultados. (Tabla 5)

Tabla 5: Muestras utilizadas por comunidad

Comunidad	Secuencias incompletas	Secuencias completas
El divisadero	3	4
El altar	6	6
Manquehua	1	15
Punitaqui	9	32
Rinconada de Punitaqui	0	11
TOTAL	20	67

2. Métodos

Amplificación y secuenciación

Se realizó la amplificación de la Región hipervariable del ADN mitocondrial para un total de 1026 bp. comprendidas entre las posiciones 16032–16544 (HV1) y 51-555 (HV2-HV3) para todas las muestras. Las condiciones de amplificación son descritas por Moraga et al. (2000) y son resumidas por las tablas 6, 7 y 8. Para la amplificación se utilizaron los primers F: M1 y R: M14, ambos descritos también en Moraga et al. (2000). Para la visualización de las amplificaciones se realizaron electroforesis en gel de agarosa 1,5%.

Para la secuenciación del PCR se recurrió a los servicios de secuenciación automática disponibles (Macrogen Inc, en las sedes de Corea del Sur y Chile), dónde se utilizaron los partidores M1 y B597R (Tabla 9 para más detalle). Dada la dificultad de secuenciar la región HV1 para individuos de haplotipo B2 se realizó una segunda amplificación con el partidor M3R. Para HV2 se complementó la secuenciación con el partidor mm5 cuando fue necesario.

Tabla 6: Compuesto PCR para un volumen final de 25 μ l

Compuesto	μ l
Buffer 5x	5
dNTPs	2
MgCl ₂	1,5
Part. F: M1	1,25
Part. R: M14	1,25
Taq.	0,2
H ₂ O dd	12,8
DNA	1
Vol. Final	25

Tabla 7: Condiciones para la amplificación de PCR para un volumen final de 25 μ l

PCR	Ciclos	°C	Tiempo
Inicio	1	94	5:00
Desnaturalización	35	94	0:30
Alineamiento	35	60	1:00
Elongación	35	72	1:00
Elongación final	1	72	7:00

Tabla 8: Partidores utilizados para la amplificación de linajes mitocondriales

Linaje Mitocondrial	Marcador	Partidores	Posición partidor 5' a 3'	C°
D-loop	Secuencias	M1 (F) M14 (R)	CACCATTAGCACCCAAAGCT AGGGTGAACCTCACTGGAACG	60°

Tabla 9: Partidores utilizados para la secuenciación de linajes mitocondriales

Partidores	Posición Partidor (5' a 3')	Referencia partidor
M1	CACCATTAGCACCCAAAGCT	Moraga et al., (2000)
B597R	GAGGAGGTAAGCTACATAAACT	Moraga et al., (2000)
M3 (R)	GTGGTTAATAGGGTGATAGAC	Moraga et al., (2000)
MM5	CCCCTCCCCATGCTTACAA	Gallimany, 2015.

Revisión de cromatogramas y alineamiento de secuencias

Para la revisión de los cromatogramas se utilizó el programa Sequencher 5.4.6 ([Http://www.genecodes.com](http://www.genecodes.com)) usando la secuencia de referencia de Cambridge (Anderson et al., 1981) para describir los polimorfismos detectados. A partir del resultado de esta descripción y a partir de las bases de MitoTool (<http://www.mitotool.org>) y Phylotree (<http://www.phylotree.org/>, van Oven & Kayser, 2009) se determinaron haplogrupos mitocondriales para cada uno de los individuos.

Para el alineamiento final de las secuencias se utilizó una parte (n =67) de la muestra inicial (n=111) en base a criterios de calidad de las secuencias, se utilizó el programa Mega X v. 10.1 (Kumar, Stecher, Li, Knyaz, & Tamura, 2018).

Análisis estadístico y análisis de datos

Se realizó el cálculo de las frecuencias de haplogrupos tanto para la muestra analizada en el presente estudio, con un total de 87 individuos (Tabla 5), como para aquellas de interés en la investigación, representadas por 1221 muestras (Tabla 10). Este cálculo se realizó mediante el conteo directo de los polimorfismos descritos en el trabajo. Los datos obtenidos fueron graficados utilizando el software R versión 4.1.2, facilitando la visualización y el análisis de los resultados.

Para el resto de los análisis estadísticos se utilizaron únicamente las muestras completas, representadas por 67 individuos.

Se empleó del software Arlequín 3.5 (Excoffier & Lischer, 2010) para cálculos de índices de diversidad molecular (Tabla 11), test de neutralidad y el AMOVA. Los índices de diversidad molecular se realizaron para caracterizar las poblaciones en estudio, test de neutralidad para evaluar posibles eventos de cuello de botella o expansión, mientras que el AMOVA para evaluar la cercanía de una agrupación poblacional con otra.

Tabla 10: Muestras de poblaciones para comparar.

Grupos	N	Ref.
Aimara	39	De Saint Pierre et al., 2012
Iquique	73	Gómez-Carballa et al., 2016
Antofagasta	87	De Saint Pierre et al., 2020
Calama- Chuquicamata	63	De Saint Pierre et al., 2020
Atacameño	28	De Saint Pierre et al., 2012
Valparaíso/Viña de mar	26	Gómez- Carballa et al.,2016
Santiago	188	Gómez- Carballa et al.,2016
Concepción	112	Gómez- Carballa et al.2016
Temuco	90	Gómez- Carballa et al.,2016
Mapuche	19	De Saint Pierre et al., 2012
Pehuenche	42	De Saint Pierre et al., 2012
Huilliche	61	De Saint Pierre et al., 2012
San Juan	99	Motti, 2012
Calingasta	65	Motti, 2012.
Mendoza	55	Motti, 2012
Villa Tulumaya	63	Motti ,2012
Jujuy	34	Motti, 2012
Diaguíta argentino	24	Gómez-Carballa et al.,2018
Kolla argentino	41	Gómez-Carballa et al.,2018
Shipibo-Conibo-Cashibo	12	Sandoval et al., 2023
TOTAL	1221	

Tabla 11: Índices de diversidad molecular utilizados.

Símbolo	Índice de diversidad molecular
N	Nº de muestra
H	Nº de haplotipos
Hd	Diversidad genética o haplotípica
K	Nº promedio de diferencias entre 2 pares de secuencias
π	Diversidad nucleotídica

Utilizando el mismo programa se calcularon matrices de distancias genéticas (F_{ST}), esto con el fin de indagar en la estructura genética poblacional y evaluar las posibles relaciones genéticas con poblaciones aledañas. Para ello se elaboraron en base a las secuencias parciales del D-loop de la muestra secuenciada para el presente trabajo, en adelante

“Comunidades de Coquimbo”, y a otras poblaciones chilenas publicadas como “Chilena” (de Saint Pierre et al, 2012; Gómez-Carballa et al 2016; de Saint Pierre et al., 2020), del “Noroeste de Argentina” (Motti et al., 2013), dos poblaciones indígenas de Argentina (Gómez-Carballa et al., 2018) y una muestra del grupo lingüístico amazónico Shipibo-Conibo-Cashibo (Sandoval et al., 2023). Las agrupaciones para los datos de las Comunidades de Coquimbo se hicieron en base a la comunidad de origen (Tabla 1), utilizando el software DNAsp v.6.12.03 (Rozas et al., 2017) para esta agrupación y la posterior exportación a MEGA X. A partir de esta matriz de distancia se evaluó si las poblaciones presentan diferencias significativas entre sí y se creó un dendrograma por NJ (Kumar et al., 2018), para lo cual se hizo uso del software MEGA X v. 10.1. En base a la misma matriz F_{ST} se realizó un análisis de componentes principales con el paquete factoextra del software R versión 4.1.2.

Finalmente, para la creación de redes de haplotipos se hizo uso del software Network (Leigh et al., 2015) Para ello se eliminaron los sitios 16519 y 152 de los análisis por ser altamente homoplásicos en la mayoría de los casos (Soares et al., 2009). Se utilizó el algoritmo de Median-Joining (Bandelt et al.,1999). Se editaron los sitios mutacionales para hacerlos correspondientes.

Resultados

1. Frecuencia de linajes mitocondriales

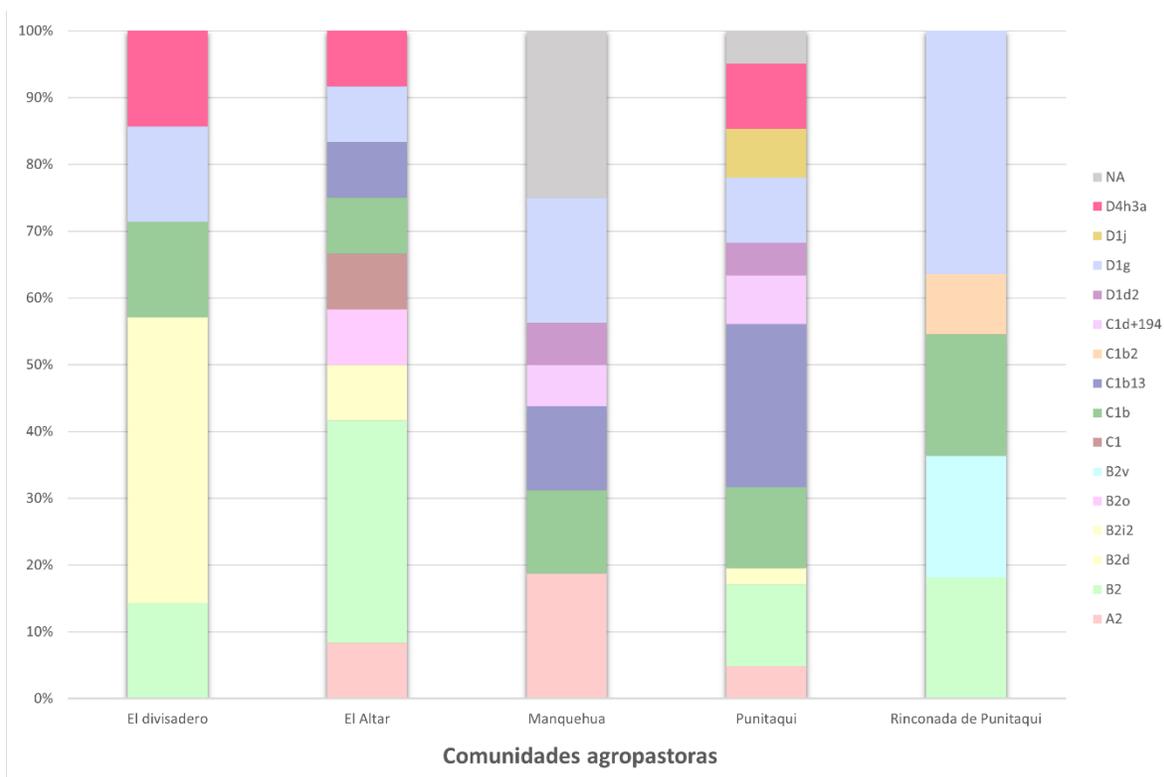
Para el total de muestras analizadas (n=87) las frecuencias haplotípicas se muestran a continuación:

Tabla 12: Frecuencias de haplogrupos mitocondriales para las comunidades agropastoriles.

Haplogrupo	Frecuencia	Porcentaje
A2	6	6,90%
B2	12	13,79%
B2d	1	1,15%
B2i2	3	4,60%
B2o	1	1,15%
B2v	2	2,30%
C1	1	1,15%
C1b	11	12,64%
C1b13	13	14,94%
C1b2	1	1,15%
C1d+194	4	4,60%
D1d2	3	3,45%
D1g	13	14,94%
D1j	3	3,45%
D4h3a	6	6,90%
NA	6	6,90%
TOTAL	87	

A continuación se muestran las frecuencias haplotípicas separadas en cada una de las comunidades (Gráfico 1). El detalle de los porcentajes en cada comunidad se encuentra en el Anexo 3.

Gráfico 1. Sublinajes amerindios de las comunidades agropastoriles de Coquimbo



Linajes amerindios

Las frecuencias de los linajes mitocondriales para las comunidades agrícolas de la región de Coquimbo dan cuenta de un predominio de haplogrupos mitocondriales amerindios (A2, B2, C1, C4, D1 y D4h3a), con una representación del 93,1% (Tabla 12).

El linaje A2 tuvo una frecuencia cercana al 6,9% en el muestreo total realizado. Este se encontró únicamente en las comunidades de El Altar – donde se presenta en el 8% de su muestreo -, Manquehua – dónde se presenta en un 25% - y Punitaqui – con un 5% dentro de su muestreo.

El macrohaplogrupo B2 tuvo una frecuencia de 22,99% con 4 sublinajes diferentes. De sus sublinajes el más extendido es B2 con 13,79% de representación, le sigue el sublinaje B2i2 con un 4,6% de representación. Este se encuentra presente en todas las comunidades con excepción de Manquehua. Para la comunidad de El Divisadero es dónde se encuentra la mayor frecuencia con un 57% de las muestras, perteneciendo el 14% al linaje B2 y 43% al linaje B2i2. Continuando en orden de frecuencia la comunidad de El Altar presenta un 41% dentro de las muestras con un 33% perteneciente al linaje B2, un 8% al linaje B2i2 y un 8% al linaje B2o. El sublinaje B2i2 se encuentra presente únicamente en estas dos comunidades. En la comunidad de Punitaqui se encuentra un 12% de representación de B2 y un 2% de B2d. De la misma manera, en la comunidad Rinconada de Punitaqui se encuentra un 18% de sublinaje B2 y un 18% del sublinaje B2v.

El macrohaplogrupo C1 presenta una frecuencia de 34,48% siendo la frecuencia más alta. - Los subhaplogrupos C1b y C1b13 son los más frecuentes con una representación del

12,64% y 14,94% respectivamente. C1b se encuentra en todas las comunidades con porcentajes que varían desde el 8% en la comunidad El Altar, 12% en las comunidades Punitaqui y Manquehua, un 14 % en la comunidad El Divisadero y un 18% en la comunidad de Rinconada de Punitaqui.

El macrohaplogrupo D1 tiene la presencia de linajes derivados más diversa con 10 sublinajes diferentes (Anexo 2) pero una frecuencia menor a la reportada para los linajes B2 y C1 con un 21,84% de representación. Se destacan 3 sublinajes: D1d2 y D1j con un 3,45% de representación, D1g siendo el más extendido con un 14,94% de prevalencia. D1d2 se encuentra únicamente en las comunidades de Manquehua y Punitaqui, mientras que D1j se encuentra exclusivamente en la comunidad de Punitaqui. Sin embargo el sublinaje D1g se encuentra en todas las comunidades estudiadas con porcentajes que varían desde el 8% en la comunidad de El Divisadero hasta un 36% en la comunidad de Rinconada de Punitaqui.

Finalmente el haplogrupo D4h3a con un 6,9% de frecuencia en las muestras estudiadas. Se encuentra en las comunidades de El divisadero, El Altar y Punitaqui con variaciones de un 14%, 8% y 10% respectivamente.

A grandes rasgos se puede visualizar una alta diversidad de sublinajes para los macrohaplogrupos B,C y D. Y una alta prevalencia para estos mismos macrohaplogrupos.

Linajes no amerindios

De los linajes mitocondriales no amerindios encontrados en las comunidades agrícolas de la región de coquimbo, se tiene una frecuencia de 6,9%. En general provienen de linajes africanos y europeos.

Linajes africanos

Los linajes africanos constituyen un 2,15% de las comunidades muestreadas. El único linaje africano encontrado en las muestras es el L3f1b4a, encontrado en 2 de las muestras, ambas en la comunidad Manquehua.

Linajes europeos

Los linajes europeos constituyen un 4,75% de las comunidades muestreadas. Dentro de las muestras europeas recolectadas tenemos el haplogrupo H, reportado en dos individuos de las comunidades Manquehua y Punitaqui. Y el haplogrupo T2b, encontrado en una sola muestra en Punitaqui.

2. Índices de diversidad molecular y test de neutralidad.

Se realizó la prueba de Tamura-Nei para estimar la probabilidad de que dos individuos al azar de la población tengan distintos haplogrupos mitocondriales. Los resultados fueron resumidos en la siguiente tabla (Tabla 13).

La gran diversidad de número de haplotipos (h) podría dar cuenta de una población en crecimiento, sin embargo este índice puede verse afectado por el tamaño poblacional de las comunidades y debido al tamaño muestral bajo de estas comunidades no es posible sacar esta conclusión. De la misma manera, a partir de los valores de diversidad haplotípica (Hd), podemos evidenciar que no existe una diferencia importante entre las distintas comunidades, puesto que todas tienen un valor alto y similares entre sí. Lo que nos da evidencia de poblaciones con un alto nivel de migración o en proceso de expansión demográfica. A modo de descripción la población que presenta la diversidad haplotípica más baja es Rinconada de Punitaqui (0,9778) y las más altas Manquehua, El divisadero y El Altar (1.0). Este índice también puede verse afectado por el tamaño de muestreo de estas comunidades.

Para los valores promedio de diferencias entre dos secuencias (K) se pueden evidenciar valores similares en todas las comunidades, siendo los valores de El Divisadero y Manquehua los más altos, y las comunidades de Punitaqui y Rinconada de Punitaqui los que tienen valores más bajos.

Finalmente, para la diversidad nucleotídica (π), al igual que en los otros casos se pueden observar valores similares en todas las comunidades observadas. Siendo nuevamente las comunidades de El Divisadero y Manquehua las que tienen los valores más altos, y las comunidades de Punitaqui y Rinconada de Punitaqui las que tienen los valores más bajos.

Tanto los valores de K como los de π pueden indicar un mayor flujo de migración para las comunidades de El Divisadero y Manquehua. Así mismo indica un flujo menor para las de Punitaqui y Rinconada de Punitaqui.

Tabla 13: Índices moleculares básicos (Tajima-Nei) de comunidades agropastoriles estudiadas.

Población	n	h	S	Hd	K	π
El Divisadero	4	4	22	1.0000	11.3333333	0.139918
El Altar	6	6	27	1.0000	10.6666667	0.131687
Manquehua	12	12	39	1.0000	11.469697	0.141601
Punitaqui	31	20	58	0.9527	9.744086	0.120297
Rinconada de Punitaqui	11	10	27	0.9778	9.854545	0.121661

Simbología: (n)- N° de copias de genes; (h) - N° de haplotipos; (S) - N° de sitios polimórficos; (Hd) - Diversidad genética o diversidad haplotípica; (K) - N° promedio de diferencias entre dos pares de secuencias; (π) - Diversidad Nucleotídica.

Para establecer entonces si las poblaciones estudiadas tuvieron cuellos de botella o eventos de expansión se realizó un test de neutralidad a partir de la prueba de Fu. Debido a la falta de significancia estadística la prueba no presenta eventos de expansión ni cuellos de botella.

Tabla 14: Test de neutralidad: Prueba de Fu's para las comunidades agropastoras estudiadas.

Población	Fs	p
El Divisadero	0.47937	0.378
El Altar	-0.85898	0.167
Manquehua	-4.43079	0.016
Punitaqui	-3.83459	0.097
Rinconada de Punitaqui	-2.27174	0.103

Simbología: p – p-valor siendo $p=0.05$

3. Redes de haplotipos

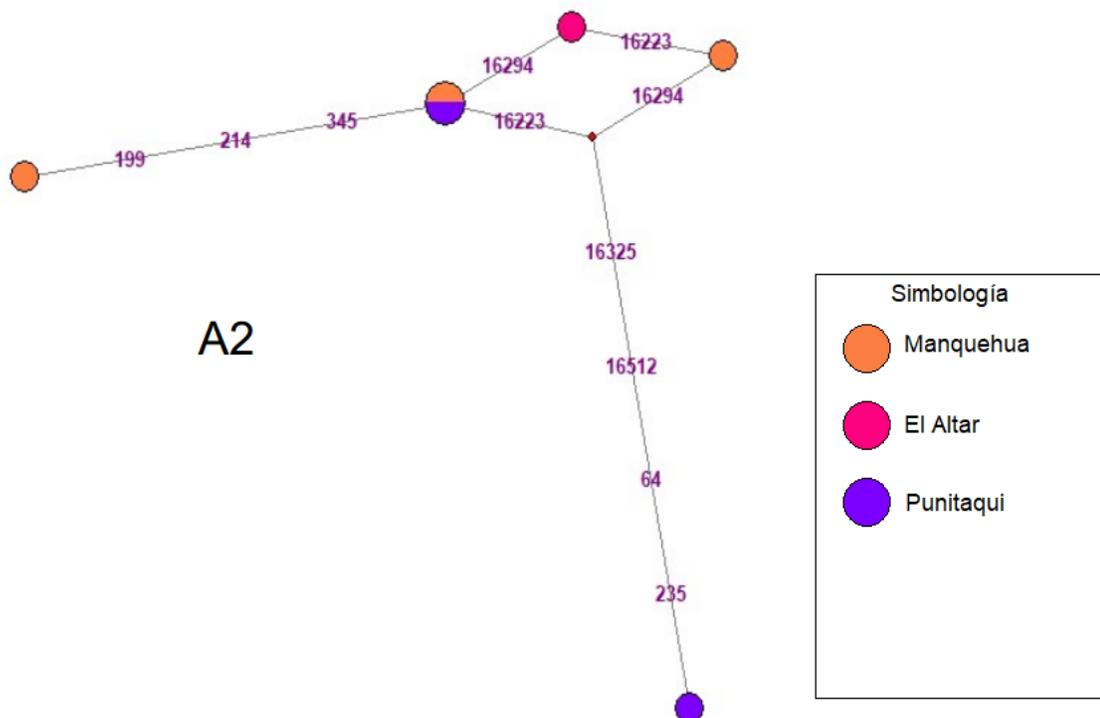
Se construyeron redes de haplotipos utilizando el algoritmo Median-Joining, con el fin de observar la estructura poblacional, y analizar la distribución y diversidad presente en las comunidades muestreadas.

Se realizaron análisis por separado para cada macrohaplogrupo (A2, B2, C1 y D). Los sitios homoplásicos/inestables como 309+C(C), 315+C, inserciones de AC entre 515-522, A16182C, A16183C, 16193+C(C) y 16519 fueron eliminados.

Macrohaplogrupo A2

De las comunidades estudiadas solo el 6,9% de los individuos presentaron un macrohaplogrupo A2. La red de haplogrupo (Figura 8) presenta una disposición simple que incluye individuos de las comunidades El Altar, Manquehua y Punitaqui.

Figura 8: Red de haplotipo A2.

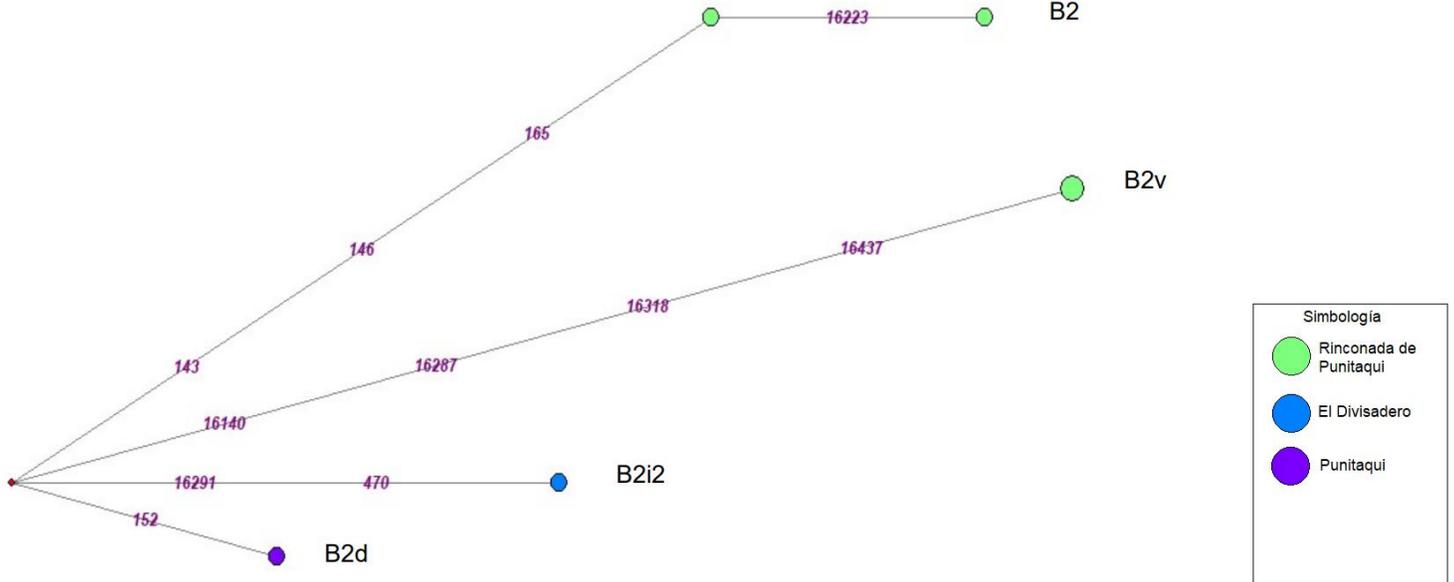


Macrohaplogrupo B2

El macrohaplogrupo B2 se encontró en el 22,99% de las muestras estudiadas, sin embargo debido a la falta de calidad necesaria de algunas muestras sólo se utilizaron 6 muestras para la creación de la red de haplotipos (Figura 9), por lo que sólo se ve representadas las comunidades El divisadero, Punitaqui y Rinconada de Punitaqui, excluyendo a la comunidad El Altar dónde el 49% de los individuos presentaba un haplotipo de este Macrohaplogrupo.

Se observa al igual que en la red anterior una estructura simple, se puede definir un grupo de Rinconada de Punitaqui que parece estar ligado a partir de las mutaciones 143 y 165 que se hipotetiza podría ser un nuevo sublinaje del haplogrupo B2.

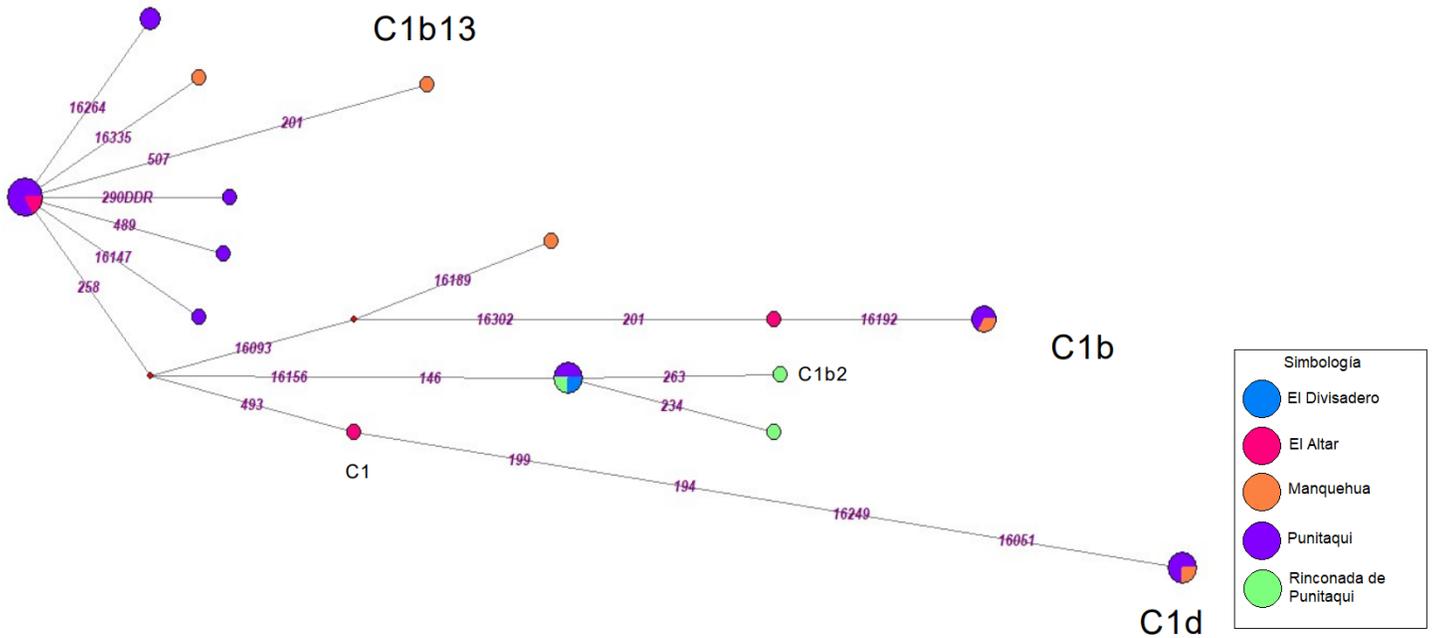
Figura 9: Red de haplotipo B2.



Macrohaplogrupo C1

El macrohaplogrupo C1 está representado por un 34,48% de las muestras estudiadas. La red de haplotipos (Figura 10) presenta una estructura más compleja que para los macrohaplogrupos anteriores y en la que se ven representados individuos de todas las comunidades estudiadas. Las muestras para C1b13 se ordenan en un patrón tipo estrellado con haplotipos derivados con una sola mutación

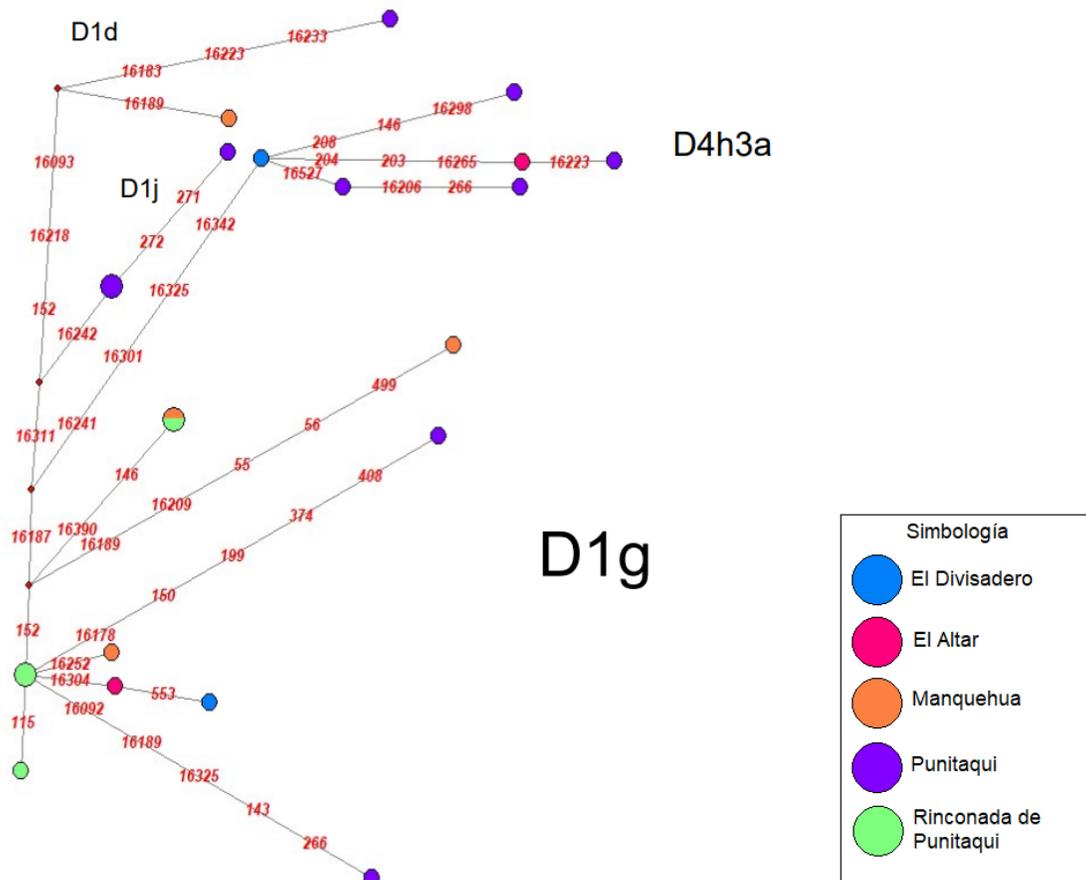
Figura 10. Red de haplotipo C1.



Macrohaplogrupo D

El macrohaplogrupo D está representado por un 34,48% de las muestras estudiadas. La red de haplogrupos (Figura 11) presenta una estructura más compleja que para los macrohaplogrupos anteriores y en la que se ven representados individuos de todas las comunidades estudiadas. Las ramas largas que separan D1g con D1j, D1d y D4h3a se deben a los grandes tiempos de divergencia sobre todo de los dos últimos sublinajes.

Figura 11: Red de haplotipos D.



4. Matriz de distancias F_{ST} y dendrogramas Neighbor-joining

Se creó una matriz de distancias F_{ST} de diferenciación poblacional (Tabla 15) para evaluar la diferenciación genética entre distintos grupos de Chile y Argentina, y compararla con la población de estudio. A partir de los valores entregados en la matriz podemos observar una cercanía de las Comunidades agropastoras con las poblaciones del NO de Argentina, particularmente con la ciudad de Calingasta, mostrando un valor de 0,016. Seguido con valores bastantes similares de distancia con la ciudad de Temuco, Santiago y San Juan con valores de 0,023, 0,026 y 0,028 respectivamente.

En la Figura 11, en el dendrograma A se muestran gráficamente las distancias y cercanías genéticas entre las poblaciones de Chile y el Noroeste de Argentina, a través de un dendrograma Neighbor-joining. En este podemos ver tres agrupamientos: Un primer grupo que contiene a poblaciones indígenas de la zona norte del país (Aimara y Atacameños) y a poblaciones mestizas de la misma macrozona (Calama y Antofagasta). Un segundo grupo agrupa a poblaciones indígenas de la zona Centro-Sur del país (Mapuche, Pehuenche y Huilliche) con poblaciones mestizas de la misma macrozona (Temuco, Santiago, Concepción y Valparaíso-Viña) y una población mestiza del norte del país (Iquique). El tercer grupo agrupa a las comunidades agropastoras estudiadas en la presente tesis con poblaciones mestizas argentinas como Calingasta, San Juan, Mendoza y Villa Tulumaya.

En base a este primer resultado se realizó un segundo dendrograma a partir de la matriz de distancias hecha de secuencias de la región hipervariante I (HVI) que incluye poblaciones indígenas del norte de Argentina – Kollas y Diaguitas - (Tabla 16). Para esta matriz de distancias se puede observar mayor cercanía a las poblaciones Kolla argentinas con un valor de 0,012, la ciudad de Calingasta con un valor de 0,019 y la ciudad de Temuco con un valor de 0,021.

En la Figura 12, en el dendrograma B se muestran gráficamente las distancias genéticas. En él podemos ver 4 grupos: El primero está compuesto de las ciudades del NO de Argentina, la población Kolla Argentina y las comunidades agropastoriles, el segundo grupo está compuesto de las poblaciones indígenas y mestizas del Centro-Sur de Chile y finalmente el tercer grupo que está compuesto por las ciudades del Norte de Chile, y las poblaciones indígenas del Norte de Chile y Diaguitas de Argentina.

Tabla 15: Índice F_{ST} Tamura & Nei Poblaciones de comparación Chile y NOA. En azul se muestran los valores de p-valor, siendo $p=0,05$. En azul y negrita se muestran los valores estadísticamente significativos. En color negro se muestran los valores del F_{ST}

	V	Tm	Ph	A	At	Ma	H	Iq	An	Ca	Sa	Cp	Mz	Cal	VT	SJ	Com
V		0,104	0,206	0,007	0,004	0,207	0,259	0,475	0,299	0,062	0,228	0,148	0,155	0,081	0,122	0,125	0,003
Tm	0,020		0,075	0,000	0,000	0,741	0,055	0,242	0,003	0,000	0,840	0,175	0,006	0,039	0,001	0,005	0,011
Ph	0,013	0,017		0,000	0,000	0,200	0,041	0,056	0,004	0,000	0,047	0,068	0,010	0,014	0,001	0,000	0,000
Ai	0,077	0,141	0,144		0,065	0,001	0,000	0,000	0,009	0,000							
At	0,088	0,149	0,156	0,027		0,000	0,000	0,000	0,004	0,039	0,000						
Ma	0,014	-0,013	0,015	0,129	0,149		0,079	0,530	0,057	0,020	0,637	0,346	0,014	0,141	0,017	0,039	0,030
H	0,007	0,015	0,025	0,132	0,128	0,031		0,033	0,010	0,000	0,093	0,062	0,038	0,005	0,002	0,003	0,000
Iq	-0,003	0,003	0,019	0,091	0,102	-0,006	0,020		0,059	0,002	0,062	0,012	0,045	0,002	0,001	0,020	0,000
An	0,004	0,037	0,043	0,037	0,054	0,031	0,029	0,013		0,391	0,002	0,044	0,003	0,008	0,001	0,001	0,000
Ca	0,027	0,069	0,079	0,010	0,030	0,057	0,063	0,035	0,000		0,000	0,003	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
Sa	0,007	-0,004	0,016	0,119	0,133	-0,008	0,009	0,001	0,029	0,057		0,120	0,006	0,025	0,000	0,002	0,003
Cp	0,014	0,005	0,016	0,100	0,121	0,001	0,013	0,012	0,015	0,040	0,005		0,003	0,048	0,000	0,000	0,001
Mz	0,014	0,032	0,039	0,141	0,117	0,055	0,020	0,028	0,037	0,074	0,025	0,034		0,044	0,357	0,254	0,005
Cal	0,021	0,015	0,031	0,121	0,124	0,017	0,033	0,015	0,028	0,058	0,014	0,013	0,017		0,012	0,132	0,036
VT	0,018	0,043	0,051	0,114	0,086	0,056	0,041	0,027	0,037	0,060	0,037	0,050	0,001	0,026		0,105	0,000
SJ	0,015	0,025	0,048	0,119	0,113	0,033	0,029	0,017	0,035	0,063	0,020	0,033	0,003	0,006	0,009		0,003
Com	0,058	0,023	0,059	0,208	0,207	0,037	0,046	0,048	0,080	0,129	0,026	0,036	0,031	0,016	0,058	0,028	

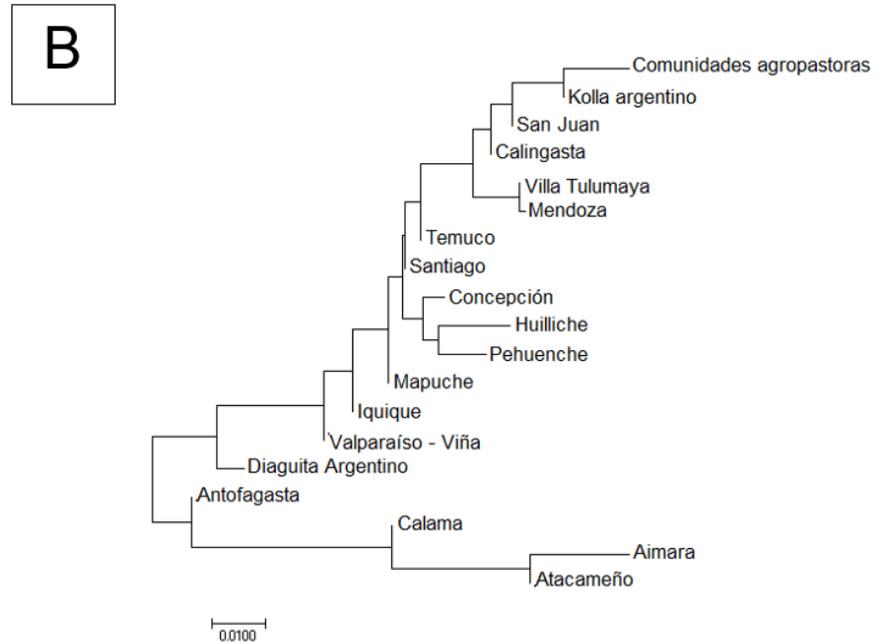
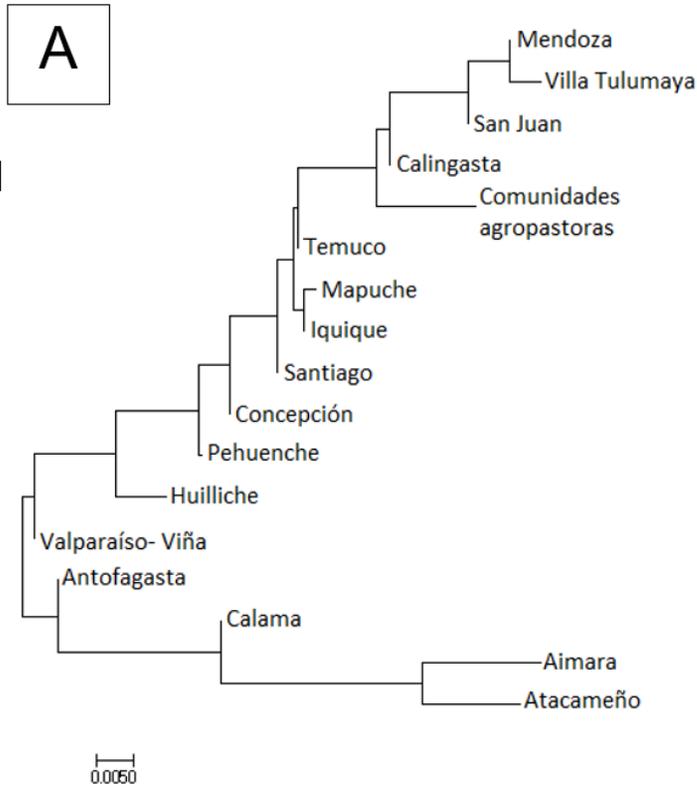
Las abreviaturas de las poblaciones son: V = Valparaíso-Viña; Tm = Temuco; Ph =Pehuenche; Ai =Aimara; At = Atacameño; Ma = Mapuche; H = Huilliche; Iq = Iquique; An =Antofagasta; Ca = Calama; Sa =Santiago; Cp = concepción; Mz = Mendoza; Cal = Calingasta; VT =Villa Tulumaya; Sj= San Juan; Com = Comunidades agropastoras.

Tabla 16: Índice F_{ST} Tamura & Nei Poblaciones de comparación Chile, NOA e indígena argentino y Amazónico Peruano. En azul se muestran los valores de p -valor, siendo $p=0,05$. En azul y negrita se muestran los valores estadísticamente significativos. En color negro se muestran los valores del F_{ST} .

Pob	An	Ca	Ai	At	Cal	Cp	Di	Com	H	Iq	KI	VT	Ma	Mz	Sa	SJ	Ph	Tm	V
An		0,293	0,015	0,040	0,008	0,048	0,136	0,000	0,002	0,018	0,000	0,004	0,050	0,002	0,001	0,000	0,008	0,001	0,160
Ca	0,002		0,190	0,173	0,000	0,004	0,047	0,000	0,000	0,001	0,000	0,000	0,011	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,030
Ai	0,036	0,008		0,154	0,000	0,000	0,019	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,001	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,003
At	0,027	0,011	0,014		0,000	0,000	0,018	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,001	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,007
Cal	0,031	0,067	0,142	0,117		0,079	0,006	0,030	0,003	0,042	0,123	0,055	0,196	0,049	0,020	0,184	0,009	0,095	0,067
Cp	0,015	0,041	0,104	0,093	0,011		0,017	0,000	0,048	0,023	0,004	0,003	0,244	0,010	0,042	0,002	0,052	0,079	0,155
Di	0,015	0,036	0,066	0,065	0,065	0,046		0,000	0,008	0,219	0,002	0,015	0,144	0,003	0,021	0,012	0,025	0,018	0,256
Com	0,091	0,151	0,243	0,209	0,019	0,042	0,128		0,000	0,000	0,094	0,001	0,051	0,007	0,003	0,007	0,000	0,021	0,004
H	0,042	0,085	0,158	0,124	0,042	0,016	0,062	0,053		0,008	0,001	0,005	0,057	0,033	0,048	0,002	0,057	0,032	0,212
Iq	0,023	0,051	0,110	0,093	0,018	0,019	0,008	0,055	0,032		0,022	0,077	0,582	0,010	0,190	0,044	0,072	0,254	0,376
KI	0,067	0,116	0,201	0,158	0,011	0,040	0,082	0,012	0,058	0,028		0,049	0,105	0,069	0,015	0,421	0,000	0,061	0,019
VT	0,036	0,075	0,150	0,106	0,016	0,034	0,050	0,044	0,039	0,013	0,020		0,080	0,439	0,009	0,196	0,016	0,032	0,169
Ma	0,034	0,070	0,141	0,126	0,012	0,008	0,028	0,033	0,037	-0,009	0,024	0,030		0,026	0,644	0,135	0,208	0,712	0,308
Mz	0,046	0,099	0,185	0,136	0,018	0,029	0,075	0,030	0,023	0,030	0,019	-0,001	0,046		0,010	0,140	0,023	0,024	0,124
Sa	0,040	0,074	0,143	0,129	0,016	0,010	0,038	0,029	0,013	0,004	0,026	0,022	-0,009	0,023		0,012	0,053	0,886	0,293
SJ	0,042	0,082	0,154	0,123	0,005	0,029	0,047	0,025	0,036	0,014	-0,001	0,005	0,017	0,008	0,015		0,002	0,056	0,095
Ph	0,042	0,086	0,155	0,137	0,038	0,020	0,054	0,066	0,022	0,017	0,067	0,034	0,014	0,031	0,016	0,045		0,057	0,363
Tm	0,044	0,083	0,161	0,139	0,010	0,010	0,049	0,021	0,021	0,003	0,017	0,019	-0,013	0,023	-0,005	0,011	0,019		0,149
V	0,013	0,046	0,104	0,082	0,027	0,014	0,009	0,061	0,011	0,000	0,046	0,015	0,005	0,019	0,005	0,020	0,001	0,016	

Las abreviaturas de las poblaciones son: DA = Diaguita Argentino; KI = Kolla argentino; AI = Aimara; At = Atacameño; Ma = Mapuche; Ph =Pehuenche; H = Huilliche; Iq = Iquique; An =Antofagasta; Ca = Calama; V = Valparaíso-Viña; Sa =Santiago; Cp = concepción; Tm = Temuco; Sj= San Juan; Cal = Calingasta; VT =Villa Tulumaya; Mz = Mendoza; Com = Comunidades agropastoras.

Figura 12: Dendrogramas Neighbor-Joining contruidos a partir de las distancias genéticas del análisis de FST Tamura & Nei entre poblaciones chilenas y argentinas. El dendrograma de la izquierda (A) se realiza a partir de secuencias para poblaciones nativas y mestizas de Chile y mestizas del NO Argentina. El dendrograma de la derecha (B) se realiza a partir de la HVI de secuencias de poblaciones nativas y mestizas de Chile, Nativas de argentina (Diaguita y Kolla), Mestizas del NO de Argentina y la población Shipibo-Coniobo-Cashibo de la selva amazónica de Perú.

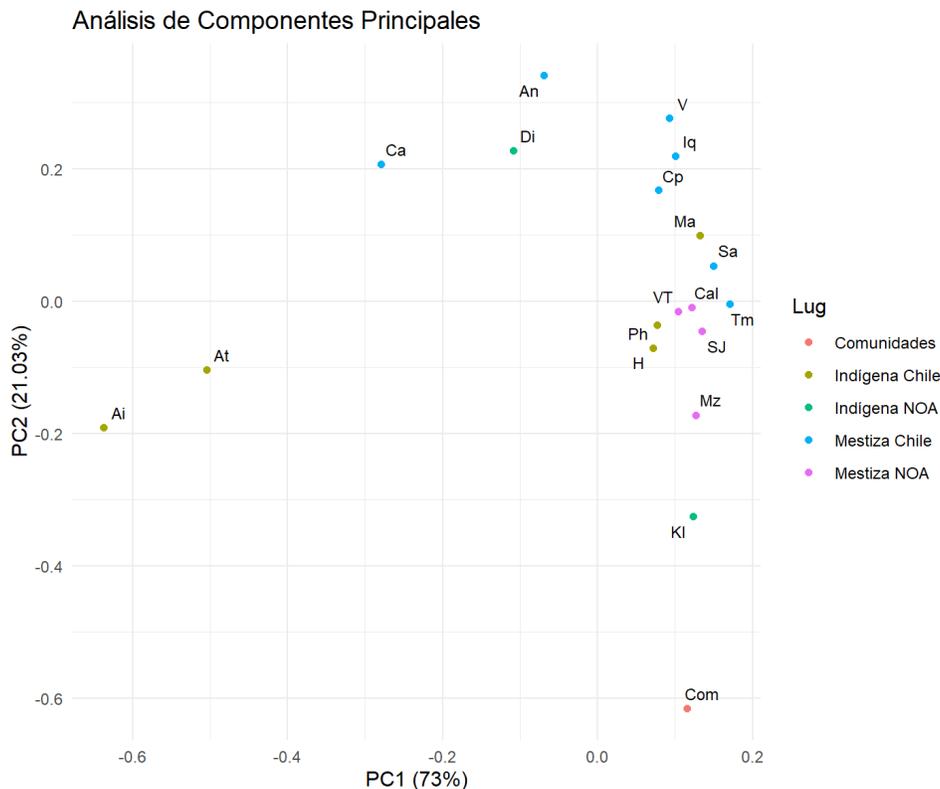


5. Análisis de Componentes Principales

En el Gráfico 2 se muestra la representación gráfica de un análisis de componentes principales a partir de la matriz de datos de la Tabla 16. En esta se observan los grupos organizados en las dimensiones 1 y 2 las que explican el 94% de los datos, 73% y 21% respectivamente (Anexo 4).

En este se observan cinco grupos diferenciados: el primero que incluye a poblaciones Aimara y Atacameña; el segundo que involucra a poblaciones Diaguitas argentinas con las ciudades chilenas Calama y Antofagasta; el tercero que agrupa a las ciudades de Noroeste de Argentina (Villa Tulumaya, San Juan, Calingasta) , las poblaciones indígenas chilenas (Mapuche, Pehuenche y Huilliche) y las ciudades chilenas (Santiago, Concepción, Viña-Valparaíso, Temuco e Iquique). El cuarto grupo que comprende a la población indígena Kolla Argentina y la ciudad argentina de Mendoza. Y finalmente el quinto grupo que incluye únicamente a las Comunidades agropastoras de Coquimbo como un dato aislado.

Gráfico 2: Análisis de componentes principales a partir de la matriz del índice FST Tamura & Nei Poblaciones de comparación Chile, NOA e indígena argentino y Amazónico Peruano.



Las abreviaturas de las poblaciones son: DA = Diaguita Argentino; KI = Kolla argentino; Ai =Aimara; At = Atacameño; Ma = Mapuche; Ph =Pehuenche; H = Huilliche; Iq = Iquique; An =Antofagasta; Ca = Calama; V = Valparaíso-Viña; Sa =Santiago; Cp = concepción; Tm = Temuco; Sj= San Juan; Cal = Calingasta; VT =Villa Tulumaya; Mz = Mendoza; Com = Comunidades agropastoras.

6. AMOVA

Se realizaron test AMOVA para contrastar distintas hipótesis de diferenciación genética.

Para el primer test (Tabla 17) que contrasta la hipótesis de un clado entre las comunidades agropastoriles y las del Noroeste de Argentina, tenemos el porcentaje de variación entre grupos que es de 0,87%. Mientras que el porcentaje de variación entre poblaciones dentro de grupos es 1,54%. Y el porcentaje de variación dentro de poblaciones es de 97,59%. En este caso, todos los valores p son muy cercanos a cero (0,00001), lo que indica que las diferencias observadas en los componentes de varianza son altamente significativas.

Para el segundo test que contrasta la hipótesis de un clado entre las comunidades agropastoriles y las del Centro-Sur de Chile, tenemos el porcentaje de variación entre grupos que es de 0,8%. Mientras que el porcentaje de variación entre poblaciones dentro de grupos es de 1,58%. Y el porcentaje de variación dentro de poblaciones es de 97,61%. En este caso, los valores p también son muy cercanos a cero (0,00000), indicando que las diferencias observadas en los componentes de varianza son altamente significativas.

En general, los valores p son cercanos a 0 en ambas hipótesis, indicando que los resultados son altamente significativos y poco probables de ocurrir por azar en ambos casos. Sin embargo, los valores presentan diferencias no mayores a 1% de varianza entre grupos en comparación al porcentaje de variación entre poblaciones dentro de grupos, por lo que no se observan diferencias significativas ni estructuración.

En resumen, ambas hipótesis muestran que no existe una diferenciación significativa entre los grupos. Es decir, las comunidades agropastoriles no se agrupan mejor ni con las poblaciones de Argentina ni con las poblaciones mestizas de Chile.

Tabla 17: Test AMOVA para contrastar hipótesis de diferenciación entre comunidades agropastoriles y poblaciones del Noroeste de Argentina y mestizas chilenas de centro sur.

Hipótesis	Porcentaje de variación entre grupos	Porcentaje de variación entre poblaciones dentro de los grupos	Porcentaje de variación entre poblaciones
Clado entre poblaciones argentinas y Comunidades Agropastoriles	0,87%	1,54%	97,59%
p-valor	0	0	0,00684
Clado entre poblaciones mestizos del Centro -Sur de Chile y Comunidades agropastoriles	0,8%	1,58%	97,61%
p-valor	0	0	0,02933

Se creó un nuevo set de AMOVA para contrastar las hipótesis de cercanía entre distintos grupos de Argentina con las comunidades agropastoriles.

Para el primer test (

Tabla 18) que contrasta la hipótesis de un clado entre las comunidades agropastoriles y las poblaciones Kollas, tenemos un porcentaje de variación entre grupos que es de 1,23%. El porcentaje de variación entre poblaciones dentro de grupos es de 0,87%. Y el porcentaje de variación dentro de poblaciones es de 97,9%. En este caso, el valor p para la variación entre grupos es menor y de variación entre poblaciones dentro de los grupos es menor de 0,05 (0,00196 y 0,03324 respectivamente), lo que indica que la diferencia observada en estos componentes de varianza es significativa. Sin embargo, para las variaciones entre poblaciones se obtiene un valor de p mayor a 0.05 por lo que no es estadísticamente significativa.

Para el segundo test (

Tabla 18) que contrasta la hipótesis de un clado entre las comunidades agropastoriles y las mestizas del Noroeste de Argentina, tenemos un porcentaje de variación entre grupos que es de -0,49%. Mientras que el porcentaje de variación entre poblaciones dentro de grupos es de 1,58%. Y el porcentaje de variación dentro de poblaciones es de 98,9%. En este caso observamos un patrón similar al del test anterior en el valor de p, para la variación entre grupos y entre poblaciones es menor a 0.05, mientras que para la variación dentro de las poblaciones es mayor a 0.05 siendo este último no significativo estadísticamente.

Los porcentajes de variación entre grupos y entre poblaciones dentro de grupos tampoco tienen una diferencia significativa, por lo que las comunidades agropastoriles no se agrupan mejor ni con las poblaciones Kolla argentinas ni con las poblaciones mestizas de Argentina.

Tabla 18: Test AMOVA para contrastar hipótesis de diferenciación entre comunidades agropastoriles y poblaciones Kolla y mestizas Argentina del Noroeste.

Hipótesis	Porcentaje de variación entre grupos	Porcentaje de variación entre poblaciones dentro de los grupos	Porcentaje de variación entre poblaciones
Clado entre poblaciones Kolla y Comunidades Agropastoriles	1,23%	0,87%	97,9%
p-valor	0,00196	0,03324	0,06940
Clado entre poblaciones mestizas de Argentina y Comunidades agropastoriles	-0,49%	1,58%	98,90%
p-valor	0,00196	0,00196	0,83773

Se creó entonces un tercer set de AMOVA para contrastar la cercanía de poblaciones chilenas con las comunidades agropastoriles. Para el primer test (Tabla 19) que contrasta la hipótesis de un clado entre las comunidades agropastoriles y las poblaciones del Centro-

Sur de Chile, se obtiene un porcentaje de variación entre grupos que es de 4,6%. El porcentaje de variación entre poblaciones dentro de grupos es de 2,28%. Y el porcentaje de variación dentro de poblaciones es de 93,11%. En este caso, los valores p también son muy cercanos a cero (0,00000), indicando que las diferencias observadas en los componentes de varianza son altamente significativas.

Para el segundo test que contrasta la hipótesis de un clado entre las comunidades agropastoriles y las poblaciones del Norte chileno, se obtiene un porcentaje de variación entre grupos que es de 1,46%, un porcentaje de variación entre poblaciones dentro de los grupos de 3,83% y finalmente un porcentaje de variación entre poblaciones de 94,71%. En este caso los primeros dos valores de p son cercanos a cero (0,00000) mientras que el valor de p para el componente de variación entre poblaciones es ligeramente mayor a 0,05 (0,05083).

Para estos resultados se obtiene una variación entre grupos mayor a la variación entre poblaciones dentro de los grupos en el clado entre poblaciones de Centro-Sur chilenas y las comunidades agropastoras, obteniendo valores de p cercanos a 0. Por lo tanto a partir de este test AMOVA las poblaciones agropastoriles se agrupan mejor con las poblaciones del Centro-Sur de Chile.

Tabla 19: Test AMOVA para contrastar hipótesis de diferenciación entre las comunidades agropastoriles y poblaciones del Norte y Centro-Sur de Chile.

Hipótesis	Porcentaje de variación entre grupos	Porcentaje de variación entre poblaciones dentro de los grupos	Porcentaje de variación entre poblaciones
Clado entre poblaciones de Centro-Sur chilenas y Comunidades Agropastoriles	4,6%	2,28%	93,11%
p-valor	0	0	0,00196
Clado entre poblaciones del Norte chileno y Comunidades agropastoriles	1,46%	3,83%	94,71%
p-valor	0	0	0,05083

Discusión

Como se mencionó en el apartado de resultados, las frecuencias haplotípicas revelan una alta prevalencia de linajes amerindios en las comunidades muestreadas, alcanzando un 93,1% del total (Tabla 12). Este es un resultado esperado considerando la composición genética habitual en Chile, y la asimetría sexual presente en la época colonial, donde el componente masculino fue principalmente europeo y el femenino indígena (Cussen, 2016).

A nivel de frecuencia de los linajes amerindios se observan para el haplotipo A2 (6,9%) valores coincidentes con los encontrados en otras poblaciones mestizas del Centro-Sur de Chile. Así mismo, las frecuencias de C1b13 son ligeramente más bajas para las comunidades (14,9%) que para las poblaciones de Santiago y Concepción (19, y 19,6% respectivamente). El linaje D1g en las comunidades (14,94%) presenta valores similares a los de Temuco (16,7 %), así como también a las poblaciones Mapuche chilena (15,8%). Esto podría ser coincidente con migraciones de poblaciones del Centro-Sur durante los siglos XVII a XIX. Sin embargo el tercer linaje que está relacionado con estas migraciones, el linaje B2i2, tiene una frecuencia baja (4,6%) en comparación a los grupos mestizos de Chile que van desde los 11,54% en Valparaíso-Viña a los 23,3% en Temuco. Respecto a estos tres linajes ampliamente discutidos en De Saint Pierre et al., (2012) tienen origen en poblaciones sudamericanas del Cono sur, con una fecha aproximada para D1g y B2i2 de 15.000 años A.P., siendo estos asociados a los primeros pobladores de Chile, con un posible surgimiento en las poblaciones del extremo sur del país. Mientras que para el sublinaje C1b13 se tiene un fechado más tardío, de 11.000 a 12.000 años A.P. aproximados, y está asociado al incremento poblacional en la zona centro-sur de Chile durante este periodo.

Otro linaje para destacar es el linaje D1j, encontrado en las comunidades con una representación de 3,5%. Este presenta patrones similares a los encontrados en comunidades nativas y mestizas del norte del país. Es necesario mencionar que este es un haplotipo frecuente en las poblaciones argentinas (Gómez-Carballa et al., 2016) principalmente aunque no exclusivamente, en las regiones del Centro y Centro-Oeste Argentinos, hipotetizándose un origen en esta región (García et al., 2012; Motti et al., 2017) hace aproximadamente 13.000 años A.P. (Bodner et al., 2012). También han sido asociadas a poblaciones Kolla y Diaguitas argentinas (Bodner et al., 2012).

Llama también la atención la alta frecuencia del haplotipo D4h3a que se registra en un 6,9% en la población muestreada. Este es un haplotipo definido como un haplotipo raro que tiene una distribución que va desde Alaska hasta Tierra del Fuego (Tamm et al., 2007). A pesar de su amplia distribución en población chilena las frecuencias no suelen superar el 5% (Gómez-Carballa et al., 2016) salvo en poblaciones fueguinas patagónicas (De Saint Pierre et al., 2012).

Uno de los resultados inesperados en la revisión de haplotipos fue la presencia de haplotipos raros (Figura 13) como B2d, C1b2 y D1d2. Sin embargo, es importante tomar precaución al interpretar la asignación de estos linajes, ya que al tratarse de una secuenciación únicamente de la región de control, la asignación de sublinajes definidos por polimorfismos fuera del D-loop puede resultar compleja.

En cuanto al haplogrupo B2d, se encuentra en un individuo de la comunidad de Punitaqui representando el 1,15% de la muestra total estudiada. Este sublinaje ha sido reportado previamente en el grupo Arawak de los Wayuu en Colombia, el grupo Chibchan Ngöbe en Panamá (Achilli et al., 2008; Perego et al., 2010) y ha sido encontrada de manera amplia en las poblaciones indígenas de Colombia siendo el sublinaje de B2d el más frecuente (Xavier et al., 2015). También ha sido identificado en poblaciones mexicanas de las localidades de Puebla y Coahuila (Bodner et al., 2021) y en el Centro-Norte de Venezuela (Castro de Guerra et al., 2012). Así como en estudios de ADN antiguo en el sitio arqueológico El Jícaro en Costa Rica (Morales-Arce et al., 2017) y en sitios arqueológicos del periodo formativo y Muisca en Colombia (Casas Vargas, 2017). Se ha discutido para este sublinaje una edad aproximada de 6.300 a 7.600 años A.P. Con un posible origen Colombiano (Casas Vargas, 2017; Zheng et al., 2012).

El haplogrupo C1b2, está representado por un individuo de la comunidad de Rinconada de Punitaqui, siendo el 1,15% de la muestra total. Este sublinaje ha sido reportado previamente en poblaciones de Puerto Rico, siendo el linaje más reciente en poblaciones recientes y arqueológicas de la zona (Nieves-Colón et al., 2020) Este tiene un origen hipotetizado hace 2.000 años A.P. en el área meso-sudamericana (Gómez-Carballa et al., 2015).

En cuanto al haplogrupo D1d2, este fue encontrado en tres individuos de las comunidades de Manquehua y Punitaqui, representando el 3,45% de la muestra total. El sublinaje D1d ha sido identificado previamente en grupos hispanos de Estados Unidos (Achilli et al., 2008) y en población mexicana contemporánea (Baptista Rosas & Arreola Cruz, 2018). Hasta el momento no hay estudios respecto a su tiempo o lugar de origen.

Los patrones de distribución de estos tres haplogrupos recuerdan al patrón de distribución de sublinaje B2y, que presenta un máximo de frecuencia en América del Norte, altas frecuencias en zonas andinas y frecuencias moderadas en Argentina, sin presentar individuos en poblaciones intermedias entre estos lugares. Salvo un encuentro marginal en Guyana Francesa (Gómez-Carballa et al., 2018). Se hipotetiza para este linaje un surgimiento en la costa de América del Norte hace aproximadamente 14,300 años A.P., seguida de una expansión a lo largo de la costa del Pacífico hasta alcanzar latitudes del norte de Chile (Gómez-Carballa et al., 2018).

De la misma manera, el descubrimiento de estos tres haplogrupos no descritos previamente en Chile, pero presentes en Norte y Centro América, plantea un posible patrón de poblamiento complejo de la zona estudiada. Estos podrían ser remanentes de una migración original que tuvo lugar antes de los 10.000 años A.P., y que se mantuvo en esta población, mientras que perdió presencia en otras poblaciones del país debido a la deriva génica. A pesar de los tiempos de divergencia documentados para B2d y C1b2, parece poco probable una migración más reciente que no haya dejado evidencia en áreas intermedias.

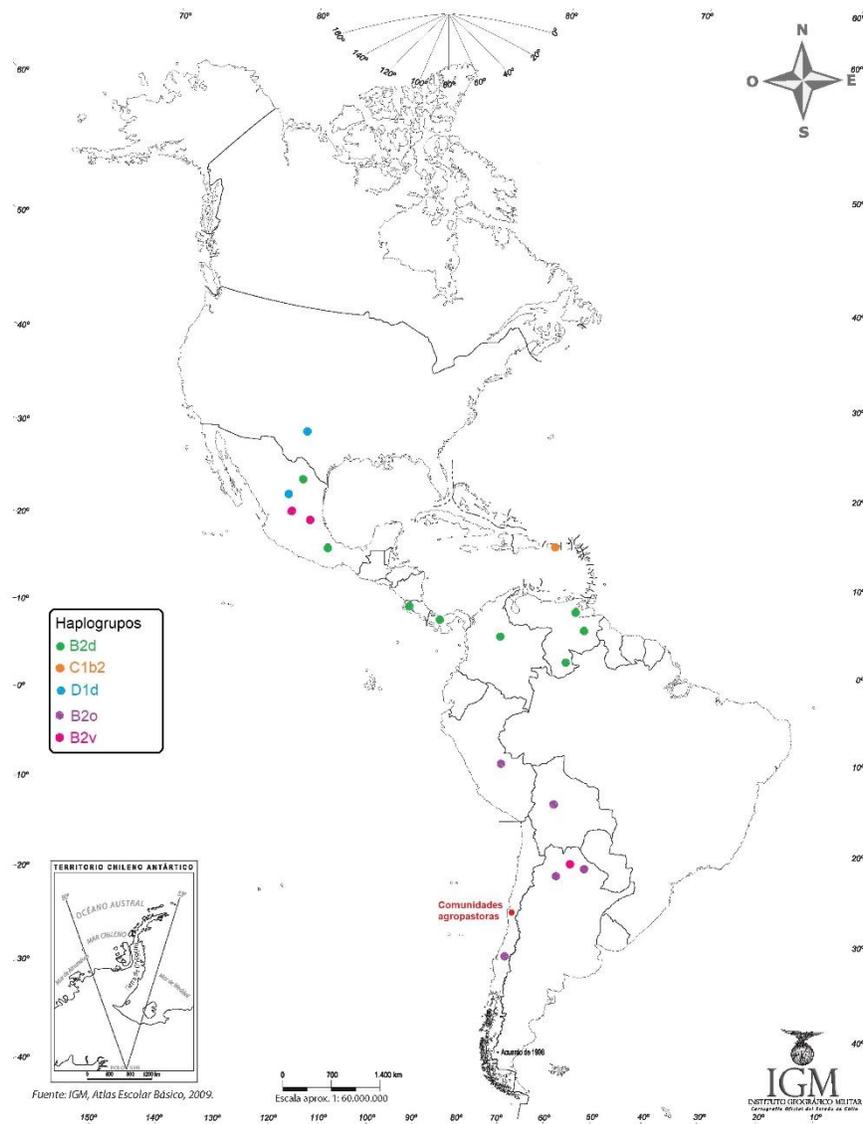
Además de los haplogrupos mencionados, se han detectado otros de baja frecuencia en la literatura chilena, pero presentes en poblaciones vecinas. Tal es el caso de los haplotipos B2o y B2v.

El haplotipo B2o fue identificado en un individuo de la comunidad de El Altar, representando el 1,15% de la muestra. El origen de este sublinaje se remonta aproximadamente a unos 2.600 años A.P. en Bolivia (Taboada-Echalar et al., 2013). Ha sido encontrado en San

Martín de Pangoa en Perú (Fuselli et al., 2003), Bolivia (Taboada-Echalar et al., 2013), grupos Tobas argentinos (A. Sala et al., 2019) y en la provincia de Jujuy en Argentina (Cardoso et al., 2013). En una tesis reciente también se identificaron individuos con este sublinaje en la ciudad de San Carlos en Chile (Castillo Torres, 2021)

El sublinaje B2v se encontró en dos individuos de la comunidad de Rinconada de Punitaqui, representando el 2,3% de la muestra. Este ha sido reportado en las localidades de Zacatecas y San Luis Potosí en México (Bodner et al., 2021), así como también en una muestra de poblaciones Wichí en el Norte de Argentina (A. Sala et al., 2019).

Figura 13: Mapa de distribución de haplogrupos raros encontrados en las comunidades agropastoras.



Otra particularidad del presente estudio es la presencia de los polimorfismos 143 y 165 en tres muestras B2, que podrían ser identificadas como un nuevo sublinaje. Estas muestras también se agrupan dentro de un mismo nodo en el Network para este posible linaje.

Respecto a los linajes no amerindios se encuentran dos ancestrías principales: el linaje africano y el europeo.

Los linajes africanos constituyen un 2,15% de las comunidades muestreadas. El único linaje africano encontrado en las muestras es el L3f1b4a, encontrado en 2 de las muestras, ambas en la comunidad Manquehua. El clado L3 tiene su origen en el centro de África, cercano a sudan hace 45 mil años atrás. El haplogrupo L3f en particular es probablemente de origen africano oriental, aunque su haplogrupo derivado L3f1 también está presente en África occidental (Salas et al., 2004). Es importante destacar que el porcentaje de linajes africanos en un 2,1% es más del doble de lo reportado en promedio para Chile según Gómez-Carballa et al., (2016), pero concordante con los porcentajes esperados de ancestría africana para la región de Coquimbo a través de SNP según Fuentes et al., (2014). Este valor puede ser explicado por el proceso de esclavismo que se produjo a partir de mediados del siglo XVI. Si bien dentro de la región, Brasil tuvo la concentración de esclavos más importante, en Chile se reporta una fuerte afluencia esclava en la zona del Norte semiárido y particularmente en Coquimbo debido al auge minero en la zona (Cussen, 2016; Mellafe, 1984; Carmagnani, 1963). El paso de esclavos fue a través de la cordillera por la ruta desde Buenos Aires, hasta Mendoza, San Juan y luego Chile, lugares que tienen una alta representación de linajes mitocondriales africanos en comparación con otras ciudades circundantes (Motti, 2012).

Otra posible explicación podría deberse a una incorporación reciente de migraciones, principalmente procedentes de Haití. Esto debido a que al tratarse de una zona agrícola, representa un nicho para trabajadores migrantes. En la provincia del Limarí, entre los años 2015 y 2019, se han entregado un total de 4,817 visas. Dentro de este grupo los migrantes haitianos (27%) y venezolanos (24%) conforman las mayores proporciones (Gobierno Regional de coquimbo, 2020). Además se ha observado una tendencia de grupos haitianos a establecerse y trabajar en lugares agrícolas, siendo su principal fuente de empleo las cosechas estivales (Gobierno Regional de coquimbo, 2020).

En cuanto a los linajes europeos, estos constituyen un 4,75% de las comunidades muestreadas. Dentro de las muestras europeas recolectadas tenemos el haplogrupo H, reportado en la comunidad Manquehua y Punitaqui. Este linaje tiene un origen en el Medio Oriente y una datación de hace unos 45 mil años atrás. Se caracteriza por poseer una distribución geográfica y frecuencias muy amplias en la población de Europa (Achilli et al., 2004)

El haplogrupo T2b, encontrado en una sola muestra en Punitaqui. Este linaje se encuentra frecuentemente en toda Europa y particularmente en la región de Los Alpes, con una edad de aproximadamente 10.000 años A.P. Arqueológicamente se encuentra en poblaciones paleolíticas de la cornisa cantábrica, en la cultura arqueológica Vaso Campaniforme en Hungría e Inglaterra, y en la Edad neolítica también en España, Italia, Francia, Alemania y Suecia (Pala et al., 2012).

Respecto a las diferencias percibidas entre comunidades, si bien no tienen diferencias significativas para los linajes amerindios, destaca la alta frecuencia de linajes no amerindios en la comunidad de Manquehua (25%). Esto podría deberse principalmente a que durante la época colonial en el territorio que hoy comprende a esta comunidad tuvo lugar una

hacienda. Estos eran lugares foco de las migraciones tanto europeas como de mulatos esclavizados o de servicio (Arre Marfull, 2011; Cortés, 2003).

Dado que no hay una diferencia significativa de los linajes amerindios entre distintas comunidades, se agruparon todas estas como comunidades agropastoriles para observar su relación con otras localidades de Chile tanto nativas como mestizas. Los valores F_{ST} muestran una mayor cercanía de estas poblaciones a las poblaciones de Temuco y Santiago con valores de 0,023 y 0,026 respectivamente, siendo ambas significativas estadísticamente. Esta relación se ve graficada en los dendrogramas mostrando una cercanía relativa a ambas ciudades, sin agruparse directamente con ellas. En una primera hipótesis puede pensarse que esta cercanía relativa puede estar relacionada con la migración histórica y reciente de contingentes de la zona de la Araucanía a la zona de Coquimbo (Carmagnani, 1963; Cortés, 2003; Hamelin, 2003). Sin embargo, los valores F_{ST} , así como los dendrogramas, mantienen una mayor distancia con las poblaciones Mapuche, Pehuenche y Huilliche.

Tanto las distancias genéticas F_{ST} como el dendrograma, revelaron que las comunidades agropastoriles de Punitaqui comparten más similitudes con las poblaciones del Noroeste de Argentina que poblaciones chilenas. Tal es el caso de Calingasta, que tuvo un valor de 0,016 en el primer F_{ST} y de 0,019 en el segundo, ambos significativos estadísticamente. Y Kolla Argentina, que tuvo un valor de 0,012, que debe ser tomado con cautela puesto que no es significativo estadísticamente. La observación de que los grupos agropastoriles revelan más afinidades con grupos trasandinos no es sorprendente, en vista de la larga historia colonial y reciente que tienen estas poblaciones, así como también de la gran movilidad que tienen las comunidades en el pastoreo de cabras (Hevilla & Molina, 2010). Sin embargo la afinidad que las comunidades tienen con Kollas argentinos de la provincia de Jujuy es inesperada, sobre todo considerando estudios de barreras genéticas entre Jujuy y las localidades de Mendoza y Villa Tulumaya, San Juan y Calingasta (Motti, 2012) y la hipótesis de poblamiento de estas poblaciones desde Bolivia (Gómez-Carballa et al., 2018).

A pesar de esto resultados, sin embargo, los test AMOVA no revelaron cercanía de las comunidades agropastoriles con las poblaciones Kolla ni con poblaciones de Argentina. Sin embargo un test de AMOVA reveló una mayor cercanía de las poblaciones agropastoras a las poblaciones del Centro-Sur de Chile.

Respecto al análisis de componentes principales, se siguen viendo agrupamientos similares a los encontrados en los dendrogramas. Sin embargo, se observa una distancia de las comunidades agropastoriles respecto al resto de las poblaciones argentinas y chilenas, presentando a estas comunidades como un valor atípico situándolas en el borde del gráfico. Esto puede indicar que faltan poblaciones dentro de la muestra de comparación que pudieran ser más cercanas a las comunidades agropastoriles, pudiendo elaborarse a partir de este dato un probable vínculo con poblaciones nativas no estudiadas.

En resumen, los datos de comparación de las comunidades agropastoras con otras poblaciones chilenas y argentinas presentan a las poblaciones agropastoriles como poblaciones aisladas genéticamente. Esto puede evidenciarse gráficamente en el PCA y en el test AMOVA que no reveló ninguna estructuración con los grupos comparados.

Las descripciones y relaciones anteriormente citadas pueden interpretarse en dos escenarios posibles: (1) Las poblaciones estudiadas pueden tener origen en poblaciones

argentinas y (2) existe un origen de las poblaciones estudiadas en las poblaciones nativas locales.

En el primer caso, es innegable que las migraciones trasandinas trashumantes dejaron un rastro en la similitud entre las comunidades y las ciudades del Noroeste de Argentina, especialmente aquellas más cercanas a la cordillera, como Calingasta y San Juan. En el presente estudio esto se ve reflejado en las distancias genéticas F_{ST} y dendrogramas que agrupan a las comunidades agropastoriles con las poblaciones de Argentina. Sin embargo, la propuesta de un origen de estas poblaciones en Argentina carece de fundamentos, ya que cabría esperar hallar una mayor cantidad de linajes compartidos entre ambas regiones, así mismo los test AMOVA presentan a estas poblaciones como más cercanas a los grupos chilenos de Centro-Sur. Por lo que sería más correcto establecer que las migraciones trasandinas trashumantes tienen un grado de influencia en la genética que presentan las comunidades agropastoras.

En el mismo sentido, es posible comprender la proximidad observada en la matriz de distancias F_{ST} con respecto a los pueblos Kolla de Argentina mediante la consideración de los patrones culturales inherentes a las poblaciones estudiadas.

Para proporcionar un contexto adecuado, resulta esencial tomar en consideración que el pueblo Kolla constituye igualmente una comunidad trashumante de carácter pastoril. En la actualidad, su asentamiento se localiza en la región cordillerana de la Región de Atacama en Chile y en diversas localidades argentinas como Fiambalá, Laguna Grande, Jachal, Saujil, Tinogasta, Belén y Catamarca, entre otras (Consejo Nacional de la Cultura y las Artes, 2012). La emergencia de estas comunidades como una categoría étnica se atribuye a la amalgama de distintas poblaciones indígenas autóctonas y a las migraciones acontecidas durante el período Republicano, procedentes de Bolivia. Conforme a la mayoría de la literatura, se sostiene que los Kolla chilenos son descendientes de familias que migraron desde el Noroeste Argentino y el sur de Bolivia entre los siglos XIX y XX, coincidiendo con la Guerra del Pacífico (Quiroz & Jeria, 2010).

En Argentina, se los identifica como poblaciones mestizas que han perseverado en sus modos de vida y tradiciones indígenas, compartiendo un origen común con los chilenos en el Noroeste de Argentina. Paralelamente, se han presentado investigaciones que interpretan a los Kolla como una etnia que surge de la fusión entre los Diaguitas y los Omapuacas, así como de grupos de ascendencia Quechua y Aimara de Bolivia (Quiroz & Jeria, 2010). Llama la atención que Frites en 1971 los haya descrito como "parte de la masa mestiza no integrada en los centros urbanos", encontrando su hábitat en las montañas. Esta concepción evoca al planteamiento del origen de las comunidades agropastoriles como "marginales sociales", según lo propuesto por Carmagnani (1963).

En un pasado más reciente, existen registros de empleos temporales en la minería para las poblaciones Kolla, tanto en Chile como en Argentina (Consejo Nacional de la Cultura y las Artes, 2012), y para las comunidades agropastoriles (Furnaro Lobos, 2015). Siendo la minería una función económica complementaria para estas poblaciones. Estas semejanzas en términos de dinámicas culturales y laborales podrían ejercer un impacto sobre la composición genética de las mismas.

La segunda hipótesis en cambio encuentra asidero en la presencia de haplogrupos raros que pudieron presentarse en una población nativa local. Estos datos indican, como se ha

comentado anteriormente, un probable remanente de un poblamiento inicial que se mantuvo en estas poblaciones por deriva génica. En concordancia con estos resultados, el análisis de componentes principales muestra a las comunidades agropastoriles como poblaciones aisladas, lo que puede indicar la falta de poblaciones intermedias. Así mismo los test AMOVA no presentan una estructuración de las comunidades agropastoras con ninguna de las poblaciones comparadas, a pesar de que muestran una cercanía a las poblaciones del Centro-Sur chilenas. Sin embargo, no podemos asumir o refutar la idea de la relación entre las comunidades agropastoriles y poblaciones nativas de la zona pues no existe un estudio de secuenciación genética de estas poblaciones.

Por último, debido a que los datos obtenidos de ADNmt revelan exclusivamente la historia genética materna de las poblaciones, es necesario comparar los datos del presente estudio con estudios de datos autosómicos y de cromosoma Y, estos últimos ya desarrollados por Caviedes Muñoz (2022) en el contexto del presente proyecto. En el estudio de análisis de cromosoma Y se encuentra como único linaje amerindio el Q1b, correspondiente a un 8,6% de la muestra total utilizada, este es un haplogrupo de aparición muy poco frecuente en Chile, encontrándose únicamente en población Huilliche en 3,8% (Reyes-Madrid et al., 2022). Este haplogrupo también se encuentra en otros países americanos como Paraguay con una frecuencia entre el 22 y el 29%, Argentina, Bolivia y Perú, en donde las frecuencias no superan el 7% (Bailliet et al., 2009; C. Sala et al., 2022; Sandoval et al., 2013). En el estudio de Caviedes Muñoz (2022) se observa entonces una frecuencia más alta para las comunidades agropastoriles en comparación a otras regiones de Chile y países vecinos. Encuentra una explicación en la repoblación masculina colonial con indígenas de distintas regiones, la baja tasa de inmigración y el aislamiento geográfico para la permanencia del haplogrupo Q1b en las comunidades.

En comparación con el estudio realizado en la presente tesis, llama la atención la coincidencia en el descubrimiento de haplogrupos raros para estas poblaciones. Así como también una distribución similar del haplogrupo de cromosoma Y Q1b con el haplogrupo de ADNmt B2o.

Conclusiones y Perspectivas futuras

La presente memoria se ha encargado de hacer una caracterización genética de las poblaciones agropastoriles a partir del análisis de la región hipervariable del ADN mitocondrial. Es importante destacar que es la primera caracterización del ADN mitocondrial de estas comunidades, así como también de cualquier población del valle del Limarí.

Se encuentra un posible nuevo sublinaje B2 + 143 y 165, y la presencia de haplotipos raros o poco comunes en las poblaciones chilenas como lo son B2d, C1b2, D1d2, B2o y B2v. Si bien es arriesgado generar hipótesis respecto a los tres primeros linajes, podemos establecer una relación a una probable migración de poblamiento original de la región, que haya contenido estos haplogrupos y los haya preservado en estas comunidades debido a la deriva génica.

En tanto los linajes B2o y B2v son coincidentes con linajes presentados en poblaciones nativas del Norte de Argentina. Esta perspectiva, en concordancia con las relaciones de estas comunidades con poblaciones argentinas Kolla y de Calingasta, presentan una discontinuidad en lo encontrado hasta ahora en los estudios de poblaciones chilenas.

Los datos entregados en el presente trabajo no hacen posible aceptar, ni rechazar, mi hipótesis inicial respecto a que el origen genético mitocondrial de las poblaciones agropastoras de la región de Coquimbo se encuentra en poblaciones nativas de la zona. Sin embargo, el escenario más probable es que el componente femenino de estas comunidades esté mayormente conformado por poblaciones nativas, esto en base al descubrimiento de haplotipos raros y posibles nuevos sublinajes, y al aislamiento genético de estas comunidades en comparación a otras poblaciones muestreadas cercanas.

No obstante, para contrastar esta hipótesis es precisa la comparación con ADN antiguo para buscar diversidad genética pre-contacto, dado que no hay análisis disponibles de población indígena de la zona en la actualidad. Así también, el estudio de ADN mitocondrial de otras comunidades agropastoriles o de localidades urbanas cercanas (como La Serena, Coquimbo, Ovalle o Los Vilos) puede dar más luces respecto al patrón de poblamiento y estructura de las comunidades. Particularmente considerando las barreras crípticas identificadas por Guerra Spencer (2019) dentro de las comunidades agropastoriles de la región, que posicionan a las comunidades del valle del Limarí como más aisladas que el resto de las comunidades. Este fenómeno podría insinuar que los patrones observados en las comunidades estudiadas pueden no necesariamente aplicarse de manera universal en las comunidades agropastoras de distintos valles.

De la misma manera, un estudio comparativo de las relaciones de estas comunidades con otras poblaciones del Norte de Argentina o poblaciones Kolla chilenas puede completar el mapa genético, con el fin de evaluar las hipótesis más afines a la conformación de estos grupos de crianceros.

Bibliografía

- Achilli, A., Perego, U. A., Bravi, C. M., Coble, M. D., Kong, Q. P., Woodward, S. R., Salas, A., Torroni, A., & Bandelt, H. J. (2008). The phylogeny of the four pan-American MtDNA haplogroups: Implications for evolutionary and disease studies. *PLoS ONE*, 3(3). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0001764>
- Achilli, A., Rengo, C., Magri, C., Battaglia, V., Olivieri, A., Scozzari, R., Cruciani, F., Zeviani, M., Briem, E., Carelli, V., Moral, P., Dugoujon, J.-M., Roostalu, U., Loogväli, E.-L., Kivisild, T., Bandelt, H.-J., Richards, M., Villems, R., Santachiara-Benerecetti, A. S., ... Torroni, A. (2004). The molecular dissection of mtDNA haplogroup H confirms that the Franco-Cantabrian glacial refuge was a major source for the European gene pool. *American Journal of Human Genetics*, 75(5), 910–918. <https://doi.org/10.1086/425590>
- Alexander, W. (2008). *Resiliency in Hostile Environments. A Comunidad Agrícola in Chile's Norte Chico* (Bethlehem:).
- Ampuero, G. (1989). La Cultura Diaguita Chilena. In *Prehistoria: Desde sus orígenes a los Albores de la conquista*. (Universita).
- Anderson, S., Bankier, A. T., Barrell, B. G., De Bruijn, M. H. L., Coulson, A. R., Drouin, J., Eperon, I. C., Nierlich, D. P., Roe, B. A., Sanger, F., Schreier, P. H., Smith, A. J. H., Staden, R., & Young, I. G. (1981). Sequence and organization of the human mitochondrial genome. *Nature*, 290(5806), 457–465. <https://doi.org/10.1038/290457a0>
- Aranda, X. (1971). Un tipo de ganadería tradicional en el Norte Chico: La Trashumancia. *Centro Demostrativo Corral de Julio-Dpto. de Geografía Universidad de Chile*.
- Arre Marfull, M. (2011). COMERCIO DE ESCLAVOS: MULATOS CRIOLLOS EN COQUIMBO O CIRCULACIÓN DE ESCLAVOS DE “REPRODUCCIÓN” LOCAL, SIGLOS XVIII-XIX. UNA PROPUESTA DE INVESTIGACIÓN . In *Cuadernos de historia (Santiago)* (pp. 61–91). scielocl .
- Bailliet, G., Ramallo, V., Muzzio, M., García, A., Santos, M. R., Alfaro, E. L., Dipierri, J. E., Salceda, S., Carnese, F. R., Bravi, C. M., Bianchi, N. O., & Demarchi, D. A. (2009). Brief communication: Restricted geographic distribution for Y-Q* paragroup in South America. *American Journal of Physical Anthropology*, 140(3), 578–582. <https://doi.org/10.1002/ajpa.21133>
- 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>
- Baptista Rosas, R. C., & Arreola Cruz, A. A. (2018). Variación del genoma mitocondrial en población mexicana contemporánea: beneficio del reanálisis a partir de bases de datos públicas. *Revista Espanola de Antropología Fisica*, 39(September 2018), 34–46.

- Barbieri, C., Heggarty, P., Castri, L., Luiselli, D., & Pettener, D. (2011). Mitochondrial DNA variability in the Titicaca basin: Matches and mismatches with linguistics and ethnohistory. *American Journal of Human Biology*, 23(1), 89–99. <https://doi.org/https://doi.org/10.1002/ajhb.21107>
- Bergström, A., Stringer, C., Hajdinjak, M., Scerri, E. M. L., & Skoglund, P. (2021). Origins of modern human ancestry. *Nature*, 590(7845), 229–237. <https://doi.org/10.1038/s41586-021-03244-5>
- Bodner, M., Perego, U. A., Gomez, J. E., Cerda-Flores, R. M., Rambaldi Migliore, N., Woodward, S. R., Parson, W., & Achilli, A. (2021). The Mitochondrial DNA Landscape of Modern Mexico. In *Genes* (Vol. 12, Issue 9). <https://doi.org/10.3390/genes12091453>
- Bodner, M., Perego, U. A., Huber, G., Fendt, L., Röck, A. W., Zimmermann, B., Olivieri, A., Gómez-Carballa, A., Lancioni, H., Angerhofer, N., Bobillo, M. C., Corach, D., Woodward, S. R., Salas, A., Achilli, A., Torroni, A., Bandelt, H. J., & Parson, W. (2012). Rapid coastal spread of First Americans: Novel insights from South America's Southern Cone mitochondrial genomes. *Genome Research*, 22(5), 811–820. <https://doi.org/10.1101/gr.131722.111>
- Brandini, S., Bergamaschi, P., Fernando Cerna, M., Gandini, F., Bastaroli, F., Bertolini, E., Cereda, C., Ferretti, L., Gómez-Carballa, A., Battaglia, V., Salas, A., Semino, O., Achilli, A., Olivieri, A., & Torroni, A. (2018). 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>
- Brown, M. D., Hosseini, S. H., Torroni, A., Bandelt, H. J., Allen, J. C., Schurr, T. G., Scozzari, R., Cruciani, F., & Wallace, D. C. (1998). mtDNA haplogroup X: An ancient link between Europe/western Asia and north America? *American Journal of Human Genetics*, 63(6), 1852–1861. <https://doi.org/10.1086/302155>
- Cantarutti Rebolledo, G. E., & Mera Moreno, R. (2004). ESTADIO FISCAL DE OVALLE: REDESCUBRIMIENTO DE UN SITIO DIAGUITA-INCA EN EL VALLE DEL LIMARÍ . In *Chungará (Arica)* (Vol. 36, pp. 833–845). scielocl .
- 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), e52–e55. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2013.01.007>
- Carmagnani, M. (1963). El salariado minero en Chile colonial. *Boletín de La Academia Chilena de La Historia*, 30, 307.
- Cartajena Fasting, I., Rivera, B., López, P., & Santander, B. (2015). Introducción de taxones domésticos y control de camélidos en el norte semiárido: variabilidad osteométrica en el Valle de Mauro, IV Región, Chile. *Revista Chilena de Antropología*, 0(30), 1–2. <https://doi.org/10.5354/0719-1472.2014.36280>
- Carvajal Lazo, H. (1990). Algunas Referencias Sobre La Lengua De Los Diaguitas

- Chilenos II Parte. *Logos: Revista de Lingüística, Filosofía y Literatura*, 0(2 SE-Artículos), 1–15.
- Casas Vargas, A. (2017). *Análisis microevolutivo de la población prehispánica del Norte del altiplano Cundiboyacense a partir de ADN mitocondrial en restos óseos antiguos*. Universidad Nacional de Colombia.
- Castillo Torres, D. (2021). *Contribución de la mujer indígena al poblamiento de la ciudad de San Carlos, Región de Ñuble. Análisis a partir de marcadores de ADN mitocondrial*. Universidad de Chile.
- Castro de Guerra, D., Figuera Pérez, C., Bravi, C. M., Saunier, J., Scheible, M., Irwin, J., Coble, M. D., & Rodríguez-Larralde, A. (2012). Sequence variation of mitochondrial DNA control region in North Central Venezuela. *Forensic Science International: Genetics*, 6(5), e131–e133. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2011.11.004>
- Castro E Silva, M. A., Ferraz, T., & Hünemeier, T. (2022). A genomic perspective on South American human history. *Genetics and Molecular Biology*, 45(3), 1–15. <https://doi.org/10.1590/1678-4685-GMB-2022-0078>
- Castro, M., & Bahamondes, M. (1986). Surgimiento y transformación del sistema comunitario: Las comunidades agrícolas, IV Región, Chile. *Ambiente y Desarrollo*, 11(1), 111–126.
- 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. <https://doi.org/10.1186/1471-2156-12-77>
- Caviedes Muñoz, A. (2022). *Análisis genético del cromosoma Y en Comunidades Agrícolas de la Región de Coquimbo, Chile*. Universidad Andrés Bello.
- Ciadella, N., & Dubroeuq, D. (2003). La trashumancia de cabras en Chile: Un modo de gestión adaptado a las zonas áridas. In P. Livenais & X. Aranda (Eds.), *Dinámicas de los sistemas agrarios en Chile árido: La región de Coquimbo* (Lom, p. 502).
- Clark, J., Carlson, A. E., Reyes, A. V., Carlson, E. C. B., Guillaume, L., Milne, G. A., Tarasov, L., Caffee, M., Wilcken, K., & Rood, D. H. (2022). The age of the opening of the Ice-Free Corridor and implications for the peopling of the Americas. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 119(14), e2118558119. https://doi.org/10.1073/PNAS.2118558119/SUPPL_FILE/PNAS.2118558119.SAPP.PDF
- Consejo Nacional de la Cultura y las Artes, G. de C. (2012). *Estudio diagnóstico del pueblo Colla*. (p. 192).
- Cornejo, L., Jackson, D., & Saavedra, M. (2016). Cazadores-recolectores arcaicos al sur del desierto (ca. 11.000 a 300 años a.C.). In F. Falabella, M. Uribe, L. Sanhueza, C. Aldunate, & J. Hidalgo (Eds.), *Prehistoria en Chile. Desde sus primeros habitantes*

hasta los Incas. (p. 738). Universitaria.

- Cortés, H. (2003). Evolución de la propiedad agraria en el Norte Chico (Siglos XVI-XIX). In P. Livenais & X. Aranda (Eds.), *Dinámicas de los sistemas agrarios en Chile árido: La región de Coquimbo* (Lom Edicio, p. 502).
- Cussen, C. (2016). Relato histórico de la formación del actual pueblo chileno. In S. Berrios Del Solar (Ed.), *El ADN de los chilenos y sus orígenes genéticos* (Editorial, pp. 17–34).
- de Saint Pierre Barrera, M., Faure Echeverría, M., & Morales, H. (2020). Análisis histórico genético de la población de la región de Antofagasta revela discontinuidad en la costa y valles interiores. *Estudios Atacameños*. <https://doi.org/10.22199/issn.0718-1043-2020-0007>
- 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>
- Dillehay, T. D., & Collins, M. B. (1988). Early cultural evidence from Monte Verde in Chile. *Nature* 1988 332:6160, 332(6160), 150–152. <https://doi.org/10.1038/332150a0>
- Dillehay, T. D., Ocampo, C., Saavedra, J., Sawakuchi, A. O., Vega, R. M., Pino, M., Collins, M. B., Cummings, L. S., Arregui, I., Villagran, X. S., Hartmann, G. A., Mella, M., González, A., & Dix, G. (2015). New archaeological evidence for an early human presence at Monte Verde, Chile. *PLoS ONE*, 10(11), 1–27. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0141923>
- Falabella, F., Uribe, M., Sanhueza, L., Aldunate, C., & Hidalgo, J. (316 C.E.). *Prehistoria en Chile: Desde sus primeros habitantes hasta los Incas*.
- Faure Echeverría, M. (2018). *Estructura genética mitocondrial en la Región de Antofagasta , Chile*. Universidad de Chile.
- Fehren-Schmitz, L., Harkins, K. M., & Llamas, B. (2017). A paleogenetic perspective on the early population history of the high altitude Andes. *Quaternary International*, 461, 25–33. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.quaint.2017.01.003>
- Flores-Alvarado, S., Orellana-Soto, M., & Moraga, M. (2022). Ancestry and admixture of a southernmost Chilean population: The reflection of a migratory history. *American Journal of Human Biology*, 34(1), e23598. <https://doi.org/https://doi.org/10.1002/ajhb.23598>
- Fuentes, M., Pulgar, I., Gallo, C., Bortolini, M. C., Canizales-Quinteros, S., Bedoya, G., González-José, R., Ruiz-Linares, A., & Rothhammer, F. (2014). Geografía génica de Chile. Distribución regional de los aportes genéticos Americanos, Europeos y Africanos. *Revista Médica de Chile*, 142(3), 281–289. <https://doi.org/10.4067/S0034-98872014000300001>
- Furnaro Lobos, A. (2015). *Nuevas dinámicas de territorialización en los Valles Agromineros de Chile: El caso del Choapa*. Universidad de Chile.

- Fuselli, S., Tarazona-Santos, E., Dupanloup, I., Soto, A., Luiselli, D., & Pettener, D. (2003). Mitochondrial DNA diversity in South America and the genetic history of andean highlanders. *Molecular Biology and Evolution*, 20(10), 1682–1691. <https://doi.org/10.1093/molbev/msg188>
- Gallardo Fernández, G. L. (2002). Communal land ownership in Chile: The agricultural communities in the commune of Canela, Norte Chico (1600-1998): The agricultural communities in the commune of Canela, Norte Chico (1600-1998). In *Communal Land Ownership in Chile: The Agricultural Communities in the Commune of Canela, Norte Chico (1600-1998): The Agricultural Communities in the Commune of Canela, Norte Chico (1600-1998)*. Ashgate Publishing. <https://doi.org/10.4324/9781315195919>
- Gallardo, M., & Garesse, R. (2012). Origen y evolución de la mitocondria: ADN mitocondrial y evolución humana. In *Monografías de la Real Academia Nacional de Farmacia*.
- 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>
- Gasco, A. (2014). Las arqueofaunas del alero arq-18 (San Juan, Argentina): aprovechamiento de camélidos silvestres y domésticos durante el Holoceno medio y tardío. *Arqueología de Ambientes de Altura de Mendoza y San Juan (Argentina)*2, 18, 171–202.
- Gili, F., González Carvajal, P., & Pérez de Arce, J. (2023). Chamanismo, ontologías del arte y transc corporalidad: puentes entre el arte Diaguita y los bailes chinos en el norte semiárido chileno. *Boletín Del Museo Chileno de Arte Precolombino*, 28(1), 119–140. <https://doi.org/10.56522/BMCHAP.0080010280003>
- Gobierno Regional de coquimbo, G. de C. (2020). *Resumen Ejecutivo: Estudio Caracterización de la Población Migrante en la Región de Coquimbo*.
- Gómez-Carballa, A., Catelli, L., Pardo-Seco, J., Martínón-Torres, F., Roewer, L., Vullo, C., & Salas, A. (2015). The complete mitogenome of a 500-year-old Inca child mummy. *Scientific Reports*, 5, 1–11. <https://doi.org/10.1038/srep16462>
- Gómez-Carballa, A., Moreno, F., Álvarez-Iglesias, V., Martínón-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., Alvarez-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 Research*, 28(6), 767–779. <https://doi.org/10.1101/GR.234674.118/-/DC1>

- Gonçalves, V. F., Parra, F. C., Gonçalves-Dornelas, H., Rodrigues-Carvalho, C., Silva, H. P., & Pena, S. D. J. (2010). Recovering mitochondrial DNA lineages of extinct Amerindian nations in extant homopatric Brazilian populations. *Investigative Genetics*, 1(1), 1–11. <https://doi.org/10.1186/2041-2223-1-13/TABLES/3>
- González, P. (2016). La tradición del arte chamánico Shipibo-Conibo (amazonía peruana) y su relación con la cultura Diaguita chilena . In *Boletín del Museo Chileno de Arte Precolombino* (Vol. 21, pp. 27–47). scielocl .
- Greenberg, J. H. (1987). *Language in the Americas*. Stanford University Press.
- Guerra Spencer, J. (2019). *Estructura genética y barreras al flujo Génico en las comunidades agrícolas de la Región de Coquimbo con el Método de Monmonier*. Universidad de Chile.
- Hamelin, P. (2003). Poblamiento de la región de Coquimbo: El rol de las migraciones. In P. Livenais & X. Aranda (Eds.), *Dinámicas de los sistemas agrarios en Chile árido: La región de Coquimbo2* (LOM).
- Hevilla, M. C., & Molina, M. (2010). Trashumancia y nuevas moviidades en la frontera argentino-chilena de los andes centrales. *Revista Transporte y Territorio*, 3, 40–58.
- Hoffecker, J. F., & Elias, S. A. (2007). Human Ecology of Beringia. *Human Ecology of Beringia*. <https://doi.org/10.7312/HOFF13060/HTML>
- Jackson, D., Méndez, C., & Aspillaga, E. (2012). Human Remains Directly Dated to the Pleistocene- Holocene Transition Support a Marine Diet for Early Settlers of the Pacific Coast of Chile. *Journal of Island and Coastal Archaeology*, 7(3), 363–377. <https://doi.org/10.1080/15564894.2012.708009>
- Jackson, D., Méndez, C., Seguel, R., Maldonado, A., & Vargas, G. (2007). Initial occupation of the Pacific Coast of Chile during late Pleistocene times. *Current Anthropology*, 48(5), 725–731. <https://doi.org/10.1086/520965>
- Johnson, D. L. (1993). *Adaptive Strategies in African Arid Lands*. JSTOR.
- Kelly, P. (2017). *San Pedro Viejo de Pichasca : síntesis y discusiones*. 2017, 26.
- Kgosikoma, K. R., Lekota, P. C., & Kgosikoma, O. E. (2018). Agro-pastoralists' determinants of adaptation to climate change. *International Journal of Climate Change Strategies and Management*, 10(3), 488–500. <https://doi.org/10.1108/IJCCSM-02-2017-0039>
- 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>
- López M, P., Cartajena, I., Santander, B., Pavlovic, B. D., & Pascual, D. (2015). Camélidos domésticos en el Valle de Mauro (Norte Semiárido, Chile): múltiples análisis para un

- mismo problema. *Intersecciones En Antropología*, 16(1), 101–114.
- Mellafe, R. (1984). *La introducción a la esclavitud negra en Chile: Tráfico y rutas* (Universida).
- Méndez, C., & Jackson, D. (2015). Terminal pleistocene lithic technology and use of space in central chile. *Chungara*, 47(1), 53–66. <https://doi.org/10.4067/s0717-73562015005000001>
- Montalva Rivera, N. A. (2014). *Adaptation to milk drinking and evolution of lactase persistence in pastoralist goat herders in central-northern Chile [Tesis]*. June, 196.
- Montané, J., & Bahamondes, R. (1973). UN NUEVO SITIO PALEO-INDIO EN LA PROVINCIA DE COQUIMBO, CHILE UN NOUVEAU SITE PALEO-INDIEN DANS LA PROVINCE DE COQUIMBO, CHILI. *Publicaciones Del Museo Arqueológico de La Serena*, 15, 215–222.
- Moraga, M. L., Llop, E., Carvallo, P., & Rothhammer, F. (2004). Polimorfismos de ADN mitocondrial. In F. Rothhammer & E. Llop (Eds.), *Poblaciones Chilenas: Cuatro décadas de investigaciones bioantropológicas*. Editorial Universitaria.
- Moraga, M. L., Rocco, P., Miquel, J. F., Nervi, F., Llop, E., Chakraborty, R., Rothhammer, F., & Carvallo, P. (2000). Mitochondrial DNA polymorphisms in Chilean aboriginal populations: Implications for the peopling of the southern cone of the continent. *American Journal of Physical Anthropology*, 113(1), 19–29. [https://doi.org/10.1002/1096-8644\(200009\)113:1<19::AID-AJPA3>3.0.CO;2-X](https://doi.org/10.1002/1096-8644(200009)113:1<19::AID-AJPA3>3.0.CO;2-X)
- Moraga, M., Pierre, M. de Saint, Torres, F., & Ríos, J. (2010). Kinship by maternal via between the last descendants of kawéskar ethnicity and burials in the patagonian channels: Evidence from the study of mitochondrial lineages. *Magallania*, 38(2), 103–114. <https://doi.org/10.4067/s0718-22442010000200006>
- Moraga, Pezo, P., & de Saint Pierre Barrera, M. (2017). El genoma de herencia uniparental en el estudio de las poblaciones fundadoras. In S. Berrios del Solar (Ed.), *El ADN de los chilenos y sus orígenes genéticos*. Editorial Universitaria.
- Morales-Arce, A. Y., Hofman, C. A., Duggan, A. T., Benfer, A. K., Anne, M., Cafferty, G. M., & Warinner, C. (2017). *Successful reconstruction of whole mitochondrial genomes from ancient Central America and Mexico*. 1–13. <https://doi.org/10.1038/s41598-017-18356-0>
- Motti, J. (2012). *Caracterización de linajes maternos en la población actual del Noroeste y Centro-oeste argentinos*. Universidad Nacional de La Plata.
- Motti, J. M. B., Schwab, M. E., Beltramo, J., Jurado-Medina, L. S., Muzzio, M., Ramallo, V., Bailliet, G., & Bravi, C. M. (2017). Diferenciación regional de poblaciones nativas de América a partir del análisis de los linajes maternos. *Intersecciones En Antropología*, 18(3), 271–282.
- Nakatsuka, N., Lazaridis, I., Barbieri, C., Llamas, B., Reich, D., Fehren-schmitz, L., Nakatsuka, N., Lazaridis, I., Barbieri, C., Skoglund, P., Rohland, N., Mallick, S., Michel, M., & Stewardson, K. (2020). *Article A Paleogenomic Reconstruction of the*

Deep Population History of the Andes Article A Paleogenomic Reconstruction of the Deep Population History of the Andes. 1–15.
<https://doi.org/10.1016/j.cell.2020.04.015>

Nieves-Colón, M. A., Pestle, W. J., Reynolds, A. W., Llamas, B., de la Fuente, C., Fowler, K., Skerry, K. M., Crespo-Torres, E., Bustamante, C. D., & Stone, A. C. (2020). Ancient DNA Reconstructs the Genetic Legacies of Precontact Puerto Rico Communities. *Molecular Biology and Evolution*, 37(3), 611–626.
<https://doi.org/10.1093/molbev/msz267>

Núñez, L., Varela, J., & Casamiquela, R. (1987). Ocupación paleoindia en el centro-norte de Chile: adaptación circunlacustre en las tierras bajas. *Estudios Atacameños. Arqueología y Antropología Surandinas.*, 181(8), 137–181.
<https://doi.org/10.22199/s07181043.1987.0008.00010>

Ovalle Letelier, A. (2020). Tradición , pujanza liberal y compromiso patriótico: Instrucción pública y guerras nacionales en la provincia de Coquimbo, Siglo XIX. In A. Cartes Montory (Ed.), *Región y Nación. La construcción provincial de Chile. Siglo XIX* (Universita, p. 468).

Pakendorf, B., & Stoneking, M. (2005). Mitochondrial DNA and human evolution. *Annual Review of Genomics and Human Genetics*, 6, 165–183.
<https://doi.org/10.1146/annurev.genom.6.080604.162249>

Pala, M., Olivieri, A., Achilli, A., Accetturo, M., Metspalu, E., Reidla, M., Tamm, E., Karmin, M., Reisberg, T., Kashani, B. H., Perego, U. A., Carossa, V., Gandini, F., Pereira, J. B., Soares, P., Angerhofer, N., Rychkov, S., Al-Zahery, N., Carelli, V., ... Richards, M. B. (2012). Mitochondrial DNA signals of late glacial recolonization of Europe from near eastern refugia. *American Journal of Human Genetics*, 90(5), 915–924.
<https://doi.org/10.1016/j.ajhg.2012.04.003>

Peralta, M. (1978). Procesos y áreas de desertificación en Chile Continental. *Ciencias Forestales*, 1(1), 41–46.

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>

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.
<https://doi.org/10.1002/ajpa.24513>

Pinotti, T., Bergström, A., Geppert, M., Bawn, M., Ohasi, D., Shi, W., Lacerda, D. R., Solli, A., Norstedt, J., Reed, K., Dawtry, K., González-Andrade, F., Paz-y-Miño, C., Revollo, S., Cuellar, C., Jota, M. S., Santos, J. E., Ayub, Q., Kivisild, T., ... Tyler-Smith, C.

- (2019). Y Chromosome Sequences Reveal a Short Beringian Standstill, Rapid Expansion, and early Population structure of Native American Founders. *Current Biology*, 29(1), 149-157.e3. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2018.11.029>
- Pitulko, V. V., Nikolsky, P. A., Giry, E. Y., Basilyan, A. E., Tumskoy, V. E., Koulakov, S. A., Astakhov, S. N., Pavlova, E. Y., & Anisimov, M. A. (2004). The Yana RHS Site: Humans in the Arctic before the Last Glacial Maximum. *Science*, 303(5654), 52–56. https://doi.org/10.1126/SCIENCE.1085219/SUPPL_FILE/PITULKO.SOM.PDF
- Posth, C., Nakatsuka, N., Lazaridis, I., Skoglund, P., Mallick, S., Lamnidis, T. C., Rohland, N., Nägele, K., Adamski, N., Bertolini, E., Broomandkhoshbacht, N., Cooper, A., Culleton, B. J., Ferraz, T., Ferry, M., Furtwängler, A., Haak, W., Harkins, K., Harper, T. K., ... Reich, D. (2018). Reconstructing the Deep Population History of Central and South America. *Cell*, 175(5), 1185-1197.e22. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2018.10.027>
- Quinque, D., Kittler, R., Kayser, M., Stoneking, M., & Nasidze, I. (2006). Evaluation of saliva as a source of human DNA for population and association studies. *Analytical Biochemistry*, 353(2), 272–277. <https://doi.org/10.1016/j.ab.2006.03.021>
- Quiroz, D., & Jeria, Y. (2010). Etnogénesis e identidad cultural entre los grupos Colla de la Cordillera de Atacama. *Boletín Del Museo Regional de Atacama*, 25.
- Reyes-Madrid, M., Flores-Alvarado, S., Pezo-Valderrama, P., Orellana-Soto, M., Apata, M., Moraga, M., & de Saint Pierre, M. (2022). An approach on the migratory processes in the north of Chile based on Y chromosome analysis. *American Journal of Human Biology: The Official Journal of the Human Biology Council*, 34(7), e23736. <https://doi.org/10.1002/ajhb.23736>
- Rothhammer, F., & Dillehay, T. D. (2009). The late pleistocene colonization of South America: An interdisciplinary perspective. In *Annals of Human Genetics* (Vol. 73, Issue 5, pp. 540–549). John Wiley & Sons, Ltd. <https://doi.org/10.1111/j.1469-1809.2009.00537.x>
- 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), 17559. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-54146-6>
- Sala, C., Paz Sepulveda, P. B., Cuello, M., Schwab, M., Jurado Medina, L. S., Motti, J. M. B., Santos, M. R., Aquilano, E., Martín Alva, E. A., Mejía Porturas, M., León Torres, C. A., Alfaro Gómez, E. L., Dipierri, J. E., Demarchi, D. A., Muzzio, M., Bravi, C. M., & Bailliet, G. (2022). Análisis de los linajes paternos en la ciudad de Trujillo, Perú. *RUNA, Archivo Para Las Ciencias Del Hombre*, 43(2), 173–190. <https://doi.org/10.34096/runa.v43i2.10667>
- Salas, A., Richards, M., Lareu, M.-V., Scozzari, R., Coppa, A., Torroni, A., Macaulay, V., & Carracedo, Á. (2004). The African Diaspora: Mitochondrial DNA and the Atlantic Slave Trade. *The American Journal of Human Genetics*, 74(3), 454–465. <https://doi.org/https://doi.org/10.1086/382194>

- Sanchez Dinamarca, A. (2018). *La gestión comunitaria comunitariade la tierra y el agua como mecanismo de resistencia y reproducción campesina en el sistema neoliberal: El caso de las comunidades agrícolas de las provincias de Choapa y Limarí, Región de Coquimbo, Chile*. Universidad de Tarapacá.
- 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., & Consortium, T. G. P. (2013). The Genetic History of Indigenous Populations of the Peruvian and Bolivian Altiplano: The Legacy of the Uros. *PLOS ONE*, 8(9), e73006.
- Sandoval, J. R., Revollo, S., Cuellar, C., Lacerda, D. R., Jota, M. S., Fujita, R., & Santos, F. R. (2023). Genetic portrait of the Amazonian communities of Peru and Bolivia: The legacy of the Takanan-speaking people. *Annals of Human Genetics*, n/a(n/a). <https://doi.org/https://doi.org/10.1111/ahg.12510>
- Sanhueza, L., Baudet, D., Jackson, D., & Contreras, L. (2003). La cultura Agrelo-Calingasta en el Choapa. *Revista Werken*, 5, 47–52.
- Santander, A. (1993). *Contribución al Estudio del Impacto de la Economía Minero-Cuprífera en el Desmonte o Tala de la Vegetación Arbórea y Arbustiva, 1601-1900*. Ovalle-Illapel.
- Stehberg, R. (1992). *Instalaciones incaicas en el norte y centro semiárido de Chile*. Universidad Nacional de La Plata. Facultad de Ciencias Naturales y Museo.
- Stoneking, M. (1994). Mitochondrial DNA and human evolution. *Journal of Bioenergetics and Biomembranes*, 26(3), 251–259. <https://doi.org/10.1007/BF00763097>
- Sutter, R. C. (2021). The Pre-Columbian Peopling and Population Dispersals of South America. *Journal of Archaeological Research*, 29(1), 93–151. <https://doi.org/10.1007/S10814-020-09146-W/METRICS>
- Taboada-Echalar, P., Álvarez-Iglesias, V., Heinz, T., Vidal-Bralo, L., Gómez-Carballa, A., Catelli, L., Pardo-Seco, J., Pastoriza, A., Carracedo, Á., Torres-Balanza, A., Rocabado, O., Vullo, C., & Salas, A. (2013). The Genetic Legacy of the Pre-Colonial Period in Contemporary Bolivians. *PLOS ONE*, 8(3), e58980.
- 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), e829. <https://doi.org/10.1371/JOURNAL.PONE.0000829>
- Troncoso, A. (2022). Relational Communities, Leaders and Social Reproduction: Discussing the Engagement between Tawantinsuyu and Local Communities in the Southern Part of Collasuyu. In F. M. Hayashida, A. Troncoso, & D. Salazar (Eds.), *Rethinking the Inka empire: Perspectives from the south* (p. 328). University of Texas Press.
- Troncoso, A., Armstrong, F., Vergara, F., Ivanovic, F., & Urzúa, P. (2020). Nurturing and

Balancing the World: A Relational Approach to Rock Art and Technology from North Central Chile (Southern Andes). *Cambridge Archaeological Journal*, 30(2), 239–255. <https://doi.org/10.1017/S0959774319000581>

Troncoso, A., Cantarutti, G., & González, P. (2016). Desarrollo histórico y variabilidad espacial de las comunidades alfareras del NORte Semiárido (ca. 300 años a.C. a 1450 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*. (p. 737).

Uribe, M., & Sánchez, R. (2016). Los incas en Chile. Aportes de la arqueología chilena a la historia del Tawantinsuyo (ca. 1.400 a 1.536 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*. (Universita, p. 737).

Waters, M. R., & Stafford, T. W. (2007). Redefining the age of Clovis: Implications for the peopling of the Americas. *Science*, 315(5815), 1122–1126. https://doi.org/10.1126/SCIENCE.1137166/SUPPL_FILE/WATERS_SOM.PDF

Xavier, C., Builes, J. J., Gomes, V., Ospino, J. M., Aquino, J., Parson, W., Amorim, A., Gusmão, L., & Goios, A. (2015). Admixture and Genetic Diversity Distribution Patterns of Non-Recombining Lineages of Native American Ancestry in Colombian Populations. *PLOS ONE*, 10(3), e0120155.

Zheng, H. X., Yan, S., Qin, Z. D., & Jin, L. (2012). MtDNA analysis of global populations support that major population expansions began before Neolithic Time. *Scientific Reports*, 2. <https://doi.org/10.1038/srep00745>

Anexos

Anexo 1: Estado de las muestras analizadas en la región de Coquimbo

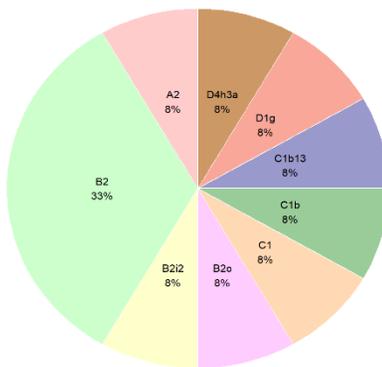
ID	Estado	ID	Estado	ID	Estado
DV002	Completa	PQ023	Completa	PQ020	Confusa
DV004	Completa	PQ025	Completa	PQ021	Confusa
DV005	Completa	PQ026	Completa	PQ032	Confusa
DV006	Completa	PQ028	Completa	PQ039	Confusa
EA003	Completa	PQ031	Completa	PQ050	Confusa
EA005	Completa	PQ035	Completa	PQ051	Confusa
EA006	Completa	PQ036	Completa	PQ052	Confusa
EA009	Completa	PQ037	Completa	RP003	Confusa
EA010	Completa	PQ038	Completa	DV001	Incompleta
EA011	Completa	PQ040	Completa	DV003	Incompleta
MQ001	Completa	PQ042	Completa	DV007	Incompleta
MQ002	Completa	PQ043	Completa	EA001	Incompleta
MQ006	Completa	PQ045	Completa	EA002	Incompleta
MQ007	Completa	PQ046	Completa	EA004	Incompleta
MQ008	Completa	PQ047	Completa	EA007	Incompleta
MQ009	Completa	PQ053	Completa	EA008	Incompleta
MQ010	Completa	PQ054	Completa	EA012	Incompleta
MQ011	Completa	PQ055	Completa	MQ005	Incompleta
MQ012	Completa	PQ056	Completa	PQ003	Incompleta
MQ014	Completa	RP001	Completa	PQ006	Incompleta
MQ015	Completa	RP005	Completa	PQ024	Incompleta
MQ016	Completa	RP006	Completa	PQ027	Incompleta
MQ018	Completa	RP007	Completa	PQ029	Incompleta
MQ019	Completa	RP008	Completa	PQ030	Incompleta
MQ022	Completa	RP009	Completa	PQ033	Incompleta
PQ001	Completa	RP010	Completa	PQ034	Incompleta
PQ002	Completa	RP011	Completa	PQ041	Incompleta
PQ005	Completa	RP012	Completa	PQ049	Incompleta
PQ007	Completa	RP013	Completa	RP004	Incompleta
PQ008	Completa	MQ004	Confusa	MQ003	No amplifica
PQ009	Completa	MQ017	Confusa	MQ013	No amplifica
PQ011	Completa	MQ020	Confusa	PQ012	No amplifica
PQ014	Completa	MQ021	Confusa	PQ016	No amplifica
PQ017	Completa	PQ004	Confusa	PQ044	No amplifica
PQ018	Completa	PQ010	Confusa	PQ048	No amplifica
PQ019	Completa	PQ013	Confusa	PQ057	No amplifica
PQ022	Completa	PQ015	Confusa	RP002	No amplifica

Anexo 2: Frecuencia de haplogrupos en la región de Coquimbo.

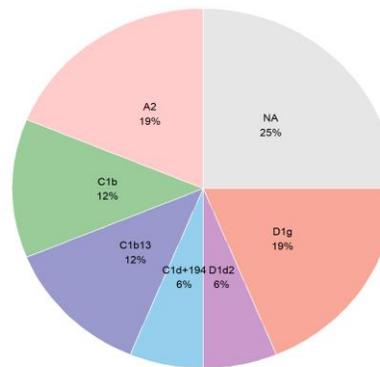
Haplogrupo	Frecuencia	Porcentaje
A2	6	6,90%
B2	12	13,79%
B2d	1	1,15%
B2i2	3	3,45%
B2i2b	1	1,15%
B2o	1	1,15%
B2v	2	2,30%
C1	1	1,15%
C1b	11	12,64%
C1b13	13	14,94%
C1b2	1	1,15%
C1d+194	4	4,60%
D1d2	3	3,45%
D1g	6	6,90%
D1g1	2	2,30%
D1g1b	1	1,15%
D1g2	1	1,15%
D1g2a	1	1,15%
D1g5	1	1,15%
D1g6	1	1,15%
D1j	3	3,45%
D4h3a	6	6,90%
H	1	1,15%
H1ap1	1	1,15%
H22	1	1,15%
L3f1b4	2	2,30%
T2b	1	1,15%
TOTAL	87	

Anexo 3: Gráficos de porcentaje de sublinajes amerindios en las comunidades estudiadas.

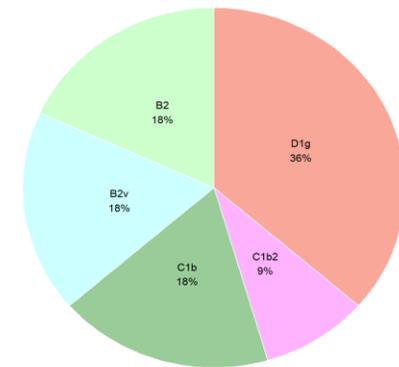
Sublinajes amerindios de El Altar



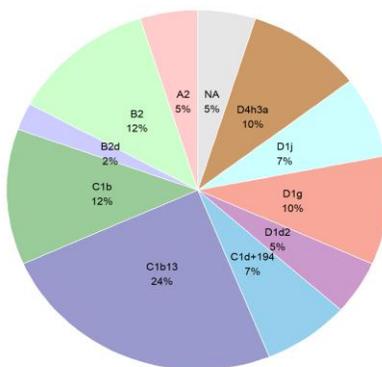
Sublinajes amerindios de Manquehua



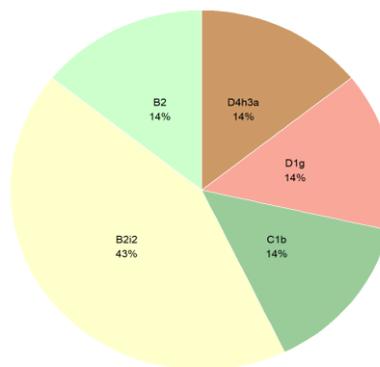
Sublinajes amerindios de Rinconada de Punitaqui



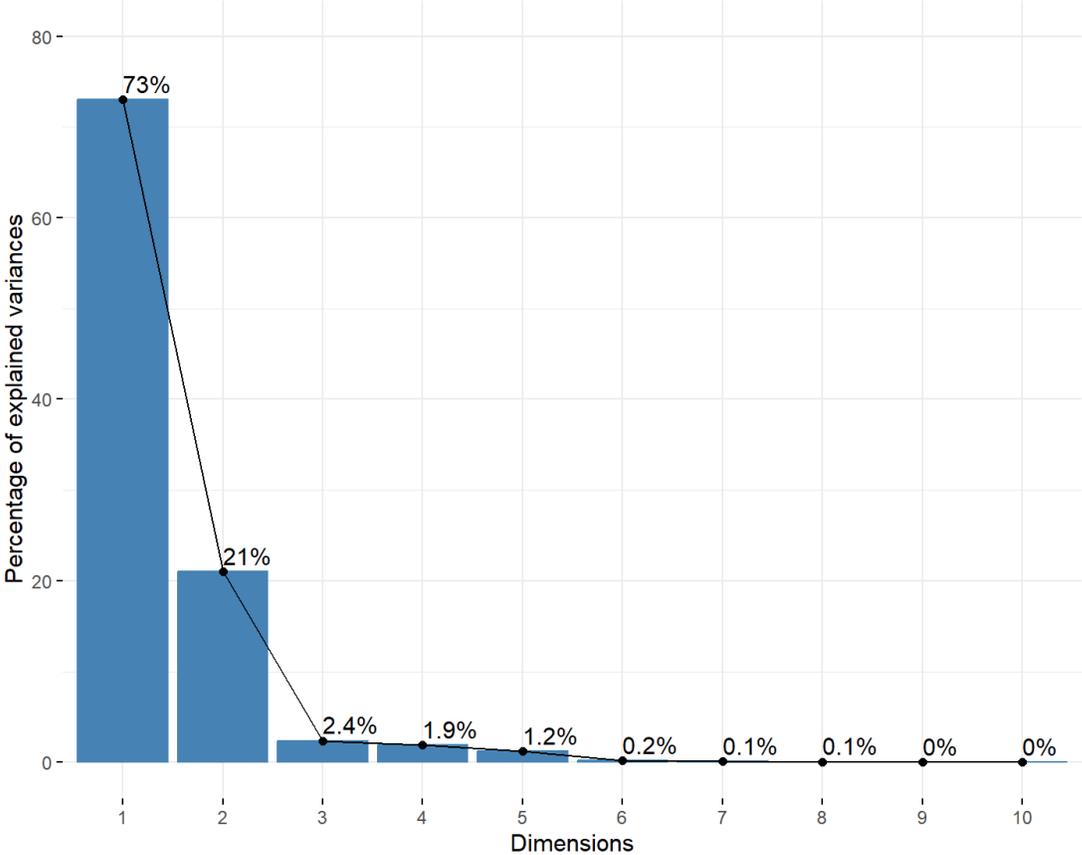
Sublinajes amerindios de Punitaqui



Sublinajes amerindios de El Divisadero



Anexo 4: Contribución de las dimensiones a explicar los datos.



Anexo 5: Tabla de comparación de frecuencias de haplogrupos de poblaciones nativas de Chile con las comunidades agropastoras.

Grupos/haplogrupos	n	A2%	B2%	B2ai%	B2aj%	B2d%	B2i2%	B2o%	B2v%	B2y%	B2-455+T%	C1%	C1b%	C1b13%	C1b2%	C1d +194%	D1%	D1d2%	Dij%	D1g%	D4h3a%
Aimara	39	5,10	10,30	5,10	28,20	0,00	0,00	0,00	0,00	5,10	15,40	0,00	7,70	0,00	0,00	0,00	15,40	0,00	2,60	2,60	2,60
Atacameño	28	25,00	25,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	21,43	0,00	7,14	3,60	0,00	0,00	3,60	0,00	3,60	0,00	0,00
Comunidades agrícolas	87	6,90	15,80	0,00	0,00	1,15	4,60	1,15	2,30	0,00	0,00	1,20	12,60	14,90	1,15	4,60	0,00	3,45	3,50	14,94	6,90
Huilliche	61	9,80	0,00	0,00	0,00	0,00	24,60	0,00	0,00	0,00	0,00	1,60	3,30	13,10	0,00	0,00	3,30	0,00	0,00	36,10	3,30
Pehuenche	42	7,10	0,00	0,00	0,00	0,00	26,20	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	28,60	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	38,10	0,00
Mapuche	19	0,00	10,50	0,00	0,00	0,00	26,30	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	15,80	26,30	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	15,80	5,30

Anexo 6: Tabla de comparación de frecuencias de haplogrupos de poblaciones mestizas de Chile con las comunidades agropastoras.

Grupos/haplogrupos	n	A2%	B2%	B2ai%	B2aj%	B2d%	B2i2%	B2o%	B2v%	B2y%	B2-16188 %	B2-455+T%	C1%	C1b%	C1b8 %	C1b13%	C1b2%	C1d1%	C1d +194%	D1%	D1d2%	D1g %	Dij%	D4h3a%
Iquique	73	11,00	8,20	1,40	2,70	0,00	21,90	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	4,10	9,60	1,40	15,10	0,00	5,50	0,00	0,00	0,00	9,60	2,70	2,70
Antofagasta	64	25,00	25,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	21,43	0,00	7,14	0,00	3,60	0,00	0,00	0,00	3,60	0,00	0,00	3,60	0,00
Calama	60	13,33	13,33	1,67	10,00	0,00	18,33	0,00	0,00	5,00	0,00	3,33	1,67	6,67	0,00	6,67	0,00	1,67	0,00	5,00	0,00	8,33	3,33	0,00
Comunidades agrícolas	87	6,90	15,80	0,00	0,00	1,15	4,60	1,15	2,30	0,00	0,00	0,00	1,20	12,60	0,00	14,90	1,15	0,00	4,60	0,00	3,45	14,94	3,50	6,90
Valparaíso- Viña	26	7,69	19,23	0,00	0,00	0,00	11,54	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	3,85	0,00	3,85	0,00	7,70	0,00	0,00	0,00	19,20	0,00	7,70
Santiago	188	6,90	6,40	0,00	0,00	0,00	17,60	0,00	0,00	0,00	1,60	0,00	1,10	7,40	0,50	19,10	0,00	1,10	0,00	3,70	0,00	18,10	0,00	3,20
Concepción	112	5,40	7,10	0,00	0,00	0,00	17,90	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	3,60	0,90	19,60	0,00	1,80	0,00	2,70	0,00	24,10	0,00	0,90
Temuco	90	7,80	2,20	0,00	0,00	0,00	23,30	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	2,20	4,40	0,00	28,90	0,00	0,00	0,00	4,40	0,00	16,70	0,00	2,20

Anexo 7: Tabla con las secuencias incompletas del D-loop del ADN mitocondrial para las poblaciones en este estudio.

ID	Comunidad	Haplogrupo	HV1 (16024-16544)	HV2 (57-372)	HV3 (438-574)	rango	Observaciones
DV001	Divisadero	B2	16183C 16189 () 16217 16519	73 207 263 315+C	470 499	hasta 560	Falta entre 16194 -16211
EA001	El Altar	B2	16183C 16189 () 16519	73 152 263 315+C	499	hasta 573	Falta entre 16192-16246
EA007	El Altar	B2	16183C 16189 () 16217 16519	73 152 263 315+C	499 522dd	hasta 556	Falta entre 16194-16230
PQ029	Punitaqui	B2	16183C 16189 16241 16257 16289 16298 16519	73 143 263 309+CC 315+C	()		Falta HVIII
PQ030	Punitaqui	B2	16092 16126 16182C 16183C 16189	73 152 309+CC	()		Falta HVIII
EA008	El Altar	B2	16183C 16189 () 16257 16289 16519	73 143 263 278 309+CC	499	hasta 574	Falta entre 16208 - 16304
PQ024	Punitaqui	B2	16093 16163 16183C 16189 () 16193+C 16217 16221 16309 16519	73 143 263 315+C	499	hasta 500	Falta entre 16194- 16222
PQ027	Punitaqui	B2	16163 16206 16183C 16189 () 16217 16309 16519	73 143 263 309+C 315+C	499	hasta 576	Falta entre 16193-16220
PQ049	Punitaqui	B2	16163 16183C 16189 () 16309 16519	73 143 309+C 315+C	499	hasta 620	Falta entre 16193-16221
EA004	El Altar	B2 + 263	16183C 16189 () 16217 16519	73 143 146 165 263 309+CC 315+C	499	hasta 573	Falta entre 16194-16229
DV003	Divisadero	B2i2	16183C 16189 () 16207 16217 16291 16519	73 263 309+C 315+C	470 499	hasta 16194 y 16232-560	Falta entre 16194-16220
DV007	Divisadero	B2i2	16183C 16189 () 16207 16217 16291 16519	73 263 309+C 315+C	470 499	hasta 566	Falta entre 16194-16220
EA012	El Altar	B2i2b	16183C 16189 () 16217 16519	73 207 263 309+C 315+C	470 499	hasta 570	Falta entre 16194 - 16213

EA002	El Altar	B2o	16092 16126 16182C 16183C 16189 () 16214 16217 16355A 16519	73 152 309+CC	499	hasta 556	Falta entre 16194-16290
PQ006	Punitaqui	C1b	16183C 16189 () 16223 16298 16325 16327	73 249d 263 290dd 315+C	489 493 523d 525d	hasta 600	Falta 16194- 16225
PQ041	Punitaqui	D1d2	16093 16189 () 16241 16218 16223 16311 16325 16362	73 263 309+C 315+C	489	hasta 590	Falta entre 16193-16227
PQ034	Punitaqui	D1g	16187 16223 16362	73 263	()		Falta HVIII
PQ003	Punitaqui	D1g1b	16044G 16187 16189 16245 16252 16325 16362 16390	73 146 152 263 ()	() 489		Falta entre 316-400
MQ005	Manquehu a	H	16145 16222 16519	73 ()	()		Falta HVIII
PQ033	Punitaqui	H22	16145 16222 16519	171d 263	()	hasta 273	Falta HVIII

Anexo 8: Tabla con las secuencias completas del D-loop del ADN mitocondrial para las poblaciones en este estudio.

ID	Comunidad	Haplogrupo	HV1 (16024-16544)	HV2 (57-372)	HV3 (438-574)	rango
EA005	El Altar	A2	16111 16223 16290 16294 16319 16362 16519G	64 73 146 153 235 263 315+C	498d 511d	16024 - 553
MQ008	Manquehua	A2	16111 16223 16290 16319 16362	64 73 146 153 235 263 309+C 315+C	523d	16024 - 543
MQ009	Manquehua	A2	16111 16223 16290 16311 16319 16362	64 73 146 153 199 214 235 263 345	523d	16024 - 553
MQ019	Manquehua	A2	16111 16290 16294 16319 16362 16519	64 73 146 153 235 263 315+C	523d	16024 - 576
PQ014	Punitaqui	A2	16111 16290 16319 16325 16362 16512	73 146 153 263 309+CC 315+C	522dd	16024 - 614
PQ019	Punitaqui	A2	16111 16223 16290 16319 16362	64 73 146 153 235 263 309+C 315+C	522dd	16024 - 539
RP001	Rinconada Punitaqui	B2 + 263	16189 16217 16223 16519	73 143 146 165 263 315+C	499	16024 - 570
RP009	Rinconada Punitaqui	B2 + 263	16183C 16189 16217 16519	73 143 146 165 263 315+C	499	16024 - 576
PQ009	Punitaqui	B2d	16183C 16189 16193+C 16217 16519	73 152 263 315+C	498d 499	16024 - 600
DV002	Divisadero	B2i2	16183C 16189 16217 16291 16519	73 263 309+C 315+C	470 499	16024 - 564
RP004	Rinconada Punitaqui	B2v	16140 16182C 16183C 16189 16217 16287 16318 16437 16519	73 263 309+C 315+C	499 523d 525d	16024 - 560
RP008	Rinconada Punitaqui	B2v	16140 16182C 16183C 16189 16217 16287 16318 16437 16519	73 263 309+C 315+C	499 523d	16024 - 576
EA003	El Altar	C1	16223 16298 16325 16327	73 152 249d 263 290dd	489 523d	16024 - 553
DV006	Divisadero	C1b	16156 16223 16298 16325 16327	73 146 207 249d 263 290dd 315+C 361+A	489 493 523d	16024 - 553
EA009	El Altar	C1b	16093 16223 16298 16302 16325 16327 16519	73 201 249d 263 290dd 309+CC 315+C	489 493 523d	16024 - 539
MQ007	Manquehua	C1b	16093 16192 16223 16298 16302 16325 16327 16519	73 201 249d 263 290dd 309+C 315+C	489 493 523d	16024 - 553

MQ018	Manquehua	C1b	16093 16183C 16189 16223 16298 16325 16327	73 249d 263 290dd 315+C	489 493 523d	16024 - 636
PQ007	Punitaqui	C1b	16093 16192 16223 16298 16302 16325 16327 16519	73 201 249d 263 290dd 309+C 315+C	489 493 523d	16024 - 600
PQ036	Punitaqui	C1b	16156 16223 16298 16325 16327	73 146 207 249d 263 290dd 309+C 315+C	489 493 523d	16024 - 553
PQ045	Punitaqui	C1b	16156 16223 16289 16325 16327	73 146 207 249d 263 290dd 309+CC 315+C	489 493 523d	16024 - 553
PQ047	Punitaqui	C1b	16093 16192 16223 16298 16302 16325 16327 16519	73 201 249d 263 290dd 309+C 315+C	489 493 523d	16024 - 553
RP010	Rinconada Punitaqui	C1b	16156 16223 16298 16325 16327	73 146 207 234 249d 263 290dd 309+C 315+C	489 493	16024 - 576
RP012	Rinconada Punitaqui	C1b	16156 16223 16298 16325 16327	73 146 249d 263 290dd 309+C 315+C	489 493 522dd	16024 -576
EA010	El Altar	C1b13	16223 16298 16325 16327	73 249d 258 263 290dd 309+CC 315+C	489 493	16024 - 548
MQ002	Manquehua	C1b13	16223 16298 16325 16327	73 201 249d 258 263 290dd 309+CC 315+C	489 493 523d	16024 - 309
MQ011	Manquehua	C1b13	16223 16298 16325 16327 16335	73 249d 258 263 290dd 315+C	489 493 523d	16024 - 504
PQ001	Punitaqui	C1b13	16147 16223 16298 16325 16327	73 207 249d 258 263 290dd 315+C	489 493 522dd	16024 - 563
PQ018	Punitaqui	C1b13	16223 16264 16298 16311 16325 16327	73 249d 258 263 290dd 315+C	489 493 523d	hatsa 539
PQ026	Punitaqui	C1b13	16223 16298 16325 16327 16519	73 249d 258 263 290dd 315+C	489 493 522dd	16024 - 539
PQ037	Punitaqui	C1b13	16223 16298 16325 16327	73 249d 258 263 290dd 315+C	489 493	16024 - 493
PQ038	Punitaqui	C1b13	16223 16298 16325 16327	73 249d 258 263 290dd 315+C	489 493 523d	16024 - 556
PQ042	Punitaqui	C1b13	16223 16298 16325 16327	73 249d 258 263 309+C 315+C	489 493 523d	16024 - 560
PQ043	Punitaqui	C1b13	16223 16298 16325 16327	73 249 258 263 290dd 309+C 315+C	489 493 523dd	16024 - 553
PQ053	Punitaqui	C1b13	16223 16264 16298 16311 16325 16327	73 249d 258 263 290dd 309+C 315+C	489 493 523d	16024 - 580

PQ054	Punitaqui	C1b13	16223 16298 16325 16327	73 249d 258 263 290dd 309+cc 315+C	489d 493	16024 - 315
PQ055	Punitaqui	C1b13	16223 16298 16325 16327	73 249d 258 263 290dd 309+C 315+C	489 493	16024 - 497
RP006	Rinconada Punitaqui	C1b2	16156 16223 16298 16325 16327	73 146 207 249d 290dd 315+C	489 493 523d	16024 - 560
MQ012	Manquehua	C1d+194	16051 16223 16249 16298 16325 16327	73 194 199 249d 263 290dd 309+CC 315+C	489 523d	16024 - 553
PQ017	Punitaqui	C1d+194	16051 16223 16249 16298 16325 16327	73 194 199 249d 263 290dd 309+C 315+C	489 523d 525d	16024 - 545
PQ022	Punitaqui	C1d+194	16051 16223 16249 16298 16325 16327	73 194 199 249d 263 290dd 309+C 315+C	489 523d	16024 - 576
PQ056	Punitaqui	C1d+194	16051 16223 16249 16298 16325 16327	73 194 199 249d 263 290dd 309+C 315+C	489	16024 - 513
MQ016	Manquehua	D1d2	16093 16189 16218 16223 16311 16325 16362	73 263 309+C 315+C	489	16024 - 576
PQ002	Punitaqui	D1d2	16093 16183 16218 16233 16311 16325 16362	73 263 309+C 315+C	489	16024 - 576
MQ015	Manquehua	D1g	16187 16223 16252 16325 16362	73 263 315+C	489	16024 - 561
RP005	Rinconada Punitaqui	D1g	16187 16223 16325 16362	73 263 315+C	489	16024 - 576
RP011	Rinconada Punitaqui	D1g	16187 16223 16325 16362	73 115A 263 309+C 315+CC	489	16024 - 473
RP013	Rinconada Punitaqui	D1g	16187 16223 16325 16362	73 263 315+C	489	16024 -576
DV005	Divisadero	D1g	16187 16223 16304 16325 16362	73 263 315+C	489 553	16024 - 553
MQ006	Manquehua	D1g1	16187 16223 16325 16362 16390	73 146 152 263 315+C	489	16024 - 618
RP007	Rinconada Punitaqui	D1g1	16187 16223 16325 16362 16390	73 146 152 263 315+C	489	16024 - 570
EA006	El Altar	D1g2	16187 16223 16304 16325 16362	73 263 309+C 315+C	489 523+CA	16024 - 553
PQ023	Punitaqui	D1g2a	16092 16187 16189 16223 16362	73 143 263 266A	489 523+CA	16024 - 553
MQ001	Manquehua	D1g5	16187 16189 16209 16223 16325 16362	55 56 73 152 263 315+C	489 499	16024 - 512

PQ046	Punitaqui	D1g6	16178 16187 16223 16325 16362	73 150 199 263 374	408A 489	16024 - 553
PQ005	Punitaqui	D1j	16223 16242 16311 16325 16362	73 152 263 309+C 315+C	489 523+CA	16024 - 680
PQ008	Punitaqui	D1j	16223 16242 16311 16325 16362	73 152 263 309+C 315+C	489	16024 - 563
PQ031	Punitaqui	D1j	16223 16242 16311 16325 16362	73 152 271 272 263 309+C 315+C	489 523d	16024 - 553
DV004	Divisadero	D4h3a	16223 16241 16301 16342 16362	73 152 263 315+C	489 523d	16024 - 565
EA011	El Altar	D4h3a	16223 16241 16265C 16301 16342 16362	73 152 203 204 263 309+C 315+C	489 523+CA	16024 - 539
PQ011	Punitaqui	D4h3a	16223 16241 16265C 16301 16342 16362	73 152 203 204 263 309+C 315+C	489 523+CA	16024 - 664
PQ025	Punitaqui	D4h3a	16206 16223 16241 16301 16342 16362 16527	73 152 263 266G 315+C	489	16024 -530
PQ028	Punitaqui	D4h3a	16223 16241 16301 16342 16362 16527	73 152 263 315+C	489	16024 - 439
PQ035	Punitaqui	D4h3a	16223 16241 16298 16301 16342 16362	73 146 152 208A 263 309+CC 315+C	489	16024 - 576
MQ010	Manquehua	H1ap1	16183C 16189 16519	152 263 309+C 315+C		16024 - 553
MQ014	Manquehua	L3f1b4	16209 16223 16311 16519	73 150 189 200 263 310+T		16024 - 576
MQ022	Manquehua	L3f1b4	16209 16223 16253d 16311 16519	73 150 189 200 255 263 309+C 315+C	474A 507 512 529C 537d	16024 - 576
PQ040	Punitaqui	T2b	16126 16294 16296 16304 16344 16519	73 151 152 263 309+C 315+C	542	16024 - 576