



Universidad de Chile
Facultad de Ciencias Sociales
Departamento de Antropología

Estructura genética mitocondrial en la Región de Antofagasta, Chile

Memoria para optar al título de Antropóloga Física

Autora: Macarena Faure Echeverría
Profesora Guía: Dra. Michelle de Saint Pierre Barrera

Santiago, 2018

You know nothing, Jon Snow.

*That's my secret, Cap...
I'm always angry.*

1. Índice	
a. Índice General	1
b. Índice de Tablas	2
c. Índice de Figuras	2
d. Índice de Gráficos	3
e. Índice de Anexos	3
2. Agradecimientos	4
3. Resumen	5
4. Introducción	6
5. Antecedentes	7
a. ADN Mitocondrial y su relevancia en estudios microevolutivos.....	7
b. Poblamiento Americano y ADNmt.....	8
c. Poblamiento del Cono Sur y de los Andes: Evidencias arqueológicas y genéticas	8
d. Descripción genética de los Andes del Sur	11
e. Posible origen amazónico de las poblaciones andinas	15
f. Estudios con ADNmt en Población Chilena	17
g. El Norte Grande: Prehistoria de la región de Antofagasta.....	19
h. Principales hitos históricos de la región de Antofagasta	23
6. Planteamiento del Problema	30
7. Hipótesis	31
8. Objetivos	32
a. General.....	32
b. Específicos	32
9. Materiales y Métodos	32
a. Muestra	32
b. Métodos.....	33
i. Extracción de ADN	33
ii. Amplificación y secuenciación.....	34
iii. Revisión de cromatogramas y alineamiento	35
iv. Análisis estadísticos y análisis de datos	35
10. Resultados	37
a. Frecuencias linajes mitocondriales	37
i. Antofagasta	37
ii. Calama	37
I. Linajes Amerindios.....	38
II. Linajes No Amerindios	39
III. Localidades	41
b. Índices de Diversidad Molecular	44

c. Test de Neutralidad	45
d. Redes de Haplotipos	46
i. Macrohaplogrupo A	46
ii. Macrohaplogrupo B	47
iii. Macrohaplogrupo C	49
iv. Macrohaplogrupo D	50
e. F_{ST} y Dendrogramas Neighbor-Joining	51
i. Poblaciones Chilenas	51
ii. Poblaciones Sudamericanas	53
iii. Pueblos aledaños a Calama	56
11. Discusión	58
a. Sobre el muestreo total	58
b. Sobre las localidades	60
12. Conclusión	67
13. Consideraciones finales y perspectivas	68
14. Bibliografía	69
15. Anexos	79

b. Índice de Tablas

Tabla 1: Tabla resumen población total Revisitas años 1683 y 1751	25
Tabla 2: Tabla resumen crecimiento y decrecimiento de población indígena Revisitas años 1883 y 1751	26
Tabla 3: Categorización muestras de interés de acuerdo al lugar de nacimiento de la abuela materna o madre de los participantes	33
Tabla 4: Condiciones de amplificación de PCR	34
Tabla 5: Primers utilizados para la amplificación del D-Loop	34
Tabla 6: Partidores utilizados para la secuenciación de linajes mitocondriales	34
Tabla 7: Índices moleculares básicos (Tajima-Nei)	44
Tabla 8: Test de neutralidad	45
Tabla 9: Índice F_{ST} (Tamura & Nei) entre poblaciones chilenas	52
Tabla 10: Índice F_{ST} (Tamura & Nei) entre poblaciones sudamericanas	55
Tabla 11: Índice F_{ST} (Tamura & Nei) Pueblos aledaños a Calama	56
Tabla 12: Frecuencias de haplogrupos mitocondriales de algunas de las poblaciones incorporadas en el F_{ST} "Población Sudamericana"	66

c. Índice de Figuras

Figura 1: Diagrama del genoma mitocondrial	7
Figura 2: Mapa de rutas migratorias propuestas por Rothhammer y Dillehay (2009)	9
Figura 3: Mapa de frecuencias de sublinajes amerindios de muestra de interés categorizada de acuerdo a origen geográfico de la abuela materna o la madre	43
Figura 4: Red de haplotipos de haplogrupo A2	46

Figura 5: Red de haplotipos macrohaplogrupo B	48
Figura 6: Red de haplotipos del macrohaplogrupo C	49
Figura 7: Red de haplotipos del macrohaplogrupo D	50
Figura 8: Dendrograma Neighbor-Joining entre poblaciones chilenas.....	52
Figura 9: Dendrograma Neighbor-Joining entre poblaciones sudamericanas	55
Figura 10: Dendrograma Neighbor-Joining (Pueblos aledaños a Calama).....	57

c. Índice de Gráficos

Gráfico 1: Sublinajes mitocondriales presentes en la ciudad de Antofagasta.....	37
Gráfico 2: Sublinajes mitocondriales presentes en la ciudad de Calama	37

d. Índice de Anexos

a. Consentimiento Informado	79
b. Tabla con las secuencias del D-Loop del ADN mitocondrial para las poblaciones en este estudio..	83

2. Agradecimientos

En primer lugar, les doy las gracias a los 424 voluntarios que participaron en esta investigación. Sin su ayuda, nada de esto hubiese sido posible. También, agradezco a todo el equipo “sopapo atómico” por ayudar a recolectar con mucha motivación las muestras.

Le doy las gracias a la Doctora Michelle de Saint Pierre por aceptarme como tesista y por incorporarme al Proyecto FONDECYT #11150453. Muchas gracias por el apoyo, confianza y financiamiento entregado.

Agradezco de corazón a Sandra Flores y a Constanza Pino por ayudarme y guiarme siempre que pudieron con todas las consultas que tuve a lo largo de este proceso.

Doy gracias también a mis padres y hermana por darme apoyo, no solo durante mi proceso de título, sino en toda mi carrera universitaria (y la vida jaja).

Quiero agradecer también a Camilo Torres por todo el amor, paciencia, apoyo y ánimo que me dio especialmente durante este proceso de título.

Agradezco a Alma López por darme guía espiritual durante este proceso y Amapola Saball por ser mi cable a tierra y ayudarme en todo lo posible, siempre.

Les doy las gracias a mis amigas de mención Andrea Eyquem y Ayelen Neculpan por darme todo el apoyo, comprensión y ánimo del universo.

Un abrazo sororo a Margarita Reyes, compañera de tesis. Muchas gracias por todo el ánimo entregado y el trabajo cooperativo.

Y qué sería la vida sin la entretención proporcionada por íconos populares a lo largo de toda esta memoria, tales como Nico Massú, quien me enseñó que en la vida nada es imposible. También, es necesario mencionar a Gaudio, tenista que lo pasó muy mal, Felipito Camiroaga por darme fuerzas y a Miguel Bosé, quien proporcionó las mejores melodías de trabajo para animar las tardes de escritura.

3. Resumen

El ADN mitocondrial como marcador genético uniparental ha sido utilizado con éxito para estudiar el poblamiento, historia y orígenes de distintas poblaciones. Es dentro de este contexto, donde el estudio del poblamiento americano, y en particular el continente suramericano cobran vital importancia debido a una serie de eventos que han marcado una heterogeneidad geográfica, cultural, y una estructuración genética que es diferenciada, destacando zonas como los Andes y el Amazonas. Bajo la premisa anterior, el sector del Norte Grande de Chile dentro del contexto sur andino se convierte en un punto válido de interés de estudio, ya que evidencias arqueológicas, etnohistóricas e históricas lo vinculan fuertemente en el área circumpuneña. Desde un punto de vista genético, las investigaciones en materias moleculares en población chilena han usado el ADN mitocondrial como herramienta de estudio para caracterizar mayoritariamente a las poblaciones del centro y sur del país, a diferencia de las poblaciones del Norte Grande. En base al análisis de la región hipervariable del ADN mitocondrial de muestras de saliva de individuos provenientes de las ciudades de Antofagasta y Calama; se registró la predominancia de haplogrupos amerindios y, en particular, una alta proporción del haplogrupo B2, siendo las localidades aledañas a Calama las que muestran una mayor representación de linajes derivados de B2. La ejecución del presente estudio permitió inferir que las ciudades de la costa de la región de Antofagasta se relacionan genéticamente con otras poblaciones nativas del centro y sur del país, mientras que los pueblos aledaños a Calama son cercanos genéticamente a poblaciones nativas del norte de Chile, Noroeste de Argentina (NOA) y Andes bolivianos.

Palabras Clave: ADN mitocondrial, Norte Grande, Haplogrupo B, Poblaciones Andinas.

4. Introducción

El desarrollo de técnicas moleculares y en especial el uso de marcadores uniparentales como el ADN mitocondrial, ha permitido hoy en día describir y reconstruir historias de poblamiento y orígenes de diversas poblaciones, así como también establecer las posibles relaciones filogenéticas que existen entre ellas.

A nivel molecular, la zona sur andina ha llamado ampliamente la atención debido a la gran complejidad cultural que ha alcanzado a lo largo de los años, específicamente por el desarrollo de centros políticos imperiales que provocaron movimientos poblacionales, redes de intercambio y procesos de sedentarización que estructuraron genéticamente a las poblaciones de Perú, Bolivia, Argentina y Chile. Es en este contexto, que la actual región de Antofagasta se convierte en un punto de interés válido de estudio, ya que tanto evidencia arqueológica como bioantropológica ha revelado que desde tiempos prehistóricos ha existido una ocupación continua en el lugar tras la instauración de una red de caravaneo y movilidad poblacional entre los sectores de la costa, la sierra y los valles altos. Este desarrollo complejo de relaciones culturales perduró incluso tras el proceso de Colonia, Independencia y República, lo que se ha traducido en que la región de Antofagasta hasta el día de hoy, sea considerada un polo de atracción para migrantes nacionales y extranjeros, enriqueciendo día a día la historia local.

Para poder describir, reconstruir la historia local y establecer relaciones de tipo genético por vía materna con otras poblaciones chilenas y del área sur andina; la presente memoria de título secuenció la región hipervariable del ADN mitocondrial de 192 muestras obtenidas en las ciudades de Antofagasta y Calama. Dentro de los resultados adquiridos, se encontró un alto porcentaje de haplogrupos de origen amerindio, y en especial una alta proporción del haplogrupo B2 y sus linajes derivados en las localidades de los valles altos de la región.

Los resultados obtenidos en esta memoria de título, por tanto, ayudaron a caracterizar a nivel de frecuencias de macrohaplogrupos mitocondriales y establecer patrones genéticos entre las poblaciones de la región de Antofagasta con respecto a otras poblaciones chilenas y del área sur-andina. Además, los datos obtenidos son un aporte y complemento a las pocas investigaciones que han analizado el ADNmt en poblaciones mestizas y urbanas del Norte Grande del país.

5. Antecedentes

5. a. ADN Mitocondrial y su relevancia en estudios microevolutivos

La mitocondria es un organelo intracelular con un origen endosimbiótico que tiene por función producir energía para llevar a cabo procesos vitales como la respiración celular y la metabolización de ácidos grasos. Estructuralmente hablando, la mitocondria en su interior posee un sistema genómico propio: el ADN mitocondrial (ADNmt). Esta biomolécula, constituida por solo 16.569 pares de bases se caracteriza por ser circular, de doble hebra, cerrada y con miles de copias por cada célula (Anderson et al., 1981).

El ADNmt se define además porque prácticamente la totalidad de su genoma es codificante para 37 genes: 2 ARN ribosómicos, 22 ARN de transferencia y 13 proteínas que participan en la fosforilación oxidativa. Sin embargo, existen aproximadamente 1.200 pares de bases que no codifican. Este conjunto de pares de bases es denominado D-Loop o Región Control, el cual está compuesto por 3 regiones hipervariables que se ubican en torno al origen de replicación del ADNmt (ver Figura 1) (Moraga, Pezo y de Saint Pierre, 2016).

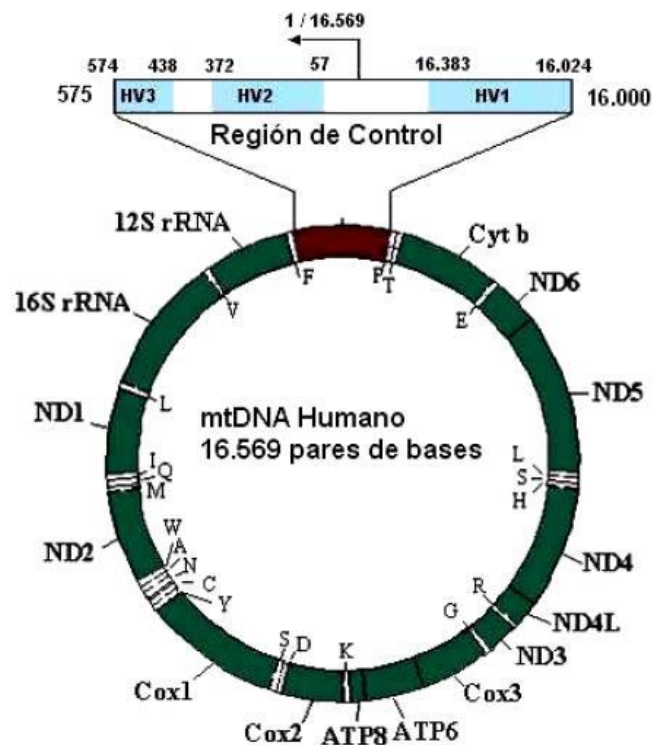


Figura 1: Diagrama del genoma mitocondrial. Fuente: Leiva, 2010.

Debido a que el ADNmt se destaca por tener una alta frecuencia de mutaciones (las cuales se van acumulando a lo largo del tiempo), no sufrir recombinación génica y por poseer una transmisión unidireccional por vía materna; este marcador es una excelente herramienta para poder deducir patrones migratorios, diferenciar y estudiar poblaciones (Moraga et al., 2016).

5. b. Poblamiento Americano y ADNmt

Los estudios que se han realizado sobre el poblamiento americano, y en específico los procedentes desde la arqueología y bioantropología, cobran vital relevancia debido a que permiten crear un panorama general sobre las posibles hipótesis, vías, tiempo y duraciones por las que se produjo este fenómeno (Rothhammer & Dillehay, 2009; Manríquez et al., 2016).

Las evidencias que han surgido desde la arqueología, la antropología, la genética y la lingüística indican que las poblaciones nativas americanas surgieron a partir de poblaciones asiáticas que migraron desde el noreste de Asia hace unos 23.000 años atrás, a través de las tierras emergidas en el actual estrecho de Bering (Moraga et al., 2016). Estos grupos humanos se mantuvieron parcialmente aislados en Beringia por unos 3.000 a 4.000 años; para finalmente colonizar el continente hace unos 19.000 a 15.000 años atrás a finales del Último Máximo Glacial (Moraga et al., 2016; Tamm et al., 2007).

Los estudios genéticos que han utilizado el ADN mitocondrial como marcador en América, han permitido realizar una caracterización genética de forma panorámica, así como también dar cuenta de la estimación de la antigüedad de ciertos linajes con el fin de complementar o contrastar los datos entregados por otras disciplinas. En este sentido, se han descrito cuatro linajes mitocondriales (A, B, C y D) que tienen un origen asiático (Torroni et al., 1993; Achilli et al., 2008). A pesar de que se tenga un rango temporal amplio en el que se produjo el o los procesos migratorios hacia América; en la actualidad se sabe que estos mismos linajes han aumentado en número gracias a un incremento en la resolución del árbol filogenético, dando a conocer así los siguientes haplogrupos fundadores de América: A2, B2, C1b, C1c, C1d, C4c, D1, D2a, D3, D4h3 y X2a. Cabe destacar que estos haplogrupos poseen una distribución variable a lo largo del continente (Achilli et al., 2008; Tamm et al., 2007). Al respecto, Brown et al. (1998) describió que el haplogrupo C4c ha sido encontrado en poblaciones de Canadá y Colombia; mientras que el haplogrupo X2a ha sido identificado y acotado sólo en el norte de América, por lo que califica como un haplogrupo raro, ya que no presenta una distribución variable por el continente.

5. c. Poblamiento del Cono Sur y de los Andes: Evidencias arqueológicas y genéticas

Uno de los puntos principales de la colonización del continente americano es lo que respecta al poblamiento del cono sur. Acorde a Barbieri et al. (2011), el escenario del poblamiento de Sudamérica es un panorama que aún sigue sin tener resolución, ya que no existe claridad con respecto a las rutas migratorias ni el tiempo que tomó en llevar a cabo este proceso. Según Rothhammer & Dillehay (2009), la evidencia paleoclimática y arqueológica apunta a que este proceso ocurrió hace unos 15.000 A.P a 13.500 A.P, a finales del Pleistoceno.

El modelo migratorio propuesto por Rothhammer & Dillehay (2009), señala que la vía de entrada hacia el continente se produjo por el Istmo de Panamá. Una vez cruzado este paso, los cazadores recolectores pudieron haber llegado a las tierras altas de los Andes por los valles de los ríos Cauca y Magdalena en Colombia. De este mismo evento, se propone que otros grupos se movieron hacia el lado caribeño, específicamente hacia Venezuela, las

Guayanas y el noreste de Brasil. Aquellos grupos humanos que tomaron el camino venezolano, posteriormente se dispersaron por las riberas este y oeste del río Amazonas. A partir del Amazonas y el noreste argentino, distintos grupos humanos migraron al este de Brasil, la pampa y la Patagonia argentina. Por otra parte, el modelo migratorio de Rothhammer & Dillehay (2009) propone otro escenario, donde se sugiere que el proceso migratorio del continente suramericano se produjo por una ruta costera, donde los grupos humanos aprovecharon los recursos marinos para su subsistencia (ver Figura 2).

En respuesta a la problemática anterior, los estudios de ADNmt tampoco han podido ser resolutivos al momento de referirse al modo y en qué rango temporal se produjo este avance migratorio hacia el cono sur. A pesar de esto, se ha propuesto que este territorio fue poblado hace unos 14.000 años (Lewis et al., 2007); específicamente por el Istmo de Panamá (Barbieri et al., 2011). Este último dato cobra vital relevancia, ya que existen dos escenarios explicativos por los cuales se pudo llevar a cabo este proceso: uno que posee múltiples olas migratorias, y que es apoyado por diferencias genéticas entre zonas eco-geográficas como la Andina; y otro con un único evento migratorio, lo que sugiere una homogeneidad en todas las muestras sudamericanas que no ha sido del todo encontrada (Lewis et al., 2007).



Figura 2: Mapa de rutas migratorias propuestas por Rothhammer & Dillehay (2009).

Un punto central dentro de esta gran masa terrestre del continente sudamericano, es la región de los Andes. Este sector, ha sido ampliamente estudiado por disciplinas como la arqueología, la etnohistoria y la lingüística debido a su gran riqueza, diversidad y complejidad cultural. La adaptación a la altura que desarrollaron las poblaciones, el advenimiento de la agricultura y el establecimiento de una serie de centros políticos

imperiales como el de Wari, Tiwanaku e Inca, han hecho de este espacio un foco de estudio digno de interés (Fehren-Schmitz, Harkins & Llamas, 2017).

Desde una perspectiva paleogenética, Fehren-Schmitz et al. (2017), sugiere que el poblamiento de la región de los Andes Centrales se produjo de forma estacionaria por el sector de la costa hace unos 14.000 a 13.000 años atrás. Sin embargo, la presencia permanente de grupos humanos se dio hace unos 12.000 a 10.000 años atrás. Lo anterior, guarda directa relación con dos escenarios propuestos para explicar la dispersión poblacional inicial del continente: una ola migratoria proveniente desde Norteamérica por el lado costero de los Andes y con posteriores cruces a diferentes latitudes a través de la cordillera; o bien una separación espontánea en la parte norte del continente sudamericano en dos grupos que tomaron vías migratorias distintas, una por la costa y otra por continente (Fehren-Schmitz et al., 2017).

Al respecto, las herramientas genéticas han sido cruciales para poder testear la efectividad de ambos escenarios, sin poder obtener una conclusión precisa al respecto. Fehren-Schmitz et al. (2017), describe que el primer escenario se apoya en evidencias que indican que las poblaciones andinas muestran una mayor diversidad genética mitocondrial y nuclear, además de una menor diferenciación con respecto a otras poblaciones provenientes del centro y este del continente. Por otro lado, a través del análisis de STRs (Short Tandem Repeat o microsátelites) pertenecientes a poblaciones nativas andinas del oeste del continente, se pudo establecer que estos grupos humanos presentaban niveles de variación similares a los encontrados en las poblaciones del centro y este de Sudamérica, lo que es inconsistente con el modelo de múltiples olas migratorias, sin necesariamente confirmar la efectividad del modelo de una única vía migratoria (Fehren-Schmitz et al., 2017).

Fehren-Schmitz et al. (2017) por medio de su revisión bibliográfica nos permite ver que existe el consenso de que en la zona de los Andes hubo una continuidad poblacional que perduró por lo menos 8.000 años antes del contacto europeo y que se caracterizó por tener un limitado flujo génico proveniente de otros sectores del continente. Lo anterior puede verse reflejado en la alta diversidad genética intragrupal en poblaciones modernas andinas, lo que también resulta indicativo de los tamaños efectivos poblacionales, además de un flujo génico alto y constante (Fehren-Schmitz et al., 2017, p.5). En suma a lo anterior, esta continuidad y afinidad entre los grupos andinos puede evidenciarse en la predominancia del macrohaplogrupo B a lo largo de los Andes (Fehren-Schmitz et al., 2017).

Resulta de importancia destacar que este patrón –a nivel de macrohaplogrupo- no siempre fue así. Estudios con ADN antiguo (aDNA) y ADNmt han demostrado que la zona Andina, dependiendo del periodo temporal en el que nos situemos, mostrará diferencias en las frecuencias de haplogrupos. De esta manera, las poblaciones de los Andes Centrales de la costa noreste y sureste del Perú en el Periodo Intermedio Tardío (1.000-1.400 A.P), los patrones mitocondriales mostrarán una alta frecuencia del macrohaplogrupo D en contraste con el macrohaplogrupo B. Es con el comienzo del Periodo Tardío que el macrohaplogrupo B se convierte en un grupo dominante en esta área (Baca, Molak, Sobczyk, Weglenski & Stankov, 2011; Barbieri et al., 2011; Barbieri et al., 2014; Batai & Williams, 2014; Fehren-Schmitz et al., 2017).

Por otro lado, desde una perspectiva filogeográfica, Gómez-Carballa et al. (2018), señala que el análisis geográficamente restringido de subhaplogrupos mitocondriales ha servido para dilucidar los movimientos demográficos que ocurrieron en Sudamérica luego de la primera ola colonizadora. Por ejemplo, el haplogrupo B2 al tener frecuencias que oscilan entre el 42% y 75% en muestras antiguas de los Andes del Perú; y un 70% a 90% en muestras provenientes de algunas poblaciones Aymara y Quechua de Bolivia y Perú, convierten a este haplogrupo en un buen marcador para estudiar la transformación y continuidad demográfica que ocurrió en los Andes.

Gómez-Carballa et al. (2018), al analizar mitogenomas y datos autosomales de diversas poblaciones del continente latinoamericano, ha podido establecer que existe una gran afinidad genética entre las poblaciones de la región andina, las cuales además muestran un marcado aislamiento genético con respecto a otras regiones del continente; tal y como lo señaló Fehren-Schmitz et al. (2017).

Bajo los antecedentes propuestos por Gómez-Carballa et al. (2018), es posible concebir un nuevo modelo demográfico para el poblamiento de Sudamérica, donde algunas olas de paleoindios migrantes pudieron haber llegado a la parte norte del continente sudamericano hace unos 16.000 a 15.000 años atrás. Estos migrantes, avanzaron a través de dos rutas colonizadoras: una por la parte atlántica del continente y otra por la costa pacífica. Aquellas poblaciones que se asentaron en los Andes peruanos se caracterizaron por ser demográficamente exitosas y por experimentar un crecimiento poblacional durante al menos 8.000 años, lo que llevó a que en la región de los Andes se gestara una importante variación genética. Se destaca además, que hubo un importante flujo génico entre los territorios actuales de Perú y Bolivia, donde los flujos poblacionales fueron en dirección norte-sur, sin dar cuenta de una bidireccionalidad (Gómez-Carballa et al. 2018).

Este nuevo modelo migratorio además, postula que los paleoindios que se situaron en las latitudes de los Andes no tuvieron intercambio génico con poblaciones del este ni con poblaciones que se asentaron en el sur del continente, excepto al parecer con aquellas que se encuentran en la franja andina de los territorios chilenos. Además, los bosques amazónicos actuaron como una barrera geográfica para el flujo génico entre las poblaciones que migraron por el lado de la costa pacífica y atlántica, por lo que el flujo poblacional en esta última zona jugó un rol importante en la colonización de las áreas no andinas en tiempos más recientes; incluso en sectores caribeños como Puerto Rico (Gómez-Carballa et al. 2018).

5. d. Descripción genética de los Andes del Sur

La región de los Andes del sur, se compone por los países de Perú, Bolivia, la zona del noroeste de Argentina y el norte de Chile.

La composición genética de los habitantes del área sur andina, se perfiló en gran parte por una serie de movimientos poblacionales que derivaron del desarrollo de las redes de intercambio tras el alzamiento de centros políticos imperiales en tiempos precolombinos (Fuselli et al., 2007). Debido a esto, numerosos estudios con marcadores uniparentales como el ADN mitocondrial, han permitido caracterizar genéticamente a las distintas

poblaciones del mundo andino, en base al estudio de poblaciones precolombinas, indígenas y/o mestizas.

Por medio de la investigación filogeográfica realizada por Gómez-Carballa et al. (2018) y el trabajo realizado por Fehren-Schmitz et al. (2017), se ha podido esbozar brevemente que la presencia del macrohaplogrupo B es una constante a nivel genético en la zona de los Andes. Particularmente, Gómez-Carballa et al. (2018) ha podido evidenciar que el haplogrupo B2 está presente en aproximadamente un 23% del total de ADN mitocondriales existentes a nivel sudamericano, con frecuencias que varían a lo largo de continente. De esta manera, en sectores como Ecuador en población mestiza, el haplogrupo B2 se encuentra con una frecuencia cercana al 20%, valor que aumenta a un 40% en población indígena del mismo país. Como se dijo anteriormente y en palabras del mismo autor; en algunas poblaciones Aymara y Quechua de Perú y Bolivia, estas cifras se incrementan exponencialmente alcanzando valores que varían entre un 70% y un 90%.

Con el objetivo de caracterizar la variación interna del haplogrupo B2, Gómez-Carballa et al. (2018) estudió ciertos subhaplogrupos derivados del haplogrupo B2, identificando nuevos subclados que son específicos para ciertas áreas de los Andes del sur. De esta manera, encontramos primeramente el subhaplogrupo B2ai, el cual está definido por la transición C16168T, tiene una antigüedad aproximada de 8.400 años, y se encuentra con frecuencias del 4% casi exclusivamente en el área andina de Perú y Bolivia, sin embargo, este subhaplogrupo se ha esparcido a países como Ecuador y el norte de Chile.

Además, se identificó otro nuevo subhaplogrupo exclusivamente andino denominado B2aj, el cual se define por las mutaciones A8853G, G15883A y C16188T. La divergencia molecular de este haplogrupo indica que tiene un origen un poco más temprano que B2ai, específicamente hace unos 10.400 años atrás. Este haplogrupo está distribuido principalmente en Perú y Bolivia, pero también se ha encontrado con abundancia en poblaciones de los Andes argentinos. Debido a que la diversidad molecular de este haplogrupo es mayor en Perú -en comparación con las otras áreas andinas-, se postula que este linaje se originó allí. Otro elemento que es preciso resaltar es que en base a los patrones filogenéticos, se ha establecido que el flujo de este haplogrupo fue de Perú hacia Bolivia y de allí hasta el norte de Argentina y no a la inversa (Gómez-Carballa et al., 2018).

Otro subhaplogrupo que es importante mencionar y que fue definido por Gómez-Carballa et al. (2018) es B2y, el cual presenta la transición C16261T y se caracteriza porque es un clado que se originó en la costa pacífica de Norteamérica hace unos 14.300 años atrás y que puede ser encontrado a lo largo del continente americano por la vertiente pacífica hasta la zona norte de Chile.

Por otra parte, si hacemos un desglose de acuerdo a los países que componen la región andina, podemos observar con mayor detenimiento los patrones y variaciones en la composición genética de los habitantes de cada región.

De esta manera, podemos destacar primeramente que en Bolivia se han realizado investigaciones genéticas mitocondriales tanto en población urbana como aborígen, destacando el trabajo de Taboada-Echalar et al. (2013) donde se exploró a nivel global la variabilidad de las poblaciones bolivianas, incluyendo muestras de bolivianos no-nativos de

poblaciones rurales y urbanas de los departamentos de Beni, Chuquisaca, Cochabamba, La Paz, Pando y Santa Cruz.

A nivel de frecuencias mitocondriales, Taboada-Echalar et al. (2013) ha podido establecer que existen diferencias importantes entre los principales departamentos de Bolivia, lo que puede verse reflejado en la comparación de las frecuencias obtenidas en La Paz (A: 10%, B: 71%, C: 12% y D: 7%) con respecto a las de Beni (A: 12%, B: 30%, C: 48%, D: 10%). En base a lo presentado anteriormente, Taboada-Echalar et al. (2013) señala que existe a nivel de frecuencias una gradiente longitudinal, donde el macrohaplogrupo B predomina en las poblaciones de la región de los Andes (71%) y va decreciendo a medida que nos acercamos hacia los Llanos (32%).

Por otro lado, Taboada-Echalar et al. (2013) al poder representar todas las regiones ecológicas presentes en Bolivia (Andes, área sub-andina y los Llanos), ha podido establecer que el área andina y sub-andina presentan una diversidad genética menor en comparación con los Llanos.

Dentro de la categoría de población urbana, Batai & Williams (2014), al estudiar población Aymara del sector de La Paz, ha podido establecer que tanto Aymaras como Quechuas son genéticamente diversos, ya que ambas poblaciones se caracterizan por haber sufrido constantes procesos de expansión y migración desde tiempos prehistóricos. A nivel de frecuencias, el haplogrupo B2 es el que posee mayor representación (62,3%) con respecto a los demás haplogrupos mitocondriales amerindios. Dentro de las muestras trabajadas por Batai & Williams (2014), se encontró individuos que poseían la mutación C16188T –hoy B2aj-; lo cual es relevante, ya que desde ese entonces se tenía la certeza de que ese haplogrupo era originario de la zona de los Andes.

Afonso Costa et al. (2010), por otro lado, también trabajó con muestras de individuos provenientes del sector de La Paz en Bolivia. Al igual que Batai & Williams (2014), el haplogrupo con mayor representación fue el B2 con un 57,27%. A diferencia de lo encontrado por Batai & Williams (2014), es necesario decir, que dentro de las muestras trabajadas por esta investigación, se encontró un 3,64% de haplogrupos no amerindios, tales como H, M7 y M8. La presencia de estos haplogrupos de origen europeo en las muestras trabajadas, ha sido explicada por Afonso Costa et al. (2010) como un efecto de las actividades coloniales o bien migraciones recientes.

Por último, Gayà-Vidal et al. (2011) en base al estudio de población nativa Aymara (proveniente del sector del Lago Titicaca) y Quechua (oriunda del departamento de Potosí), dio cuenta de que el haplogrupo B2 alcanzó cifras de representación de 81% y 61%, respectivamente, siendo nuevamente ambas poblaciones reconocidas por su gran diversidad haplotípica. De igual manera, es trascendental mencionar que la variante del altiplano B2aj fue encontrada en un 60% de la totalidad de las muestras trabajadas por Gayà-Vidal et al. (2011), teniendo la población Aymara un 31% de representación de este linaje, mientras que en Quechuas sólo llegaron al 21%.

No está demás mencionar que tanto B2y como B2aj son linajes que probablemente vivenciaron una expansión y crecimiento poblacional hace unos 5.000 años atrás en la

región de los Andes (Gómez-Carballa et al., 2018), por lo que se puede explicar la gran presencia de estas variantes en poblaciones actuales.

Las investigaciones realizadas con ADN mitocondrial en la región de Perú sugieren un panorama similar al boliviano. Primeramente, estudios con ADN antiguo permiten reafirmar la preponderancia del macrohaplogrupo B por sobre otros haplogrupos amerindios en la zona de los Andes. Particularmente, de los sitios arqueológicos de Paucarcancha, Patallacta y Huata (cercanos a Machu Picchu); la frecuencia del macrohaplogrupo B llegó a un 22,9% (Shinoda, Adachi, Guillen & Shimada, 2006). En contraste a lo anterior, Valverde et al. (2016), al analizar el ADN antiguo de individuos provenientes de tres periodos culturales sucesivos en el sitio arqueológico de Huaca Pucllana en Lima; ha podido establecer a nivel de frecuencias mitocondriales que en el período Lima (Período Intermedio Temprano, 500-700 d.C) predominó el haplogrupo B2 con una frecuencia del 44%, mientras que en el Período Wari (Horizonte Medio, 800-1.000 d.C) fue el haplogrupo C1 con un 50% de representación. Por último, en el Período Ychsma (Período Intermedio Tardío, 1.000-1450 d.C), predominó nuevamente B2 con un 47%.

Por otra parte, investigaciones realizadas con muestras contemporáneas de poblaciones Uro, Aymara y Quechua en el sector peruano del Lago Titicaca, dan cuenta de que tanto Aymaras como Quechua presentan una mayor crecimiento poblacional en comparación con los Uros, siendo los Quechuas del Perú, los que muestran una mayor diversidad haplotípica (Barbieri et al. 2011).

Sandoval et al. (2013) por otra parte, también trabajó en su investigación con población nativa del altiplano de Perú y Bolivia (particularmente los grupos étnicos Uros de Perú y Uru-Chipaya y Uru-Poopo de Bolivia); con el objetivo de caracterizar las relaciones genéticas de estos grupos con respecto a otras poblaciones altiplánicas del Lago Titicaca como Aymara y Quechua, además de Machiguenga y Yanasha del Amazonas peruano. Dentro de los resultados entregados por Sandoval et al. (2013), la distribución de frecuencias de haplogrupos mitocondriales muestra una predominancia del haplogrupo B2 por sobre el resto de haplogrupos nativo americanos. Además, por medio de la realización de pruebas de AMOVA, se pudo establecer que los Uros del Perú se diferencian genéticamente de los Uros provenientes de Bolivia. Por otra parte, es importante mencionar que la red de haplotipos del linaje B2, mostró que tanto los Uros de Perú y Bolivia comparten varios linajes divergentes y se relacionan genéticamente con otras poblaciones altiplánicas, a diferencia de lo hallado para los grupos amazónicos del Perú, los cuales se agrupaban entre sí.

Por último, la investigación hecha con ADNmt en la provincia de Jujuy al noroeste de Argentina, indica que las poblaciones del NOA tienen una fuerte conexión con las poblaciones del círculo sur andino debido a que la frecuencia del haplogrupo B2 alcanza una cifra del 56,7%. Además, los individuos de la región de Jujuy muestran una alta diversidad genética, lo que es similar a lo encontrado en otras poblaciones circumpuneñas (Cardoso et al., 2013). A lo anterior, estudios con poblaciones modernas en Argentina indican que la mayor concentración de haplogrupos nativo americanos está en la zona norte y sur del país, mientras que la zona central tendría una mayor proporción de linajes europeos. Particularmente el norte de Argentina, la población nativa presenta un 38% de

frecuencia de haplogrupo B, mientras que la población mestiza de la misma zona alcanza un 19% de representación (Catelli et al., 2011).

Las investigaciones realizadas con ADNmt en la zona norte de Chile (ver más detalle en Apartado 5. f); develan al igual en el resto de los países que componen el círculo sur andino, las altas frecuencias del haplogrupo B2 por sobre el resto de los haplogrupos mitocondriales amerindios. De esta forma, se observa en poblaciones mestizas urbanas como Iquique que el haplogrupo B2 alcanza un valor del 30,5% (Gómez-Carballa et al., 2016); mientras que en poblaciones mestizas de localidades rurales de la zona norte la frecuencia del haplogrupo B2 alcanza un 53% en el Valle de Azapa, un 70% en el Valle de Camarones y un 48% en caleta Paposo (Moraga et al., 2016).

Por otra parte, dentro de las investigaciones realizadas con población nativa en el norte de Chile destaca de Saint Pierre et al. (2012b), quien encontró una proporción del 25% del haplogrupo B2 en Atacameños y un 10,3% en Aymara. A lo anterior, es interesante comentar que en estas dos poblaciones se encontraron además, los linajes descritos por Gómez-Carballa et al. (2018), siendo la variante B2aj hallada en ambas poblaciones con un 10,7% en Atacameños y en un 28,2% en Aymara. Las variantes B2ai y B2y se encontraron sólo en Aymara con cifras del 5,1% para ambos linajes. Por último, resulta de gran importancia mencionar que en ambas poblaciones el linaje B2-455+T, subhaplogrupo asociado también al mundo andino, fue hallado en proporciones del 21,4% en Atacameños y 15,3% en Aymara (los valores de los sublinajes de B2 fueron calculados a partir del total de la muestra).

5. e. Posible origen amazónico de las poblaciones andinas

Otro ítem que es necesario comentar en esta dinámica del poblamiento de la zona de los Andes, es su relación con la Amazonía. Evidencias arqueológicas y etnohistóricas han permitido afirmar la existencia de vínculos de tipo cultural a través del contacto entre poblaciones gracias a la hipótesis de pisos ecológicos propuesto por Murra (1975). Lo anterior en términos simples, significa que hubo relaciones entre grupos culturales debido a la comunicación existente entre los sectores de la costa, el valle y la sierra gracias a una dinámica de intercambio y contacto a través del caravaneo; propiciando el comercio y la cohesión andina. Estos contactos, a modo general, han sido asociados al establecimiento de imperios como el de Wari o Inca, que provocaron la movilización de grandes masas humanas por la zona. Si bien el registro arqueológico es bastante fragmentado dada las condiciones climáticas; estudios paleogenéticos han permitido realizar interpretaciones sobre cómo se pobló esta zona. Acorde a Lewis & Long (2008) y Rothhammer & Dillehay (2009); las poblaciones amazónicas tienen una baja diversidad genética que ha sido interpretada como resultado de un efecto fundador provocado por subgrupos sudamericanos occidentales que cruzaron los andes para poblar la zona oriental del continente. Al respecto, Fehren-Schmitz et al. (2017) comenta de acuerdo a la evidencia entregada por otros estudios realizados con marcadores nucleares, que la diversidad genética del Amazonas en general no es menor que la observada en los Andes, por lo que los patrones de diferencias genéticas intra-regionales observadas pueden deberse a procesos más recientes como la drástica disminución de población nativa producto la llegada de los europeos al continente (Llamas et al., 2016; Fehren-Schmitz et al., 2017).

En cuanto a la caracterización genética de las poblaciones insertas dentro de la región del Amazonas, desde la vertiente boliviana Corella, Pérez-Pérez, Gené & Turbón (2007) estudiaron poblaciones nativas Chimane y Mosen, grupos residentes del Departamento de Beni. En base al análisis del ADNmt, se estipuló que ambas poblaciones presentan frecuencias altas y similares de los macrohaplogrupos A y B con valores del 8,7% y 10,9%, respectivamente. Además, de acuerdo a los valores entregados por el índice de fijación o F_{ST} es importante destacar que los grupos Chimane y Mosen son genéticamente cercanos a poblaciones del centro y norte de los Andes y no a las poblaciones de la Amazonía. Este resultado, de acuerdo a las palabras de Corella et al. (2007), puede ser explicado por las altas frecuencias de los macrohaplogrupos A y B.

Desde otro ángulo, las investigaciones realizadas con ADN mitocondrial en poblaciones de la región de la Amazonía peruana, tales como Yanasha, se caracterizan por presentar a nivel de frecuencia mitocondrial altas proporciones del macrohaplogrupo B, teniendo las villas que se ubican en la zona intermedia de la selva un 39% de frecuencia, mientras que las aldeas de la zona alta de la selva muestran un 55% de representación de este haplogrupo. En base a los valores entregados por los índices de fijación, se destaca que la población Yanasha de las aldeas de la zona alta de la selva es similar con poblaciones Quechua y Aymara de Cuzco, al igual que de Puno, Tayacaja, Potosí y de Mekranati (Brasil) y Emerillon (Guayana Francesa); mientras que la población Yanasha provenientes de las aldeas intermedias se asemejan genéticamente con Quechuas de Tayacaja y el área del Titicaca, así como también con otras poblaciones amazónicas de Brasil, tales como Arawak Moxo, Kayapo, Mundurucu y Pacaas Novos (Barbieri et al., 2014). Esta similitud genética encontrada en la población Yanasha de la zona intermedia de la selva con grupos provenientes de la Amazonía, puede ser explicada por la incidencia de la frecuencia del haplogrupo D, el cual es típico del sector de la Amazonía y que en Yanasha alcanzó un 20% de frecuencia (Barbieri et al., 2014).

Di Corcia et al. (2017), por otra parte, al estudiar poblaciones peruanas nativas insertas en el bosque amazónico, tales como Ashaninka, Cashibo, Shipibo y Huambisa; ha podido establecer a nivel de frecuencias de haplogrupos mitocondriales que tanto Cashibo y Shipibo presentan altas frecuencias del macrohaplogrupo C, mientras que Ashaninka muestra un 35% de frecuencia del macrohaplogrupo D, lo cual lo hace compatible con otras poblaciones amazónicas. Por último, el grupo Huambisa muestra un 63% de frecuencia del macrohaplogrupo B2.

Por otro lado, en base a los valores entregados por el índice de fijación F_{ST} , se destaca que la única población estudiada por Di Corcia et al. (2017) que se agrupa con Quechuas y Aymara de Perú y Bolivia al igual que con Yanasha y Machiguenga, son los Huambisa; mientras que Ashaninka y Shipibo se agrupan con poblaciones del oriente de Bolivia y Perú, así como también del Amazonas de Brasil. Además, estas tres poblaciones nombradas presentan un índice de diversidad muy alto con respecto a Cashibo, ya que este último grupo se mantuvo más aislado durante los últimos siglos.

Sandoval et al. (2016) al estudiar grupos Quechua-Lamistas y Chankas –poblaciones quechua parlantes del Perú y Ecuador-, ha podido establecer por medio del análisis de la región control del ADNmt que los grupos Quechua-Lamistas se relacionan más

cercanamente con poblaciones de la Amazonía y Quechuas del Ecuador. Lo anterior, se apoya principalmente en que individuos Quechua-Lamistas no comparten haplotipos con individuos de otros grupos étnicos, lo que sugiere que podría haber una separación de varias generaciones con respecto a otros grupos amazónicos relacionados. Además, por medio del índice de fijación se pudo establecer que existe una diferenciación genética menor entre los grupos Quechua-Lamistas y los amazónicos, a diferencia de lo hallado entre los Quechua-Lamistas y grupos andinos. Por otro lado, a nivel de frecuencias mitocondriales, el haplogrupo B2 fue el que se encontró en mayor proporción entre los individuos Quechua-Lamistas; sobre todo de individuos provenientes de localidades como Waykua, Pamashto y Chumbaki.

En otro orden de cosas, resulta de gran importancia mencionar los estudios de Moraga et al. (2001) y Rothhammer et al. (2003) al estudiar muestras de ADNmt antiguo de momias excavadas en los Valles de Azapa, Tarapacá y Camarones en el extremo norte de Chile y en restos esqueléticos del sitio arqueológico Tiwanaku, respectivamente.

Rothhammer et al. (2003) señala que a nivel de frecuencias mitocondriales tanto los haplogrupos amerindios C como D alcanzaron frecuencias del 23%. Al comparar las frecuencias obtenidas con poblaciones Aymara, Quechua, Valle de Azapa y poblaciones aborígenes de la Amazonía por medio del test de F_{ST} , fue posible determinar que existe poca distancia genética entre el grupo tiwanakota con las poblaciones del Valle de Azapa, amazónicos y Quechuas. A lo anterior, para los autores la similitud encontrada entre Quechuas y el grupo tiwanakota podría estar indicando que ambas poblaciones hayan compartido ancestros comunes cuyos orígenes están en la región selvática de Bolivia (Rothhammer et al., 2003).

Por otra parte, Moraga et al. (2001) al estudiar restos prehistóricos del Valle de Azapa, ha podido establecer que tanto el haplogrupo A y C presentan cada uno una frecuencia del 31,2% de representación. Al comparar las frecuencias obtenidas con poblaciones Aymara, Atacameños, Amazonía, Pehuenche y Mapuche por medio del test de F_{ST} , se estableció que la distancia entre los restos prehistóricos de Azapa y las poblaciones aborígenes de la Amazonía es pequeña, mientras que se observaron distancias mayores entre las poblaciones del norte (Aymara y Atacameños) y sur de Chile (Pehuenche y Mapuche).

Lo relevante de ambos estudios, es que las frecuencias obtenidas para el haplogrupo B no superan el 20%, por lo que difieren completamente con lo hallado en población actual Aymara y Atacameña, en las cuales el haplogrupo B representa cerca del 70% (Rocco et al., 2002).

5. f. Estudios con ADNmt en Población Chilena

A nivel de genoma, la población chilena ha sido estructurada por tres componentes mayoritarios: uno amerindio, uno europeo y otro africano (Cussen, 2016). Sin embargo, la proporción en la que encontremos cada elemento variará según el punto geográfico en el que nos situemos y los fenómenos migratorios que pudieron haber afectado a cada una de las localidades.

Gracias a los estudios realizados con ADNmt en población chilena, hoy en día se puede contar con evidencia sobre la presencia y frecuencia de haplogrupos mitocondriales en población originaria del norte (Aymara, Atacameños) (Merriwether, Rothhammer & Ferrell, 1995; Rocco et al., 2002; de Saint Pierre et al., 2012a), población originaria del sur (Mapuche, Pehuenche, Huilliche, Yámana y Kawésqar) (Horai et al., 1993; Merriwether et al., 1995; Lalueza, Pérez-Pérez, Prats, Cornudella & Turbon, 1997; Moraga et al., 2000; García-Bour et al., 2004; García et al., 2006; Moraga, de Saint Pierre, Torres y Ríos, 2010); así como también población chilena mestiza de sectores urbanos (Gómez-Carballa et al., 2016; Vieira-Machado et al., 2016) y rurales (Apata, Arriaza, Llop & Moraga, 2017).

Los análisis efectuados en población originaria en relación a los macro haplogrupos fundadores (A, B, C y D), muestran un patrón de gradiente latitudinal a lo largo del país. Este hecho ha dado cuenta de la existencia de altas frecuencias del haplogrupo B2 en población Aymara y Atacameña (aproximadamente un 65%), mientras que el haplogrupo derivado B2i2 -ausente en el norte-, se presenta con frecuencias que oscilan entre el 10% y el 40% en poblaciones sureñas como Mapuche, Huilliche y Pehuenche. A su vez, los haplogrupos C y D aumentan en frecuencia en los sectores más meridionales, alcanzando valores del 40% en poblaciones Mapuche, Pehuenche y Huilliche, en tanto que en población Kawésqar y Yámana estas frecuencias alcanzan el 50%. Específicamente, en las poblaciones Mapuche, Pehuenche, Huilliche, Mapuche argentino y Tehuelche prima el haplogrupo C1b13 y D1g, mientras que el haplogrupo D4h3a5 es el prioritario en la población Kawésqar. Este último dato resulta de gran importancia en materias relativas al poblamiento americano y chileno, debido a que la presencia de este haplogrupo (D4h3a5) en las poblaciones actuales de la Patagonia y Tierra del Fuego, podrían estar indicando que ambos grupos serían poblaciones relictas de los primeros migrantes que se desplazaron por la costa pacífica desde Alaska hasta el Cabo de Hornos hace unos 15.000 a 20.000 años atrás. Otro factor importante de destacar, es el hecho de que la alta concentración de los haplogrupos C1b13, D1g y B2i2 específicamente en población Mapuche, sugiere que hubo movilidad reducida de las poblaciones que se asentaron a finales del Pleistoceno en nuestro país (Moraga et al., 2016).

Por otra parte, los estudios de linajes mitocondriales realizados en poblaciones mestizas chilenas se han centrado en localidades rurales como los Valles de Azapa, Camarones y caleta Paposo por el norte; el Valle de Aconcagua, por la zona central; y Carelmapu, Quetalmahue, Detif y Chiloé por la región del sur. A su vez, la población chilena mestiza urbana ha sido representada por las ciudades de Iquique, San Felipe, Los Andes, Santiago, Concepción, Temuco y Punta Arenas. De la totalidad de poblaciones estudiadas, es preciso resaltar que el mismo patrón de gradiente latitudinal observado en poblaciones originarias se replica en población mestiza. Es relevante mencionar, que la frecuencia del haplogrupo B2 alcanza un 53% en poblaciones del Valle de Azapa, un 70% en el Valle de Camarones y un 48% en caleta Paposo, mientras que en el Valle de Aconcagua alcanza valores de un 41% y en Chiloé, este haplogrupo no supera el 30% (Moraga et al., 2016). En poblaciones del norte, y particularmente en el estudio de Saint Pierre et al. (2012a), se ha podido establecer en base a la secuenciación de la región hipervariable de poblaciones Aymara y Atacameña la alta frecuencia del haplogrupo B2 en la zona. Este último punto es importante resaltar, ya que en ambas poblaciones aparecen dos sublinajes derivados del haplogrupo anterior (B2aj y B2-455+T); linajes que han sido encontrados en poblaciones bolivianas y peruanas descritas en el apartado anterior.

5. g. El Norte Grande: Prehistoria de la región de Antofagasta

Como se ha mencionado en los apartados anteriores, el vasto territorio del Norte Grande está inserto dentro de área centro sur andina, que abarca desde el río Majes (Sur del Perú) hasta el río Salado en Chañaral, para colindar al oriente con los territorios del lago Titicaca, el altiplano meridional, la zona de valles y los territorios que conforman la puna de Atacama (Niemeyer, 1989).

En términos arqueológicos, las investigaciones del sector del Norte Grande han propuesto una periodificación temporal larga y heterogénea; reconociéndose distintos periodos con diversas expresiones culturales y materiales que se vinculan estrechamente con la descripción orográfica de la zona. De esta forma, encontramos los siguientes periodos: Arcaico, Formativo, Medio, Intermedio Tardío y Tardío. Es preciso señalar, que por motivos de interés de esta memoria, las posteriores caracterizaciones de estos periodos culturales se centrarán en las regiones que hoy responden administrativamente a la Región de Antofagasta, por lo que elementos arqueológicos de la zona de Arica y Tarapacá no serán considerados.

El Período Arcaico está comprendido aproximadamente entre los 11.000 y los 4.000 A.P (Santoro, 1989; Santoro et al., 2016). Debido a la diversidad de procesos que se dieron a lo largo de casi 7 mil años de ocupación, el Periodo del Arcaico ha sido dividido en tres fases cronológico-temporales: Arcaico Temprano, Arcaico Medio y Arcaico Tardío.

El Arcaico Temprano se caracteriza porque se produce la colonización de ambientes costeros y andinos gracias a mejoras climáticas debido al Último Máximo Glacial (Santoro et al., 2016). El Arcaico Medio (8.000 y los 6.000 A.P) a diferencia del momento anterior, presenta una inestabilidad climática, que permitió el uso de territorios que no fueron considerados en la fase anterior, como los sectores costeros (Santoro, 1989; Santoro et al., 2016). Mientras que en la zona de la puna, debido a la fuerte aridización, las ocupaciones se vieron reducidas, obligando un despliegue de nuevas estrategias tecnológicas y de subsistencia para su supervivencia (Santoro et al., 2016). Por último, el Arcaico Tardío (6.000 y los 4.000 A.P) destaca por una mayor intensidad en el uso de los territorios y recursos, aparejado de una serie de cambios tecnológicos, ampliación de redes de intercambio y una estructuración de asentamientos más permanentes (Santoro, 1989; Santoro et al., 2016). Estos desarrollos fueron articulados principalmente por procesos de transhumancia (Santoro et al., 2016); entendida como una migración estacional semipermanente que permite un tipo de movilidad recurrente dentro del territorio gracias al establecimiento de circuitos de larga distancia desde y hacia las regiones transandinas y costeras para el traslado e intercambio de bienes (Santoro, 1989; Santoro et al., 2016)

El Periodo Formativo (1500 al 400 a.C) se caracteriza por ser la época de transición en el Norte Grande (Castro, Berenguer, Gallardo, Llagostera y Salazar, 2016). Tanto Núñez, Hidalgo, Schiappacasse y Niemeyer (1989) como Muñoz (1989) entienden a este período como un paso de sociedades cazadoras recolectoras a aldeanas, proceso que se caracterizó por ser lento y gradual. A pesar de la naturaleza gradual de dichos cambios, estos procesos tuvieron un gran impacto en la configuración social y material de estos grupos. La adopción de la agricultura y la ganadería, el uso de todos los espacios productivos disponibles, así como también la domesticación de camélidos en el Atacama,

facilitó que la región circumpuneña se insertara en un extenso sistema de senderos que permitió la movilidad de personas, animales, bienes y conocimientos en una red de complementariedad zonal (Castro et al., 2016). Este último punto muestra una mayor complejidad social con respecto al periodo anterior; elemento que además puede verse aparejado en una economía de producción excedentaria para entrar en las dinámicas de circulación. En relación a lo mismo, el despliegue de este tipo de economía requiere de la instauración de una vida aldeana, manifestada en diversos patrones residenciales, desarrollo ceremonial y cementerios aglutinados (Castro et al., 2016).

Desde posturas más clásicas, el desarrollo del Período Formativo está asociado fuertemente a la influencia de agentes externos provenientes del círculo andino (Muñoz, 1989; Núñez, Hidalgo, Schiappacasse y Niemeyer, 1989). Ya sea una racionalización del medio (Núñez et al., 1989), una expresión periférica de lo andino en el actual territorio chileno (Muñoz, 1989) o el impulso de poblaciones locales para inmiscuirse en las dinámicas del centro sur andino (Castro et al., 2016); lo cierto es que la experimentación con cultígenos, así como también la domesticación y el desarrollo de materialidades como textiles, cerámicos, arquitectura y metalurgia, serán telón de fondo para momentos más tardíos en la prehistoria del Norte Grande en relación a las dinámicas andinas.

El Período Medio, está fuertemente marcado por la presencia y el impacto de Tiwanaku en el área de los valles occidentales y San Pedro de Atacama (SPA). El Estado de Tiwanaku se fundó y consolidó como un centro cultural entre el 200 y el 500 d.C (Berenguer y Dauelsberg, 1989) y desarrolló una economía agropecuaria que le permitió cultivar la quínoa y la papa a pesar de las adversas condiciones del altiplano; además de dedicarse a la crianza de camélidos, hecho que les permitió proveerse de carne, lana y por sobretodo mantener un tráfico activo de sus bienes.

La expansión del Estado de Tiwanaku sobre los valles occidentales y SPA se vio reflejada directamente entre el 600 y el 1.000 d.C, a través de un control territorial que respondía a tres categorías distintas de acuerdo al rol y la posición geográfica que cada región representaba (Berenguer y Dauelsberg, 1989). Actualmente, se piensa las relaciones entre Tiwanaku y SPA fueron de un carácter indirecto, dado que las interacciones entre estos dos grupos fue de tipo reticular, donde los jefes fueron los responsables del funcionamiento de esta red de intercambios conforme a las dinámicas de la reciprocidad andina (Castro et al., 2016).

Las primeras hipótesis postuladas para este período proponen que el Norte Grande de Chile estaría enmarcado dentro de las dinámicas andinas desde el período Arcaico (Núñez y Dillehay, 1978 en Berenguer y Dauelsberg, 1989); pero el efecto más notorio (para lineamientos de esta memoria) se refleja en las tradiciones culturales de las fases Quito (400-700 d. C) y Coyo (700-900 d. C) que se despliegan en SPA. La primera fase se caracteriza por el desarrollo alfarero local de la cerámica tipo Negro Pulido y por la intromisión importante de objetos tiwanakotas en la zona, entre ellos tabletas para la inhalación de alucinógenos (Castro et al., 2016). La fase Coyo, por otra parte, destaca por la consolidación del Estado de Tiwanaku en el área, observándose una disminución de artefactos de manufactura local y un aumento de objetos tiwanakotas tales como cerámicos, hachas o tabletas en contexto fúnebre. Cabe destacar que durante esta fase SPA también hizo contacto con la Aguada en el Noroeste argentino (Castro et al., 2016).

Si bien las evidencias arqueológicas indican que no hubo un cambio significativo entre este periodo y el anterior en cuanto al área de interacción; SPA experimentó un aumento demográfico que se vio reflejado por la alta concentración de ayllus y de cementerios en la zona (Castro et al., 2016). A su vez, las comunidades atacameñas tuvieron un acceso mucho mayor a bienes foráneos, tales como plumas de aves tropicales o cerámicos tiwanakotas. Esto último, se relaciona fuertemente con el hecho de que SPA se transformó en un punto neurálgico de intercambios de productos, ideas y personas, ya sea mediante el tráfico de caravaneos o incluso mediante el establecimiento de alianzas matrimoniales o políticas (Castro et al., 2016). Esta aparente prosperidad que vivió el Oasis de Atacama, trajo consigo una serie de desigualdades sociales y conflictos que pueden evidenciarse por ejemplo en las ofrendas de los cementerios, donde no todos los entierros presentan bienes que son considerados de estatus, los que se concentran en tumbas de chamanes o jefes (Castro et al., 2016).

Se desconoce el por qué se produjo de forma tan abrupta la finalización del Periodo Medio en SPA. Además de coincidir virtualmente con la caída de Tiwanaku y la desaparición de vínculos con la Aguada; otras explicaciones al fenómeno se vinculan con el incremento de la desigualdad social y el acortamiento de las redes de tráfico (Castro et al., 2016).

El Período Intermedio Tardío (PIT; 850-1470 d.C) se vio propiciado principalmente por el colapso de Tiwanaku, formándose una serie de señoríos independientes con poder organizativo y de carácter dual que correspondieron a sociedades de rango, en las que la autoridad estaba ligada a las dinámicas de la reciprocidad, intercambio, redistribución y el prestigio (Shiappacase, Castro y Niemeyer, 1989; Castro et al., 2016). Debido principalmente a las características geográficas de la zona andina, esta serie de señoríos se vieron “obligados” a montar sistemas de eco-complementariedad; donde sus agrupaciones sociopolíticas y dirigentes establecen redes interregionales dentro de niveles de relaciones jerarquizadas en busca de recursos y bienes, ya que cada población presenta patrones agropastoriles diferenciados (Castro et al., 2016). Dentro de los patrones comunes que comparten la zona del Oasis con la cuenca del Loa, destaca principalmente la construcción de Pucarás, aldeas construidas con piedra y con muros perimetrales que están erigidas sobre promontorios con buena visibilidad hacia el valle, la pampa o la vega (Castro et al., 2016). Es preciso recalcar para este periodo, en palabras de Castro et al. (2016):

(...) Un patrón de asentamiento muy específico para esta época y diferente del anterior está inspirado en el altiplano de Omasuyo, y posiblemente asociado a migraciones poblacionales sin retorno. Comprende aldeas en laderas asociadas a cementerios en abrigos rocosos; y en la parte más alta del asentamiento el establecimiento de sectores de chullpa, además de reductos de cumbre a veces vinculadas a actividades minerometalúrgicas y en los alrededores, asociación a extensas áreas de terrazas de cultivo (p. 272).

El Período Tardío (PT; 1450 - 1532 d.C), es considerado la última fase cronológica dentro de la prehistoria chilena, período asociado a una complejidad sociocultural vinculada al Tawantinsuyo y su posterior colapso relacionado a la conquista española. Clásicamente, el PT ha sido entendido por Berenguer (1997) como un período de integración pan andina,

dada por la expansión y organización de un grupo que se vino gestando desde las inmediaciones del Cuzco.

La influencia del Tawantinsuyo tuvo una expresión directa en la movilidad poblacional a partir del sistema de mitas que organiza la fuerza de trabajo y reestructura los asentamientos y la disposición de las personas en el espacio, generando mecanismos de rotación que, en concordancia con los procesos de integración regional y dinámicas de intercambio desarrollados desde periodos anteriores, decantan en un constante flujo de contacto y migraciones en toda la región (Uribe y Sánchez, 2016). Particularmente, el PT desde la arqueología ha sido construido desde el axioma de que el Inca en las tierras chilenas toma lo que estaba establecido previo a su llegada y lo transforma para su propio beneficio. Por lo anterior, tanto los estudios clásicos (Barros Arana 1884 y 1999; Latcham, 1928; Llagostera, 1976) como los más recientes (Sepúlveda, 2004; Salazar, Berenguer y Vega, 2013; Uribe, 1999; Uribe, Adán y Agüero, 2002; Uribe y Sánchez, 2016), dan cuenta de una continuidad y cambio de una serie de materialidades que en potencia podrían dar cuenta de esta dinámica. Cabe destacar también, que el PT ha sido entendido de forma diferida de acuerdo al territorio en que nos situemos, puesto que se ha establecido en la literatura que el Inca poseía un interés particular por ecozonas como Arica, Tarapacá, el Alto Loa y SPA.

En el Alto Loa destacan dos materialidades que pueden dar cuenta de la estrategia utilizada por el Estado incaico para vincularse e interactuar con las poblaciones locales: arte rupestre y minería. Sepúlveda (2004) apuesta a decir que el Inca utilizó el arte rupestre como una forma de dominación (no violenta y paulatina), sobre todo hacia la cuenca del Río Salado. En cuanto a la minería, el Inca reorganizó y masificó los yacimientos que ya se estaban ocupando en el Intermedio Tardío. Ejemplo de esto son los yacimientos mineros de AB 22/39 y los sitios asociados AB-37 y 38, todos parte del complejo minero San José del Abra, donde se intensifican los patrones productivos, con la consiguiente instauración de un campamento habitacional (Salazar et al., 2013). Por otra parte, en SPA espacios que ya estaban establecidos desde periodos anteriores (tales como los Pucarás), sufren modificaciones a nivel arquitectónico y tecnológico, observándose construcciones poblacionales a sus alrededores y una experimentación de técnicas agrícolas y de irrigación que se traducen en extensas obras agro-hidráulicas de terrazas y canales (Uribe et al., 2002; Uribe y Sánchez, 2016). Un ejemplo tipo de lo anteriormente relatado es el Pucará de Turi, el cual presenta galpones o *callancas* (Uribe y Sánchez, 2016). Otras materialidades que no se han quedado exentas de influencia incaica son los cerámicos y textiles, tradiciones que intentan por un lado reproducir productos de estilo cuzqueño, a través de la aplicación de técnicas y decorados mucho más finos y acabados (Uribe y Sánchez, 2016).

Un último aspecto arqueológico que se ha estudiado en la zona del Norte Grande y que es común a todas las ecozonas de interés, es el Camino del Inca o el denominado Qhapaqñam. El Qhapaqñam, en general se caracteriza por mantener una rectitud, y no tener una morfología geomórfica. En este sentido, Berenguer, Cáceres, Sanhueza y Hernández (2005), proponen que el camino del Inca, permitió un contacto directo entre las entidades locales y la autoridad central, implicando una clara dominación. Así mismo, el Qhapaqñam, estaba asociado a ciertos elementos del paisaje y a enterratorios pre-incaicos, generándose así una suerte de ícono de dominación ideológica. En la zona del Alto Loa en

particular, el Camino del Inca, al no demostrarse determinado por la topografía, se devela totalmente orientado a la minería. Su cambio de lado en la Quebrada del Loa a la altura de Desencuentro, estaría asociado a la presencia de los complejos mineros El Abra y Conchi Viejo, en el lado oriental de la cordillera del medio. Según Berenguer et al. (2005), el Inca habría utilizado los poblados agrícolas ligados al Qhapaqñam para mantener funcionando el sistema minero.

5. h. Principales hitos históricos de la región de Antofagasta

Las noticias sobre las riquezas, diversidades y complejidades descubiertas en el nuevo mundo hacia finales del siglo XV trajo consigo por orden de potencias como España o Portugal, constantes expediciones de flotas para explorar, conquistar y colonizar los nuevos territorios y riquezas encontradas a lo largo del continente americano en pos de enriquecer a las monarquías de Europa. En particular, en la zona de los Andes del sur tras la caída del Tawantinsuyo en 1532, Francisco Pizarro con un grupo de soldados españoles logran conquistar el actual territorio del Perú, proceso que en gran medida se vio favorecido por el manejo de las rivalidades políticas al interior del imperio incaico, la ejecución del líder inca Atahualpa, uso de armamento desconocido para la población nativa y la introducción de nuevas enfermedades (De la Vega, 1722). Debido a la complejidad, magnitud y riqueza que caracterizó al imperio incaico, es que las huestes hispanas a partir del 1535 es que grupos ibéricos asumen por mandato conquistar y explorar el mundo andino meridional (Téllez, 1984).

La región de Atacama, en particular, fue un espacio de tránsito para las primeras campañas de la conquista, siendo a mediados del siglo XVI un espacio ocupado por entidades aborígenes que asediaron a las primeras divisiones españolas que irrumpieron el paisaje atacameño, convirtiéndose el desierto de Atacama en un espacio marginal y fronterizo de la dominación europea imperante en la periferia del sur del virreinato (Téllez, 1984). Si bien las huestes de Almagro y Valdivia transitaron por estos territorios, el primero tuvo que enfrentarse con una etnia que diseñó una estrategia de hostilización perdurable tanto para las huestes españolas como para la servidumbre peruana; mientras que el segundo pudo realizar en la zona una ligera pacificación. Como consecuencia del paso de Valdivia, se generaron alianzas estratégicas entre los Atacameños con etnias Copiapó, con el objetivo de hostigar a las contiendas hispanas (Téllez, 1984). Hacia 1550, las tareas de pacificación alternativas logran concretar definitivamente la irrupción hispana en Tarapacá y en los territorios de Copiapó hacia el sur, mientras que en la región atacameña, aun predominan los asedios a las expediciones ibéricas por parte de la población nativa (Téllez, 1984). En 1557 con la presencia del licenciado Altamirano, oidor de la Audiencia de Lima, en base “al buen tacto y, por intermedio de lenguas e indios chichas” (Téllez, 1984, p.305) como intermediarios, se pudo llamar a la paz. De esta forma, el 5 de marzo de 1557 el pueblo principal de Atacama cumplió la liturgia de la rendición (Téllez, 1984).

La fase que media entre 1557 y finales del siglo XVI, se caracterizará por la instauración jurídica de la paz y la consolidación de la misma, con algunos levantamientos insurreccionales por parte de la población nativa (Téllez, 1984). Hidalgo (2012), señala que hacia finales de siglo XVI, las autoridades hispanas no habían logrado incorporar del todo a

la sociedad atacameña en la dinámica colonial, pues no fue posible obligarlos a pagar tributo individual a la corona española, ni pudieron empadronar o censar a la población atacameña como lo hacían en otras provincias. En términos administrativos en el siglo XVI, Atacama se estableció como Corregimiento dependiente de la Audiencia de Charcas, cuya sede era Chuquisaca (actual Sucre, Bolivia), sin embargo, en algunas materias el Virrey del Perú actuaba directamente sobre ella (Cisternas, 2012).

La Colonia en el siglo XVII a nivel americano se caracterizó por ser un periodo de explotación a medias y de abandono por parte de la corona española, quien volcó su atención en las guerras vividas entre 1620 y 1650. La debilidad de los controles imperiales, permitió el desarrollo autónomo de sociedades americanas, propiciadas en gran medida por un comercio intercolonial; así como también el aumento de poder de los criollos y la consolidación de oligarquías locales en función de alianzas entre funcionarios reales y el clero (Cisternas, 2012). Para el Corregimiento de Atacama en el siglo XVII, es difícil definir el grado de autonomía que alcanzaron las elites. Sin embargo, es posible mencionar que algunos miembros del clero local participaron activamente en el comercio colonial asociado al eje comercial de Potosí (Cisternas, 2012).

En la zona de los Andes, entre el siglo XVII y la primera mitad del siglo XVIII, las autoridades virreinales trataron de reestablecer el orden colonial, dado que desde el siglo XVI, los sistemas fiscales de recaudación de dinero, tales como el tributo y la mita (basados en la explotación de la figura del indio) no estaban dando los resultados esperados. Debido a esta situación, hacia finales del siglo XVII, por orden del gobierno del virrey Duque de La Palata, fue necesidad primordial revisar los padrones de tributarios (Cisternas, 2012). Acogido a esta orden, Alonso de Espejo en 1683, quien realiza la Revisión en el Corregimiento de Atacama. Si bien la información entregada por Alonso de Espejo es de tipo fiscal y administrativo, para fines de esta memoria, la atención está puesta en la descripción realizada respecto a las condiciones de vida de la población nativa de Atacama. En particular, en Atacama la Baja (constituida por asentamientos localizados en la cuenca del río Loa, pueblos de Chiu, Calama, Caspana, Ayquina, además de Cobija); se dice que los indios se dedicaban a la arriería y trajines dado que carecían de tierras de cultivo de importancia; mientras que en Atacama la Alta (conformado por los pueblos de San Pedro de Atacama, Peine, Toconao y Socaire), los indios preferían emplearse en algún enclave minero vecino para pagar sus tributos por lo que abandonaban la provincia, a pesar de que poseían tierras fértiles para desarrollar el cultivo (Cisternas, 2012). Alonso de Espejo también nos cuenta sobre aquellos indios forasteros, quienes según La Palata eran quienes afectaban mayormente el desarrollo normal de las mitas. Particularmente en Atacama, Alonso de Espejo pesquisó solo 10 forasteros, número insignificante para la conjetura del Duque de La Palata (Cisternas, 2012).

De esta forma, los resultados de este censo colonial, que abarcó los años 1683 y 1689, muestra que en los Andes, la población mitimaya y tributaria, se trasladó a otras provincias en calidad de forasteros o yanaconas. La realización de este censo además, permitió confirmar que entidades como corregidores y el clero, intervenían efectivamente en la contabilidad tributaria. Debido a lo anterior, el Duque de La Palata decidió reordenar la extensión del pago de tributos hacia la población aborígen, en pos de revitalizar la deprimida economía colonial (Cisternas, 2012).

El Siglo XVIII para el área atacameña no trajo consigo un panorama muy distinto al vivido en el siglo XVII. Hacia la primera mitad del siglo XVIII, las autoridades coloniales se encontraban en la búsqueda de formas para aumentar los ingresos a las arcas de la corona en pos de sus súbditos andinos, así como también de terminar con los problemas de fiscalidad colonial (Cisternas, 2012). Aun en este siglo, los corregidores, curas y caciques seguían arreglando las contabilidades de los indios tributarios, pero a partir de la segunda mitad del siglo XVIII, los borbones decidieron mejorar y centralizar los cobros y recaudaciones de dinero para una mayor reorganización fiscal y reconquistar Las Indias. Es por esto que en la década de 50', el Conde de Superunda, cabecilla virreinal, mandó a efectuar censos de carácter provincial, entre los que se cuenta la Revisita de Atacama del Corregidor Manuel Fernández Valdivieso de 1751-1756 (Cisternas, 2012).

La Revisita al Corregimiento de Atacama, muestra a modo general el empoderamiento de las elites, la iglesia y los caciques; siendo estos últimos en su mayoría los más “perjudicados” por parte del Estado colonial, dado que eran los responsables de recaudar los tributos de los Atacameños dispersos. La Revisita del Corregimiento de Atacama además, da cuenta de una serie de dificultades para recabar la información necesaria, dado principalmente al fuerte patrón de dispersión y movilidad que caracterizaba a la población Atacameña, el uso de categorías fiscales clasificatorias de quienes debían ser empadronados, la situación de los forasteros y por último, el registro erróneo de indios en calidad de mestizos o españoles (Cisternas, 2012). El trabajo de Cisternas (2012) sintetiza información demográfica tanto de población total como de crecimiento/decrecimiento de población en base a la información entregada por las Revisitas de los años 1683 y 1751. De esta forma, se puede afirmar con respecto a la Tabla 1, que la diferencia en el total de población entre una Revisita y otra es bastante holgada, siendo en la primera 1.975 indios contabilizados versus 2.643 en 1752 (Cisternas, 2012).

Tabla 1: Tabla resumen población total Revisitas años 1683 y 1751.

Ayllus o Pueblos	Revisita 1683			Revisita 1751		
	Hombres	Mujeres	Total	Hombres	Mujeres	Total
Conde Duque	108	129	237	151	179	330
Sequitur	48	53	101	103	111	214
Coyo	73	83	156	62	55	117
Betere	-	-	-	66	69	135
Solo	78	88	166	124	140	264
Solcor	60	62	122	61	64	125
Toconao	146	174	320	218	225	443
Soncor	50	41	91	65	78	143
Socaire	80	90	170	79	91	170
Peine	51	46	97	82	96	178
Total Atacama La Alta	694	766	1460	1011	1108	2119
Chiuchiu	62	62	124	107	119	226
Caspana	107	98	205	45	68	113
Ayquina	-	-	-	30	34	64
Calama	33	29	62	38	28	66
Cobija	65	59	124	34	21	55
Total Atacama La Baja	267	248	515	254	270	524
Total	961	1014	1975	1265	1378	2643

Fuente: Cisternas, 2012.

Por otra parte, en base a la lectura de la Tabla 2, se desprende que hacia la segunda mitad del siglo XVIII, Atacama experimentó un crecimiento poblacional del 33,82%, siendo localidades como Sequitur de Atacama la Alta las que presentan un mayor aumento poblacional (Cisternas, 2012). A diferencia de lo vivido en Atacama la Alta, es importante mencionar el decrecimiento poblacional que experimentó la localidad de Cobija en Atacama la Baja; elemento que llama la atención profundamente dado que informes coloniales de la época insistían en que el comercio marítimo ofrecía dinamismo en la economía colonial (Cisternas, 2012).

Tabla 2: Tabla resumen crecimiento y decrecimiento de población indígena Revisitas años 1683 y 1751.

Ayllus o Pueblos	Hombres	Mujeres	Total
Conde Duque	39,81	38,76	39,24
Sequitur	114,58	109,43	111,88
Coyo/Betere	75,34	49,40	61,54
Solo	58,97	59,09	59,04
Solcor	1,67	3,22	2,46
Toconao	49,32	29,31	38,44
Soncor	30	90,24	57,14
Socaire	-1,25	1,11	0
Peine	60,78	108,70	83,51
Total Atacama La Alta	45,68	44,65	45,14
Chiuchiu	72,58	91,94	82,26
Caspana/Ayquina	-29,91	4,08	-13,66
Calama	15,15	-3,45	6,45
Cobija	-47,69	-64,41	-55,65
Total Atacama La Baja	-4,87	8,87	1,75
Total	31,63	35,90	33,82

Fuente: Cisternas, 2012.

Por último, es necesario mencionar que en términos administrativos, dado la influencia de las reformas borbónicas, tanto Atacama como la Audiencia de Charcas en 1776 pasaron a formar parte del Virreinato de La Plata, mientras que para 1782, Atacama dejó de ser un Corregimiento y se convirtió en una subdelegación dependiente de Potosí (Cisternas, 2012).

El trabajo de Bittmann (1977), por otra parte, muestra un panorama general del desarrollo del periodo colonial en la costa de la región de Antofagasta entre los siglos XVI y XVIII. Acorde a este autor, hacia la llegada de los españoles y en particular en la localidad de Cobija (hoy caleta pesquera ubicada entre Tocopilla y Antofagasta); existió una población indígena estable pero pequeña que fue distinguida por la literatura con diversas categorías tales como Uros, Camanchacas, Proanches o Changa; que a diferencia de los “atacamas”, eran mucho más mansos y se dejaban evangelizar. Esta población indígena de la costa pacífica, se considerará extinta hacia la década del 1890 (Henríquez, Moraga, Llop y Rothhammer, 2004).

En relación a los primeros contactos con los españoles, fuentes historiográficas describen que en la costa pacífica llegaron navíos españoles y de corsarios, y que además Cobija funcionó como puerto de actividades comerciales a lo largo de la costa y hacia el interior de la región. Desde un punto de vista administrativo, a partir del siglo XVI el Puerto de Cobija perteneció al Corregimiento de Atacama (dependiente de la Audiencia de Charcas) y del Obispado de la Plata (Bittmann, 1977). Sobre los siglos XVII y XVIII, poco se sabe sobre los eventos que marcaron la vida colonial en Cobija. Hacia comienzos del siglo XVII, fuentes

historiográficas relatan que el Puerto de Cobija dependía del curato de San Francisco de Chiu; mientras que para el siglo XVIII la historiografía muestra un escenario mucho más heterogéneo, donde las costas pacíficas eran visitadas constantemente por navíos franceses y había un tráfico comercial con el interior del altiplano (Bermudez, 1967). Al igual que en años precedentes, los contactos entre la costa y el interior siguieron dándose, pues se relata que los indígenas de la costa iban a dejarles pescado a los caciques instalados en el interior o bien, que el trueque fue una estrategia económica cotidiana para la obtención de otros tipos de alimentos (Bittmann, 1977).

Con respecto a los censos en épocas coloniales, existe poca información sobre el número total y la ancestría de los habitantes del Puerto de Cobija. Bittmann (1977) logra estimar a partir de libros eclesiásticos, que entre el período de 1600 a 1750, en su totalidad hubo alrededor de 192 a 195 núcleos familiares, sin un número promedio claro sobre la cantidad de integrantes que compone cada familia. Con respecto a la ancestría de los habitantes de Cobija, el sustrato principal corresponde a población indígena (ya sean Uros, Changos, Proanches, etc.) que durante este mismo periodo acostumbraba a establecer vínculos de parentesco (matrimonios, por ejemplo) con personas procedentes de otros lugares costeros, en específico cercanos al puerto del Loa, Morro Moreno y Copiapó (Bittmann, 1977). También, en base a registros parroquiales se tiene noción de que en Cobija había una pequeña población de origen español que residía allí de forma permanente, pero no se tiene mayor información al respecto. Por último, otro segmento de la población fue el componente negroide, sin saber a ciencia cierta cuántos eran, se sabe que al parecer no eran residentes permanentes en el pueblo de Cobija y que eran esclavos del clero y corregidores de la zona (Bittmann, 1977).

El siglo XIX trajo consigo un paisaje heterogéneo para la Región de Antofagasta debido principalmente al proceso de independencia y formación de la República de Bolivia entre los años 1809 y 1825. El siglo XIX, entonces, dará cuenta de dos procesos diferenciados para la costa pacífica y el interior, pues fue preocupación constante de los primeros gobiernos bolivianos habilitar y comunicar al puerto de Cobija con el interior de Bolivia (Cajías, 1976). En el aspecto administrativo, el distrito de Atacama, perteneció a la Prefectura de Potosí entre los años 1825 y 1829, alcanzando la provincia de Litoral su independencia gubernamental hacia 1829 debido a que era considerada como la única provincia que entregaba ventajas comerciales para la República bolivariana (Cajías, 1976). Posteriormente, hacia el año 1839, finalmente el centro de Cobija y Atacama la Baja (conformada por Chiu, Caspana, Ayquina Calama, Conchi y parte de Cobija) desplazarán en importancia a Atacama la Alta (formada por San Pedro de Atacama, Toconao, Soncor, Socaire, Peine) (Cajías, 1975).

En términos demográficos, hacia inicios de la República de Bolivia, se calculó que la población total de la Provincia de Atacama eran 4.500 habitantes, existiendo en Cobija desde tiempos coloniales el mismo sustrato chango o indígena. Hacia mediados del año 1827 con la integración de la figura del Estado y el comercio privado, se propició el cambio y el aumento de la población en el puerto, destacándose bolivianos (mayoritariamente indígenas), chilenos, argentinos, europeos (españoles y franceses) y peruanos. Resulta importante destacar que la nacionalidad chilena entre el período de 1832 a 1840 pasó a ser la segunda nacionalidad con mayor representación en la zona (Cajías, 1975).

Por otra parte, la historiografía chilena narra que hacia la segunda mitad del siglo XIX, la exploración de los territorios de la actual región de Antofagasta fue una actividad recurrente para cualquiera que buscara enriquecerse en base a la explotación de algún tipo de mineral. Dentro de estos exploradores, destaca la figura del chileno Juan “Chango” López, quien desde 1845 a 1866 recorrió y estudió los territorios de la costa pacífica de la región de Antofagasta hasta Perú. Tras años de ir y venir, en 1866 decide instalarse en La Chimba (actual ciudad de Antofagasta), convirtiéndose así en el primer habitante de este lugar. La instalación de López en la zona trajo consigo el arribo de nuevos habitantes, entre ellos miembros de su familia, un funcionario público boliviano (quien debía resguardar y administrar los bienes económicos del país) y otros exploradores con capital a invertir en la explotación del nitrato de soda a partir de los territorios concesionados por parte del gobierno boliviano. Desde un punto de vista administrativo, La Chimba -hoy Antofagasta-, dependía de la Prefectura Departamental de Cobija (Bermudez, 1967).

A partir del año 1867 el poblamiento de Antofagasta tomará forma, pues fue principalmente la concesión minera chilena Sociedad Exploradora del Desierto de Atacama quien debió tomar responsabilidad de habilitar y poblar el lugar por medio de la instalación de puertos, Oficinas Salitreras y ferrocarriles (Garcés, 1999). De esta forma, los registros historiográficos señalan que para el año siguiente, el número de la población estable no era superior a unos pocos cientos de personas, quienes en su mayoría eran chilenos que se desempeñaban en labores como cargadores del puerto, carpinteros, operarios, peones y algunos pocos comerciantes. Debido a que Cobija fue devastado por un terremoto y la fiebre amarilla entre los años 1868 y 1869, el poblamiento de Antofagasta se vio aún más reforzado (Bermudez, 1967).

Un segundo hito que marcó la década del 70' para la ciudad de Antofagasta, fue el descubrimiento y posterior explotación de la mina de plata de Caracoles. Este factor, que trajo consigo la afluencia ininterrumpida de mineros de todas las regiones de Chile, promovió también el desarrollo de estructuras como carreteras que cambiaron completamente la fisonomía del lugar. Así, en los primeros años de esta década, el Puerto de Antofagasta logra desplazar en importancia al de Cobija, pues esta caleta se transformó en el punto de partida de todos aquellos que quisieran probar suerte con la explotación algún tipo de mineral. Relevante es mencionar que la población para ese entonces se había cuatriplicado, alcanzando los 3.000 habitantes. Acorde al censo realizado por la Municipalidad de Antofagasta en 1875, la población total de lugar era de 5.384 habitantes, siendo 4.530 pobladores de nacionalidad chilena (Bermudez, 1967).

Respecto a las localidades ubicadas en el interior de la región, la historiografía da muy poca información sobre ellas, pues no tuvieron relación alguna con el proceso de industrialización que se estaba llevando a cabo en la costa. A pesar de esto, se señala que en la década del 70' Calama fue la única que tuvo algo de relevancia, pues allí existían posadas que usaban arrieros que transportaban mercancía desde Cobija a Potosí. Se menciona también que el total poblacional era de unos 700 habitantes, en su mayoría indígenas bolivianos (Bermudez, 1967).

Hacia el final de la década del 70', como resultado de la Guerra del Pacífico (1879), Chile anexó las provincias salitreras de Tarapacá y Antofagasta. A partir de ese momento, el gobierno de Chile debió optar por continuar la política salitrera peruana o aplicar un

impuesto alto a la exportación y dejar que la industria se desarrollara según la conducta de los empresarios (González y Leiva, 2016). Producto de las condiciones políticas y administrativas se adoptó la segunda alternativa, lo cual tuvo consecuencias trascendentales en el primer tercio del siglo XX a nivel de regiones salitreras, industria y economía (González y Leiva, 2016). Tras la anexión de los territorios de Tarapacá y Antofagasta, Chile se convirtió en la principal potencia de exportación de salitre a Europa, lo que permitió en gran medida reactivar la economía nacional, urbanizar el país, comenzar un ciclo de expansión, además de traer como consecuencia la migración sostenida de población chilena a los nuevos territorios incorporados. Esto último no sólo permitió llenar plazas en las industrias salitreras, sino que también facilitó la “chilenización” del lugar (Gazmuri, 2014; Escobar, 2013). De esta forma, en 1885 el territorio de Antofagasta tenía 21.213 habitantes, siendo el 59,29% hombres y el 40,71% mujeres (Escobar, 2013). Desde este punto, hasta la década de 1930, el crecimiento de la población se multiplicó aceleradamente, propiciada por la existencia de la gran cantidad de empleos y por la expansión económica (Escobar, 2013). Dentro de este crecimiento poblacional, es importante mencionar el efecto de las migraciones entre las diferentes regiones de Chile. Entre los inmigrantes nacionales que se registran en la provincia de Antofagasta, destacan aquellos procedentes del Norte Chico, específicamente de la provincia de Atacama y Coquimbo.

Por otra parte, mientras se desarrollaba el auge salitrero en la costa entre los años 1880 y 1930, la explotación cuprífera en los sectores del interior de la región (Calama y Chuquicamata) se manifestaba aún de forma marginal. Sin embargo, la incidencia del emergente mineral en Chuquicamata, anticipaba ya el polo de atracción que englobaría posteriormente al área de Calama a partir de la segunda mitad de la década del 1910 (González, 2011). Así, podemos ver que a partir de 1.907 hubo un incremento poblacional importante en el campamento minero de Chuquicamata y Calama en desmedro de los poblados precordilleranos. De esta forma, Calama pasó de 2.856 habitantes en 1907 a 3.175 en el año 1920 hasta situarse con 5.407 personas en 1930. Por otro lado, el campamento de Chuquicamata pasó de 9.715 a 13.346 habitantes entre los años 1920 y 1930 (González, 2011).

Otro aspecto a considerar es la importante migración de colonias argentinas entre el período de 1880 y 1930 en el área precordillerana de la provincia de Antofagasta, siendo los nodos urbanos de Calama y Chuquicamata y los agropecuarios de San Pedro de Atacama y Toconao los de mayor interés para los trasandinos (González, 2011). González (2011) en base a los registros de documentación de Extranjería, ha podido determinar que la procedencia de la mayoría del contingente argentino proviene de las provincias de Salta, Jujuy y Catamarca.

Con lo que respecta a la zona del interior de la región, en el año 1925 se vivió un período de reestructuración político administrativa, pues se creó el Departamento de El Loa con su capital Calama (González, 2011), iniciativa que se vio apoyada por la relativa prosperidad por la que atravesaba la actividad minera e industrial del sector, la explosión demográfica y las demandas sociales que de ello surgían (Sanhueza y Gundermann, 2007).

En la década del 30', el éxodo masivo hacia las provincias del sur y el cierre de las oficinas salitreras fue el principal escenario que marcó este decenio. Esta situación, trajo un periodo

de estancamiento tanto a nivel de ciudad como de región que perduró por lo menos dos décadas. Será hacia la década del 50' que con la impulsión de leyes asociadas a la extracción y exportación de cobre y a la baja de impuestos aduaneros a los productos alimenticios; que la provincia de Antofagasta resurgirá y crecerá nuevamente, ahora siendo el cobre quien reemplace la bonanza del salitre (Rojas, 2016). La posterior chilenización del recurso minero en la década del 60' y la nacionalización de éste en la década del 70', sumado a los mejores precios en el mercado internacional fueron uno de los tantos antecedentes que propiciaron esta nueva ola de bonanza (Rojas, 2016).

6. Planteamiento del Problema

La región de Antofagasta, a pesar de sus difíciles condiciones climáticas, ha mostrado una compleja historia a lo largo del tiempo, la que comenzó hace miles de años con sus primeros habitantes. Evidencia arqueológica ha revelado un poblamiento continuo de esta área, lo que ha propiciado un importante desarrollo cultural, con evidencia de una alta movilidad entre la costa, valles altos y regiones andinas aledañas. En tiempos más recientes, Antofagasta ha continuado con sus estatus de polo de desarrollo, primero gracias al salitre y actualmente gracias a la minería, atrayendo migrantes de diferentes zonas del país, enriqueciendo su historia local. A partir de lo relatado en los antecedentes y con el objetivo de ahondar en la historia microevolutiva de la región, se derivan las siguientes preguntas:

¿Existe evidencia de una estructuración poblacional espacial entre la costa y los valles altos en la región de Antofagasta, Chile?

¿Cuál es la relación filogenética de las poblaciones de la región de Antofagasta con el resto de poblaciones chilenas?

Por otra parte, numerosas investigaciones tanto arqueológicas como bioantropológicas han mostrado una compleja relación entre las poblaciones del círculo sur Andino, propiciada principalmente por una importante red de caravaneo de productos que se mantuvo durante miles de años, la cual incluyó elementos de origen tan lejanos como plumas de pájaros tropicales. Esto ha llevado a algunos investigadores a proponer una relación de origen entre las poblaciones amazónicas y las poblaciones andinas, la cual, hasta la fecha no ha podido ser comprobada a nivel genético. A partir de la intensa red de tráfico que existió entre poblaciones del círculo sur andino, incluyendo el Amazonas surge la siguiente pregunta:

¿Existe evidencia genética que relacione a las poblaciones andinas con poblaciones amazónicas?

7. Hipótesis:

Considerando que: a) la evidencia arqueológica, etnohistórica, genética y bioantropológica demuestra un poblamiento temprano y continuo en el área, b) que la evidencia arqueológica e histórica muestra evidencias de alta movilidad entre las zonas de la costa pacífica, los valles interiores y el área circumpuneña y c) el efecto en la composición genética en la población de la región de Antofagasta tras las migraciones recientes en el contexto salitrero y cuprífero a finales del siglo XIX y principios del siglo XX; se postula la siguiente hipótesis:

Existe una estructuración genética espacial entre las poblaciones que habitan la región de Antofagasta.

Predicciones:

1. Se encontrarán diferencias en las frecuencias de sublinajes de ADN mitocondrial entre la zona costera y los valles altos, así como también una distancia genética alta entre ambos lugares.
2. Las poblaciones de los valles altos de la región de Antofagasta comparten linajes específicos encontrados en poblaciones nativas del norte de Chile, como por ejemplo B2aj y B2-455+T; además de no presentar linajes propios de poblaciones del sur de Chile, como B2i2 y D1g.
3. Las poblaciones de los valles altos de la región de Antofagasta presentarán una distancia genética baja con respecto a poblaciones nativas del norte de Chile.

Considerando que a) la evidencia arqueológica, genética y bioantropológica muestra una relación compleja y antigua entre el área sur-andina y el Amazonas b) investigaciones de índole molecular han propuesto un origen amazónico de las poblaciones andinas, se postula la siguiente hipótesis:

Existen relaciones de tipo genético entre las poblaciones provenientes de la región de Antofagasta y la Amazonía.

Predicciones:

1. Las poblaciones de la región de Antofagasta comparten sublinajes con las poblaciones del Amazonas.
2. Las poblaciones de la región de Antofagasta y del Amazonas presentan una distancia genética baja entre ambas.

8. Objetivos:

8. a. Objetivo General:

Analizar la estructuración genética espacial de las poblaciones de las ciudades de Antofagasta y Calama y estudiar su relación con otras poblaciones chilenas y de la región Sur-Andina a través de sus linajes mitocondriales.

8. b. Objetivos Específicos:

1. Describir los haplogrupos mitocondriales de dos poblaciones de la región de Antofagasta: Antofagasta (zona costera) y Calama (valles altos), a través de la secuenciación de la región hipervariable del ADN mitocondrial.
2. Comparar las de frecuencias de haplogrupos mitocondriales para ambas ciudades: Antofagasta (costa) y Calama (valles altos).
3. Examinar la relación genética de las poblaciones Antofagasta y Calama con otras poblaciones chilenas.
4. Examinar la diferenciación genética existente entre las poblaciones Antofagasta y Calama con respecto a la zona de los Andes del Sur (Perú, Bolivia, Argentina) y Amazonas.

9. Materiales y Métodos:

9. a. Muestra

La realización de la presente Memoria de Título se inserta dentro del Proyecto Fondecyt N° 11150453 titulado “Análisis y descripción de mitogenomas, haplogrupos mitocondriales y de cromosoma Y amerindios en el norte de Chile, comuna de San Pedro de Atacama”. Con lo que respecta a la muestra, se cuenta con un total de 424 muestras que fueron tomadas en las ciudades de Antofagasta y Calama en Septiembre del 2016. Las muestras obtenidas corresponden a individuos masculinos y femeninos mayores de 18 años que cumplieran como requisito ser nacidos en la zona del Norte Grande del país (teniendo como límite sur la ciudad de Copiapó), así como también que sus antecesores consanguíneos directos hubiesen nacido dentro de estos límites geográficos. Debido a esto, es menester destacar que como criterio de exclusión se estableció conocer a priori el origen “foráneo” (nacidos fuera de los límites del Norte Grande de Chile) de la familia del participante.

Para lo anterior, se solicitaron 2 ml de saliva y éstas fueron conservadas en buffer. La información sobre el lugar de procedencia, se obtuvo a través de un breve cuestionario sobre el lugar de nacimiento del participante, así como de sus padres y abuelos (tanto maternos como paternos). Es de consideración, que todo participante firmó un consentimiento informado con los requerimientos estipulados y aprobados por el Comité de Ética de la Investigación de la Facultad de Ciencias Sociales de la Universidad de Chile (Rol de aprobación 042_21/2015).

Debido al gran volumen de muestras salivales obtenidas, se procedió posteriormente a reducir este número de acuerdo a un criterio geográfico, priorizando que el nacimiento de la abuela materna de todos los donantes haya sido dentro de los límites del Norte Grande; haciendo especial énfasis en la región de Antofagasta. En caso de no contar con el dato de lugar de nacimiento de la abuela materna, se optó por considerar el lugar de nacimiento de la madre. De esta forma, el número total de muestras con las que se trabajó fue de 192. Una vez acotada la cantidad de muestras a trabajar, se categorizaron de acuerdo con el lugar de nacimiento específico de la abuela materna (o la madre) en relación a las localidades o ciudades en las que se realizó el muestreo; quedando las categorías:

Tabla 3: Categorización muestras de interés de acuerdo al lugar de nacimiento de la abuela materna o la madre de los participantes.

Categorías	Lugares de Nacimiento de la abuela materna
Población Costera	Antofagasta, Mejillones y Tocopilla
Calama y Chuquicamata	Calama y Chuquicamata
Pueblos Aledaños (con respecto a Calama)	Salta, Toconao, Machuca, Pueblo Hundido, Río Grande, San Pedro de Atacama, Ayquina, Lasana, Toconce, Frontera de Bolivia y Argentina, Ollagüe, Caspana, Socaire y Cerdas.
Oficinas Salitreras	Oficina María Elena, Oficina Pedro de Valdivia, Oficina Victoria*, Humberstone, Salitrera Catalina, Baquedano, Salitrera Chacabuco, Oficina Anita, Oficina Pampa Unión, Oficina Salitrera Potrerillo y Salitrera Agua Santa

*Oficina Victoria es una oficina Salitrera ubicada en Iquique.

9. b. Métodos

i. Extracción de ADN

Para la extracción de ADN desde la saliva se utilizó el protocolo modificado de Quinque et al., (2006). Para esto, se utilizó 1 ml de la solución de saliva/buffer, el cual se mezcló con 15 µL de proteinasa K, para luego ser incubado a 53°C toda la noche en un mixer rotatorio con el objetivo de romper la matriz celular y posibilitar la liberación del ADN. Posteriormente se siguió el protocolo clásico de extracción de ADN, que incluyó agregar 200 µL NaCL 5M e incubar en hielo la solución durante 10 minutos. Posteriormente se procedió a centrifugar las muestras a 13.000 r.p.m por 10 minutos y se transfirió el sobrenadante a un nuevo tubo. Luego, se le agregó a cada muestra 800 µL de isopropanol frío y se mezcló por inversión. Esto se dejó incubar por 10 minutos a temperatura ambiente. Una vez que acabó el tiempo de espera, se procedió a centrifugar las muestras a 13.000 r.p.m por 15 minutos. Después se eliminó el isopropanol y se dejó evaporar a temperatura ambiente. Luego de ese paso, se agregó 1 ml de etanol al 75%, se centrifugaron las muestras a 13.000 r.p.m durante 5 minutos y se descartó nuevamente el sobrenadante. Tras eso, las muestras se dejaron reposar en un *termoblock* a 60°C hasta que todo el etanol se hubiese evaporado. Finalmente, el producto de la extracción se resuspendió en 100 µL de agua libre de nucleasas.

ii. Amplificación y secuenciación

Para la Región Hipervariable del ADN mitocondrial se amplificó por PCR 1026 pares de bases entre las posiciones 16032–16544 (HV1) y 51-555 (HV2-HV3) para todas las muestras recolectadas. Las condiciones de amplificación son descritas por Moraga et al. (2000), aunque de todas formas fueron resumidas en las Tablas 4 y 5.

Tabla 4: Condiciones de amplificación de PCR (para un volumen final de 25 µl).

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

Tabla 5: Primers utilizados para la amplificación del D-Loop.

Linaje Mitocondrial	Marcador	Partidores	Posición Partidor (5'→3')	T°
D-Loop	Secuencias	M1 (F) M14	CACCATTAGCACCCAAAGCT AGGGTGAACCTCACTGGAACG	60°

Para la secuenciación y purificación del PCR se recurrió a los servicios de secuenciación automática disponibles (Macrogen Inc, Corea del Sur), donde se utilizaron diversos partidores para dicha tarea. Dada la dificultad de secuenciar el fragmento entre la posición 315 y 450 pb del ADNmt, se diseñaron 2 partidores extras (B473R y B646R) con el objetivo de resecuenciar las muestras difíciles. El diseño se realizó a mano, directamente sobre la secuencia de referencia numerada en el programa Sequencher 5.2 de Gene Codes (www.genecodes.com) y teniendo en cuenta las recomendaciones básicas respecto al diseño de partidores, como el tamaño, temperatura de alineamiento y contenido CG (ver Tabla 6).

Tabla 6: Partidores utilizados para la secuenciación de linajes mitocondriales.

Partidores	Posición Partidor (5' a 3')	Referencia Partidor
M1 (F)	CACCATTAGCACCCAAAGCT	Moraga et al., 2000.
M3 (F)	GGTCTATCACCCCTATTAACCACT	Moraga et al., 2000.
M3 (R)	GTGGTTAATAGGGTGATAGAC	Moraga et al., 2000.
MM5	CCCCTCCCCATGCTTACAA	Gallimany, 2015.
B597R	GAGGAGGTAAGCTACATAAACT	Moraga et al., 2000
B473R	TGTATTGATGAGATTAGTAG	Este trabajo.
B646R	GGCTAGGACCAAACCTATTTG	Este trabajo.
M14	AGGGTGAACCTCACTGGAACG	Moraga et al., 2000.

iii. Revisión de Cromatogramas y alineamiento

Una vez obtenidos los cromatogramas, con el programa Sequencher 5.2 de Gene Codes (www.genecodes.com), se revisó directamente cada cromatograma usando la secuencia de referencia de Cambridge (rCRS, Andrews et al., 1999) con el objeto de construir una planilla Excel con los polimorfismos detectados. Una vez identificados los polimorfismos de cada secuencia; con la utilización de bases de datos como MitoTool (<http://www.mitotool.org>) y Phylotree (<http://www.phylotree.org/>, van Oven & Kayser, 2009), se determinaron los haplogrupos mitocondriales para cada individuo. Al término de esta tarea, se procedió a alinear todas las secuencias con el programa Mega versión 6 (Tamura et al., 2013).

iv. Análisis estadísticos y análisis de datos

Dentro de los análisis estadísticos contemplados, una vez determinados los haplogrupos mitocondriales en base a la detección de polimorfismos, se calculó la frecuencia de los haplogrupos mitocondriales en base a conteo directo. Esta labor se hizo tanto para el total de las muestras obtenidas (n=424) como para las muestras de interés de acuerdo a las categorizaciones geográficas (n=192; Población Costera, Calama y Chuquicamata, Pueblos aledaños a Calama y Oficinas Salitreras). Una vez obtenidas las frecuencias absolutas, se graficaron los datos.

Por medio del programa Arlequín 3.01 (Excoffier et al., 2005), se procedió a calcular los índices de diversidad molecular (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 2 pares de secuencias; y π : Diversidad Nucleotídica) y test de neutralidad (D de Tajima y prueba de Fu) en base a secuencias parciales del D-Loop. El primero se realizó con el objetivo de estimar la probabilidad de que dos individuos escogidos al azar de cierta población presenten diferente haplogrupo mitocondrial; mientras que el segundo se aplicó para establecer si las poblaciones de interés están experimentando eventos de expansión poblacional o cuellos de botella. Ambas pruebas sólo fueron aplicadas a las categorías geográficas creadas para la muestra de interés y fueron realizadas en base al uso de secuencias debido a que el poder resolutivo de esta metodología es mucho mayor, con respecto al uso de frecuencias.

Mediante el uso de este mismo programa, se calculó el índice de F_{ST} en base a secuencias parciales del D-Loop, para observar la estructuración poblacional de las poblaciones de interés en relación con otras poblaciones disponibles en la red (Genbank), tales como población nativa chilena (Aymaras, Atacameños, Mapuche, Huilliche y Pehuenche), Andes del Sur, NOA y Amazónicos. En base a los valores entregados por este test, se pudo establecer si estas poblaciones presentan diferencias genéticamente significativas entre sí y además, se construyeron dendrogramas Neighbor-Joining con el programa MEGA Versión 6 (Tamura et al., 2013). Tanto la obtención de los valores de distancia génica como los dendrogramas se hicieron por separado: uno con las muestras de interés y población nativa chilena y otro con las muestras de interés, la población nativa chilena y población de los Andes del Sur, NOA y Amazonía.

Por último, con las secuencias agrupadas según macrohaplogrupo mitocondrial (A, B, C y D), se realizaron análisis de redes por separado, eliminando los sitios 16519 y 152 de los

análisis por ser altamente homoplásicos en la mayoría de los casos (Soares et al., 2009). Los cálculos fueron desarrollados con el programa Network 5.0.0.3 (www.fluxus-engineering.com) y se utilizó como algoritmo Median-Joining y Máxima Parsimonia como opción de post-procesamiento para crear redes de haplotipos.

10. Resultados

10. a. Frecuencias linajes mitocondriales

Para el total de muestras obtenidas (n=424), la representación de frecuencias haplotípicas fue graficada de acuerdo a las dos ciudades en donde se realizó el muestreo.

i. Antofagasta

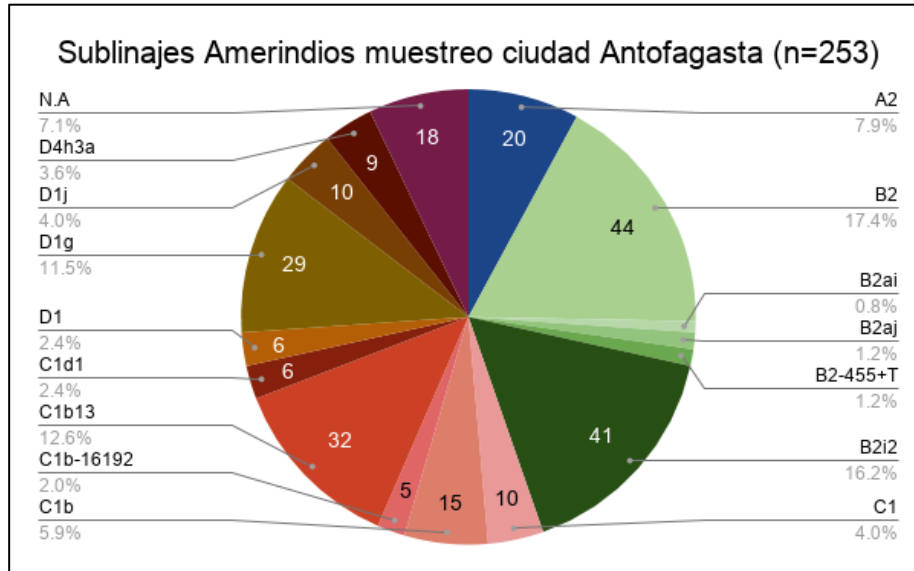


Gráfico 1: Sublinajes mitocondriales presentes en la ciudad de Antofagasta: En azul: linajes del macrohaplogrupo A; en verde: linajes del macrohaplogrupo B; en rojizos: linajes del macrohaplogrupo C; en café: subhaplogrupos del macrohaplogrupo D y en magenta: linajes no amerindios (N.A). Dentro de cada corte de la torta se encuentra la cantidad de individuos presentes para cada subhaplogrupo.

ii. Calama

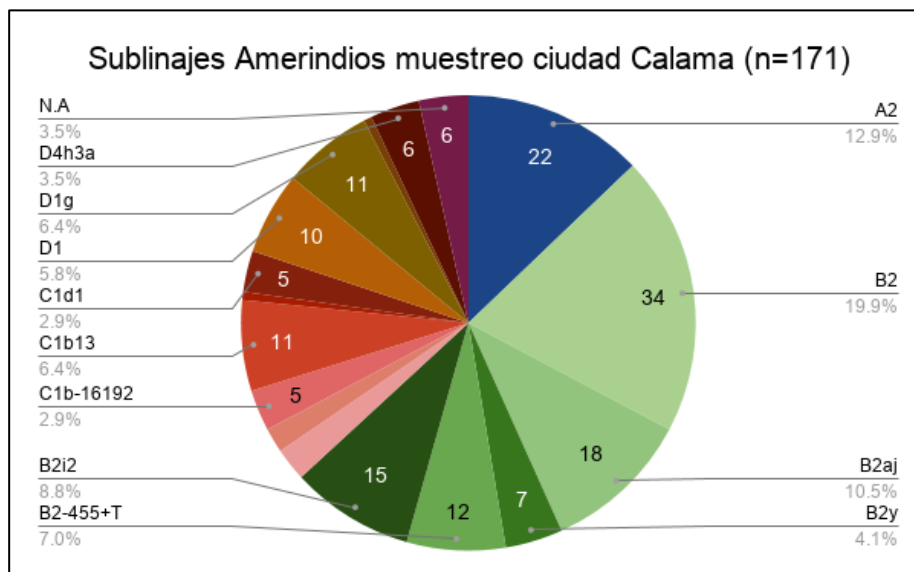


Gráfico 2: Sublinajes mitocondriales presentes en la ciudad de Calama: En azul: linajes del macrohaplogrupo A; en verde: linajes del macrohaplogrupo B; en rojizos: linajes del macrohaplogrupo C; en café: subhaplogrupos del macrohaplogrupo D y en magenta: linajes no amerindios (N.A). Dentro de cada corte de la torta se encuentra la cantidad de individuos presentes para cada subhaplogrupo.

I. Linajes Amerindios

Las frecuencias de linajes mitocondriales para la ciudad de Antofagasta y Calama dan cuenta de un predominio de haplogrupos mitocondriales amerindios (A, B, C y D), con una representación del 92,9% y 96,5%, respectivamente.

En específico, el linaje A2 tuvo una frecuencia cercana al 8% en el muestreo realizado en Antofagasta, mientras que en Calama el valor de este haplogrupo alcanza casi un 13%.

De los linajes derivados del macrohaplogrupo B, la frecuencia del linaje B2 para el muestreo realizado en Antofagasta arrojó un valor del 18,4%, en cambio en Calama la frecuencia alcanzada fue de un 24,6%. Es importante mencionar que, a diferencia de lo hallado en Antofagasta, en el muestreo realizado en Calama hay una representación mayoritaria de linajes de carácter andino derivados del haplogrupo B2, presentando B2aj un 10,5% de frecuencia y B2-455+T un valor del 7%. En relación con lo descrito en anterioridad, sólo dentro del muestreo realizado en Calama se puede observar la presencia del linaje B2y con un 4,1% de representación; clado que como se mencionó, puede ser encontrado a lo largo del continente americano por la vertiente pacífica hasta la zona norte de Chile (Gómez-Carballa et al., 2018). El linaje B2i2, por otra parte, tiene un 16,4% de representación en la ciudad de Antofagasta y un 8,8% en Calama.

Con respecto al macrohaplogrupo C, podemos observar que la presencia de linajes derivados de este macrohaplogrupo es mucho más variada en las muestras obtenidas en Calama que en Antofagasta, encontrando en la primera ciudad al menos 6 sublinajes. A pesar de esto, para ambos sitios de muestreo, el subhaplogrupo C1b13 es el más frecuente, con una presencia del 12,8% en Antofagasta y 6,4% en Calama. Por otra parte, el linaje C1 y C1b en la ciudad de Antofagasta alcanzan frecuencias del 4% y 5,9%, respectivamente, mientras que los subhaplogrupos C1-16192 y C1d1 para la misma ciudad no superan el 2,5%. A diferencia de lo hallado en Antofagasta, en el muestreo realizado en Calama, la frecuencia de los haplogrupos señalados anteriormente (C1, C1b, C1b-16192 y C1d1) no superan el 3%, respectivamente.

Del macrohaplogrupo D, dentro de las muestras recolectadas en la ciudad de Antofagasta destacan 3 sublinajes importantes: D1g, con un 11,6% de prevalencia; D1j con una frecuencia del 4% y D4h3a con un 3,6%. Para Calama, por otro lado, son los linajes D1, D1g y D4h3a los más relevantes, con un 5,8%, 6,4% y 3,5%, respectivamente.

A groso modo, podemos establecer que en el muestreo realizado en Calama se encontró mayor representación de haplogrupos vinculados a las poblaciones del norte de Chile y el altiplano, a diferencia de Antofagasta, donde la mayoría de los subhaplogrupos se vinculan con la región centro sur de nuestro país y Argentina, lo que muestra un efecto mayor en la costa de la de la migración campo ciudad vivida en nuestro país.

II. Linajes No Amerindios

Del total de linajes mitocondriales, los haplogrupos no amerindios (N.A) alcanzaron una frecuencia de 7,1% en Antofagasta, mientras que en Calama no superaron el 3,5%. En general, linajes encontrados provienen del continente africano y europeo.

De esta forma, dentro de las muestras recolectadas en Antofagasta tenemos el haplogrupo H. Este linaje tiene un origen en el Medio Oriente y una datación de hace unos 45 mil años atrás. El haplogrupo H, se caracteriza por tener una distribución geográfica muy amplia en Europa, además de tener altas frecuencias en estas poblaciones (Achilli et al., 2004; De Fanti et al., 2015).

El haplogrupo T2 (encontrado sólo en las muestras de Antofagasta), tiene una representación del 8% en Europa Occidental y un 5% en el Cercano Oriente. Acorde a Pala et al. (2012), este linaje tiene una antigüedad de 21 mil años y está presente también en las zonas del mediterráneo y Europa central. En específico, el linaje T2c (presente también dentro de las muestras obtenidas en Antofagasta) comparte el origen en el Cercano Oriente alrededor del Último Máximo Glacial (hace unos 18,5 mil años atrás), presentando dispersiones mucho más recientes en Europa (hace unos 10 mil años atrás). Este linaje también, ha sido encontrado en Chipre, la región del Golfo y Europa Mediterránea.

El haplogrupo HV0, por otra parte, se encontró tanto en las muestras de Antofagasta como de Calama. Este haplogrupo es un linaje que tiene una coalescencia muy antigua en la península itálica, teniendo una estructura muy divergente entre el norte y el sur de la misma. El origen de este clado probablemente se remonta hacia el área de Asia Occidental y Central. En general, este haplogrupo es poco común en Europa, teniendo frecuencias que oscilan entre el 0% y 10%. Sin embargo, es en países como España, Italia o incluso Irán donde se pueden observar las más altas frecuencias (en Irán, por ejemplo, alcanzan un 19% a 24%) (De Fanti et al., 2015).

El último linaje europeo presente tanto en las muestras de Antofagasta y Calama es el U5a1. En términos generales, el haplogrupo U5 ha sido reconocido por la literatura como un linaje que ha evolucionado esencialmente en Europa (Malyarchuk et al., 2010). En particular, el linaje U5a1 tiene su haplotipo fundador en la población Checa, pero este subhaplogrupo está distribuido en poblaciones del centro y este de Europa. Se estima que la antigüedad de este linaje está cerca del final del Último Máximo Glacial hace unos 18 mil años atrás.

Desde el continente africano, dentro de las muestras recolectadas en Antofagasta, pudimos encontrar los linajes L0a, L1c, L2a, L2d, L3, L3d2b, L3e1, L3e1d y L3e3, mientras que en Calama se encontraron sólo los linajes L0a y L3e1.

A modo general, se puede afirmar que el macrohaplogrupo L está geográficamente limitado al área de África subsahariana y que está dividido en los haplogrupos L0 a L6 y son los linajes más antiguos conocidos. En particular, el haplogrupo L0a tuvo su origen probable en el área oriental de África, siendo muy común en el este, centro y suroriente de África. Este haplogrupo es muy poco común en la zona norte, occidente y meridional del África (Gonder, Mortensen, Reed, de Sousa & Tishkoff, 2010).

L1c, por otra parte, ha sido encontrado en el área del centro de África asociado a la población Bantu hablante y su origen probablemente se remonta cerca de la costa atlántica en el oeste del África ecuatorial (Gonder et al., 2010).

Con respecto al origen geográfico de los haplogrupos L2a y L2d, no se tiene claridad exacta de dónde ocurrió este fenómeno. Sin embargo, se cree que el origen para el haplogrupo L2a está entre el este y el oeste de África, desde donde se dispersó por el corredor de Sahel (Salas et al., 2002). A pesar de que no se tenga claro un lugar de origen para este haplogrupo, se conoce que es el haplogrupo más frecuente y extendido en África. Por otro lado, el haplogrupo L2d, tiene su origen en la zona oeste de África y su distribución está confinada hacia esa zona y el centro del continente (Salas et al., 2002).

Por último, el haplogrupo L3e es el más extendido, frecuente y antiguo del clado L3, cuyo origen geográfico está en el área central de África, cercano a Sudán hace unos 45 mil años atrás. En particular los haplogrupos L3e1 y L3e3 han sido encontrados comúnmente en la población Bantú parlante en el sudeste africano. Sin embargo, el haplogrupo L3e1 alcanza su distribución hacia el área de África subsahariana, mientras que L3e3 llega hacia el área occidental del continente (Salas et al., 2002).

Es preciso resaltar que este último linaje y L1c han sido encontrados en gran proporción (49%) en muestras de Brasil, específicamente en la región nororiental y parte de la suroriental (Alves-Silva et al., 2000). Acorde a este mismo autor, la mayoría de los linajes africanos en Brasil provienen principalmente de la parte central del continente, pero hay un número importante de haplogrupos que vienen del occidente de África (como L3d y L1b, linajes no presentes en nuestras muestras). La presencia de linajes africanos en este país es explicada por las constantes olas migratorias de esclavos que se produjeron a partir de mediados del siglo XVI por demandas de las colonias portuguesas para poder explotar minas de oro y diamante, así como también plantaciones de café y azúcar. Al respecto, entre los años 1551 y 1850; 3,5 millones de africanos arribaron a las costas brasileñas (Alves-Silva et al., 2000).

El componente africano, si bien tuvo una concentración importante en Brasil, tuvo alcances hasta en los lugares más recónditos del continente americano. En el territorio nacional, datos históricos reportan que desde que colonos europeos ocuparon la región que se conoce como Chile, hubo un flujo constante de africanos esclavizados que en un comienzo viajaron desde los puertos de España junto con sus amos (Cussen, 2016). Posteriormente, se reporta que un mayor número de esclavos africanos fueron traídos desde la costa occidental de África hasta Cartajena de Indias para luego ser transportados por tierra o mar hasta Lima, donde colonos de todo el reino de Chile podían adquirir esclavos para las más diversas tareas (Cussen, 2016). Es con la creación del Virreinato del Río de la Plata en el siglo XVIII, que los esclavos africanos llegaban desde África o Brasil hacia Buenos Aires y desde allí eran transportados a pie o en carreta a través de los Andes (Cussen, 2016). Ya hacia el final de la época colonial, los esclavos africanos viajaban como carga en barcos que pasaban por el Cabo de Hornos hacia los puertos del Pacífico (Cussen, 2016).

En Chile, los colonos que adquirían esclavos africanos no tuvieron interés por conocer los orígenes, lugares de nacimiento ni nombres ni apellidos de los padres de sus esclavos; por lo que hoy no se cuenta con este tipo de información para poder rastrear sus linajes. Lo que

sí se sabe, es que la distribución de los esclavos africanos en Chile fue bastante dispareja, pero dado el tipo de actividades en las que se desempeñaban, se cree que comúnmente se concentraban en áreas mineras y urbanas como minas del norte chico y Santiago (Cussen, 2016).

Es preciso resaltar a nivel de frecuencias mitocondriales, que en nuestro país la presencia del linaje L resulta muy escasa, tal y como lo demuestra Gómez-Carballa et al. (2016) al encontrar sólo 11 de 995 individuos chilenos mestizos con algún haplogrupo africano (1,1%). Llama fuertemente la atención, que dentro de las 424 muestras analizadas en este estudio, se encontró un 2,8% de representación de linajes africanos, lo que es casi 3 veces lo encontrado por Gómez-Carballa et al. (2016). Si se analiza y se incorpora con mayor detenimiento la situación de los linajes No Amerindios a las categorías geográficas creadas para la submuestra de interés (n=192); vemos que los linajes africanos representarían el 4,7%, mientras que en Calama y Chuquicamata sería el 6%, lo que es una diferencia importante a lo encontrado por otras investigaciones.

III. Localidades

Se analizaron las frecuencias de los haplogrupos amerindios siguiendo un criterio geográfico de agrupación, tomando en cuenta el lugar de nacimiento de la abuela materna o madre de los participantes de este estudio, independiente del lugar de toma de muestra. Los grupos creados fueron: Población Costera, Calama y Chuquicamata, Pueblos aledaños a Calama y Oficinas Salitreras (ver Figura 3). Podemos observar en primera instancia, que el total de linajes mitocondriales presentes para las muestras de interés (n=192) son de origen amerindio (A, B, C y D).

Con respecto a la “Población Costera” (ver Figura 3), se observa que hay una mayor predominancia de subhaplogrupos encontrados en poblaciones del centro y sur de Chile como B2i2 con un 19,2%, C1b13 con una frecuencia del 9% y D1g con una representación del 12,9%. Es importante destacar que dentro de los linajes encontrados para esta población, hay un 6,4% de representación del linaje raro D4h3a y un 3,8% del subhaplogrupo D1j; el primero presente en todo el continente americano en bajas proporciones (Perego et al., 2010) y el segundo a la región particular del NOA (García, Pauro, Nores, Bravi & Demarchi, 2012). No está demás decir que a pesar de que hay una presencia del 14,1% del linaje B2, reiterativo en la zona norte del país y el altiplano; existe una nula representación de sus haplogrupos derivados, tales como B2aj y B2-455+T

Al igual que en la “Población Costera”, en la agrupación “Calama y Chuquicamata”, el componente mayoritario de linajes representados corresponden a haplogrupos que se pueden encontrar en la zona centro sur de nuestro país, como B2i2 con una frecuencia del 18%, C1b13 con un 6.6% y D1g con un 8.2%. A diferencia de lo encontrado en “Población Costera”, en la agrupación “Calama y Chuquicamata” existe una mayor presencia del linaje A2 con un 13,1% versus un 11,5%. Además, a diferencia de lo encontrado en “Población Costera”; hay una mayor presencia del linaje B2 con un 21,3% de frecuencia, al igual que de sus subhaplogrupos derivados como B2aj con un 9,8% y B2-455+T con un 3,3%; ambos recurrentes en población nativa del norte de Chile y el altiplano.

En particular, las localidades pequeñas (“Pueblos aledaños a Calama”), reflejan un panorama completamente distinto a lo descrito en los párrafos anteriores (ver Figura 3). Es aquí donde más del 70% del espectro muestral, responde a linajes mitocondriales amerindios del macro haplogrupo B, en específico aquellos que son asociados a población nativa del norte y el altiplano. De esta forma, el 21,9% de los individuos estudiados se vinculan con el haplogrupo ancestral B2, mientras que B2aj y B2-455+T presentan cada uno un 25% de frecuencia.

Es menester señalar que en esta agrupación (“Pueblos aledaños a Calama”) no hay presencia ni del linaje B2i2 y D1g, elementos característicos de poblaciones nativas y mestizas del centro sur de Chile. Con respecto al resto de los otros macrohaplogrupos amerindios, es necesario destacar que el macrohaplogrupo C es uno de los más diversos, siendo C1b el que tiene mayor presencia (6,3%).

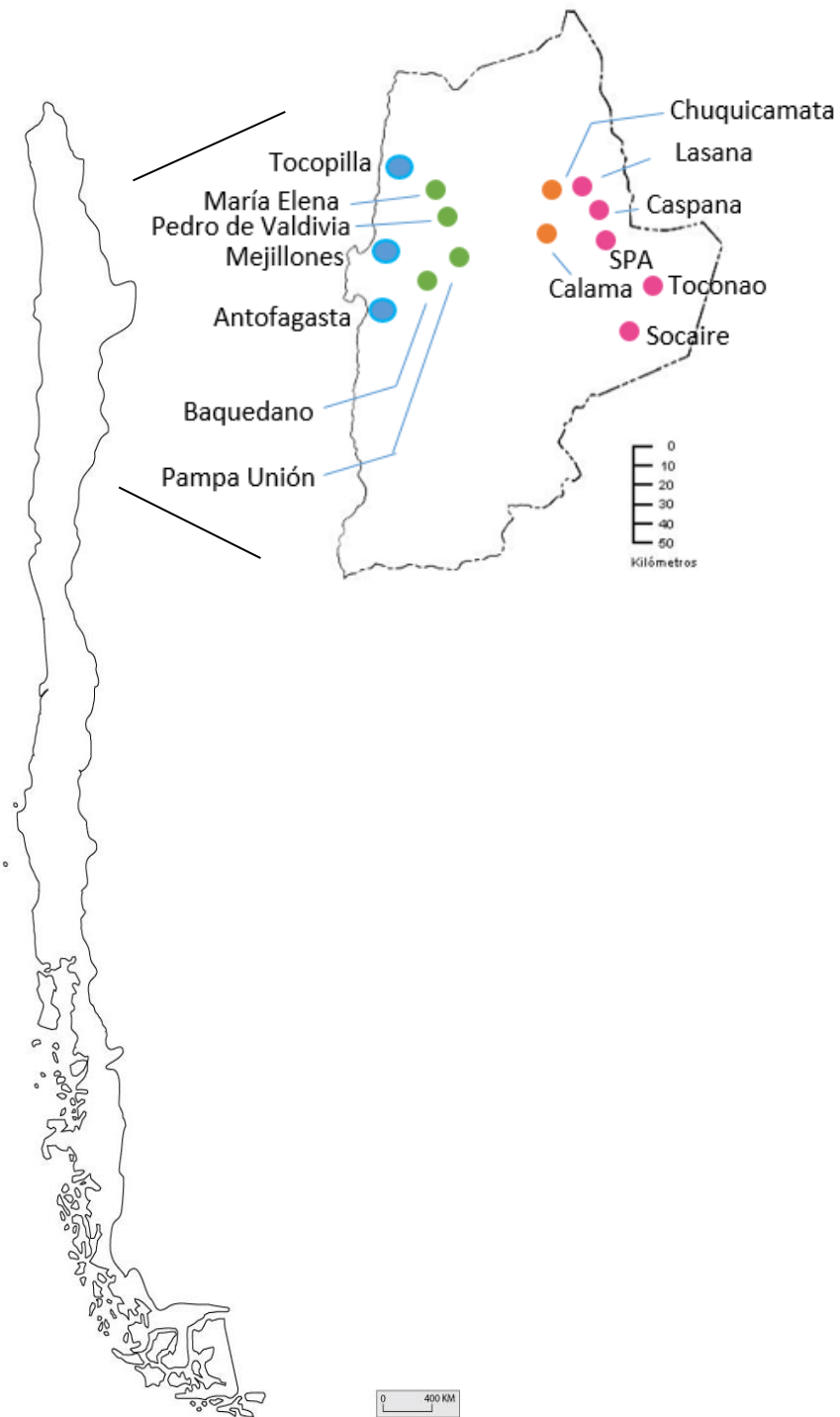
En lo referente al macrohaplogrupo D, podemos encontrar sólo dos linajes: D1 (con un 6,3% de presencia) y D1j (3,1% de representación); siendo este último asociado a poblaciones del NOA (García et al., 2012).

Las “Oficinas Salitreras”, al ser un conglomerado construido para conocer la procedencia de los individuos que llegan a estos enclaves; se caracteriza por mostrar una gran diversidad de haplogrupos (ver Figura 3). A pesar de que el subhaplogrupo B2 tiene la mayor representación con un 23,8% dentro del espectro muestral, es con la presencia de los distintos linajes de los macrohaplogrupos C y D que se aprecia esta heterogeneidad debido a que se encuentran presentes linajes que están en todo el continente americano (como D4h3a con un 9,5% de presencia); población procedente del centro sur de Chile (ejemplificados con los haplogrupos B2i2 con un 4,8% y D1g con un 14,3%) y/o población vinculada con el NOA (con el haplogrupo D1j con un 4,8%).

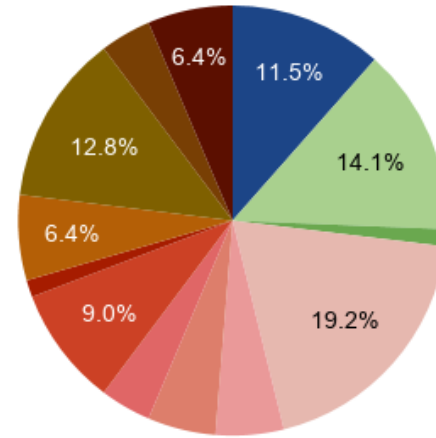
A diferencia de todas las otras agrupaciones, es en las “Oficinas Salitreras” donde se encuentra con mayor representación el linaje C1d1 con un 13,6%; linaje que no tiene una restricción geográfica y que puede ser encontrado en todo el continente americano (Perego et al., 2010), sin embargo en poblaciones Chilenas se encuentra en baja proporción.

Un elemento que llama la atención y que es común exclusivamente entre las “Oficinas Salitreras” y “Calama y Chuquicamata”; es que ambas categorías presentan el haplogrupo B2y en proporciones similares, vale decir, 4,8% en la primera y 4,9% en “Calama y Chuquicamata”. A lo anterior, es importante señalar que lo mismo sucede con el haplogrupo B2ai, el cual, si bien está presente en ambas categorías, muestra variaciones porcentuales siendo un 4,8% en “Oficinas Salitreras” y 1,6% “Calama y Chuquicamata”. No está de más recordar, tal y como se mencionó en algunos apartados anteriores, que el subhaplogrupo B2ai puede ser encontrado con frecuencias del 4% casi exclusivamente en el área andina de Perú y Bolivia, pero también está presente en áreas Ecuador y el norte de Chile (Gómez-Carballeda et al., 2018).

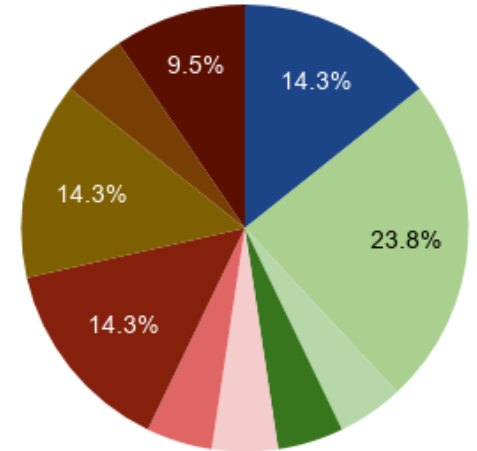
Figura 3: Mapa y frecuencias de sublinajes amerindios de muestra de interés categorizada de acuerdo a origen geográfico de la abuela materna o la madre. En gráficos los colores azul y verde son linajes asociados a población atacameña, Aymara y andes sur.



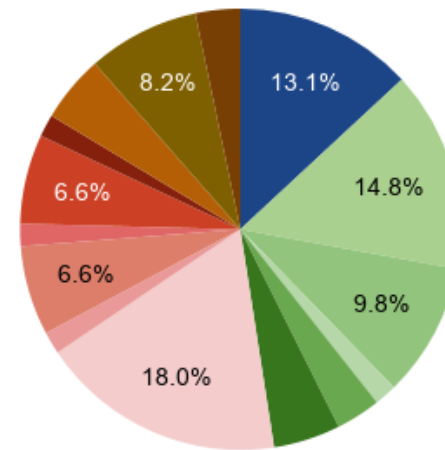
● Población Costera (n=78)



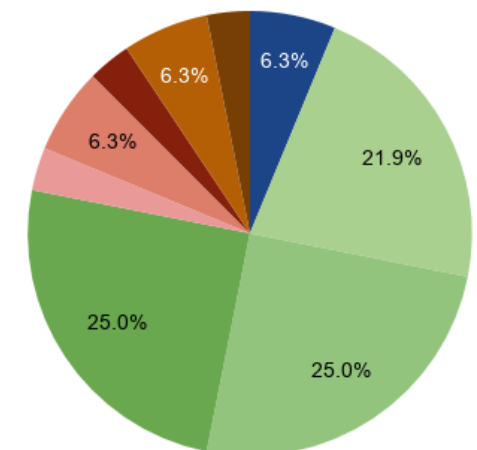
● Oficinas Salitreras (n=21)



● Calama y Chuquicamata (n=61)



● Pueblos aledaños a Calama (n=32)



- A2
- B2
- B2ai
- B2aj
- B2-455+T
- B2y
- B2i2
- C1
- C1b
- C1b-16192
- C1b8
- C1b13
- C1d1
- D1
- D1g
- D1j
- D4h3a

10. b. índices de Diversidad Molecular

Con el objetivo de estimar la probabilidad de que dos individuos escogidos al azar de cierta población presenten diferente haplogrupo mitocondrial, se calculó la diversidad haplotípica con la prueba de Tamura-Nei. La aplicación de este estimador en las categorías geográficas creadas, fueron resumidas en la Tabla 7. En base a la observación de los valores de diversidad haplotípica (Hd), podemos decir que no existe una diferencia importante entre las categorías geográficas; sino que más bien todas presentan valores altos y similares entre sí. Este dato, podría estar hablándonos de poblaciones que han experimentado importante nivel de migración o que las poblaciones en cuestión están en expansión demográfica. A pesar de esto, la agrupación que presenta el menor valor corresponde a los “Pueblos aledaños a Calama” (0.986), mientras que la que tiene la más alta diversidad es “Calama y Chuquicamata” (0.996).

Por parte de los valores promedio para diferencias entre 2 pares de secuencias (K), se puede afirmar que todas las agrupaciones presentan cifras que son bastante similares entre sí, sin embargo destacan “Oficinas Salitreras” y “Población Costera” como los valores más altos dado que los linajes que componen cada agrupación son muy diversos entre sí. Además, es importante destacar que aquellos linajes que componen ambas agrupaciones tienen una profundidad temporal mayor, a diferencia por ejemplo de lo obtenido en los “Pueblos aledaños en Calama”, donde no hay mayor cantidad de linajes foráneos.

Por último, en materias de Diversidad Nucleotídica (π), al igual que todos los otros índices comentados; no existen grandes diferencias entre las agrupaciones creadas. En particular, son las “Oficinas Salitreras” las que tienen un valor más alto y los “Pueblos aledaños a Calama” los que tienen las cifras más bajas. Esto nuevamente puede ser explicado porque la primera agrupación presenta mayor cantidad de componentes distintos, mientras que el segundo no tiene ningún tipo de linaje foráneo.

Tabla 7: Índices moleculares básicos (Tajima-Nei) de categorías geográficas establecidas.

Población	n	h	S	Hd	K	π
Oficinas Salitreras	21	20	79	0.995	16.257	0.013
Pueblos Aledaños a Calama	32	26	87	0.986	13.536	0.011
Calama + Chuquicamata	61	54	113	0.996	14.192	0.012
Población Costera	78	63	114	0.993	14.834	0.012

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 2 pares de secuencias; (π): Diversidad Nucleotídica.

10. c. Test de Neutralidad

Con la finalidad de establecer si las poblaciones de interés están experimentando eventos de expansión poblacional o cuellos de botella, se llevaron a cabo dos índices para visualizar este fenómeno (ver Tabla 8). En base a los valores negativos entregados por la prueba D de Tajima se propone que todas las poblaciones de interés muestran expansión poblacional, mas al contrastar los valores obtenidos con el p-valor para cada categoría no hay significancia estadística. Por otro lado, la prueba de Fu, al igual que el test anterior, muestra que estas poblaciones están experimentando expansión poblacional, siendo prácticamente todas las relaciones estadísticamente significativas para las categorías creadas. Por otra parte, si bien todas las categorías geográficas muestran este comportamiento, tanto la “Población Costera” como “Calama y Chuquicamata” muestran los más altos valores en contraste con “Oficinas Salitreras” y “Pueblos aledaños a Calama”. Una posible explicación a este fenómeno puede estar relacionada con la migración campo ciudad producida en la segunda mitad del siglo XIX, entregando de esta forma nuevos haplotipos que no estaban presentes originalmente.

Tabla 8: Test de neutralidad: pruebas D de Tajima y Fu para las categorías geográficas establecidas.

Población	Tajima's D	p	Fs	p
Oficinas Salitreras	-1.114	0.142	-6.846	0.009
Pueblos Aledaños a Calama	-1.378	0.082	-8.063	0.001
Calama+Chuquicamata	-1.423	0.072	-24.283	0.051
Población Costera	-1.313	0.091	-24.196	0

Simbología: p: p-valor siendo $p=0,05$.

10. d. Redes de Haplotipos

Con el propósito de observar los patrones de variación y diversidad presente en el espectro muestral, se procedió a construir redes de haplotipos usando el algoritmo de Median-Joining. Para esto, las secuencias fueron agrupadas en base a los macrohaplogrupos A, B, C y D y cada análisis se hizo por separado. En general (y dependiendo del caso), sitios homoplásicos como el 16.519 fueron eliminados, mientras que al resto de los sitios homoplásicos se les bajó el peso molecular para evitar reticulaciones en las redes.

i. Macrohaplogrupo A:

Dentro de los 192 individuos estudiados, el 11,5% presenta el haplogrupo A2. Tal y como se observa en la Figura 4, la red de haplotipos obtenida es bastante sencilla, siendo todos los haplotipos de la “Población Costera” y “Oficinas Salitreras” –mayoritariamente- derivados de un haplogrupo central que se encuentra presente tanto en los “Pueblos Aledaños a Calama” y “Calama y Chuquicamata”, lo que muestra para este linaje un posible origen en los valles altos de la zona.

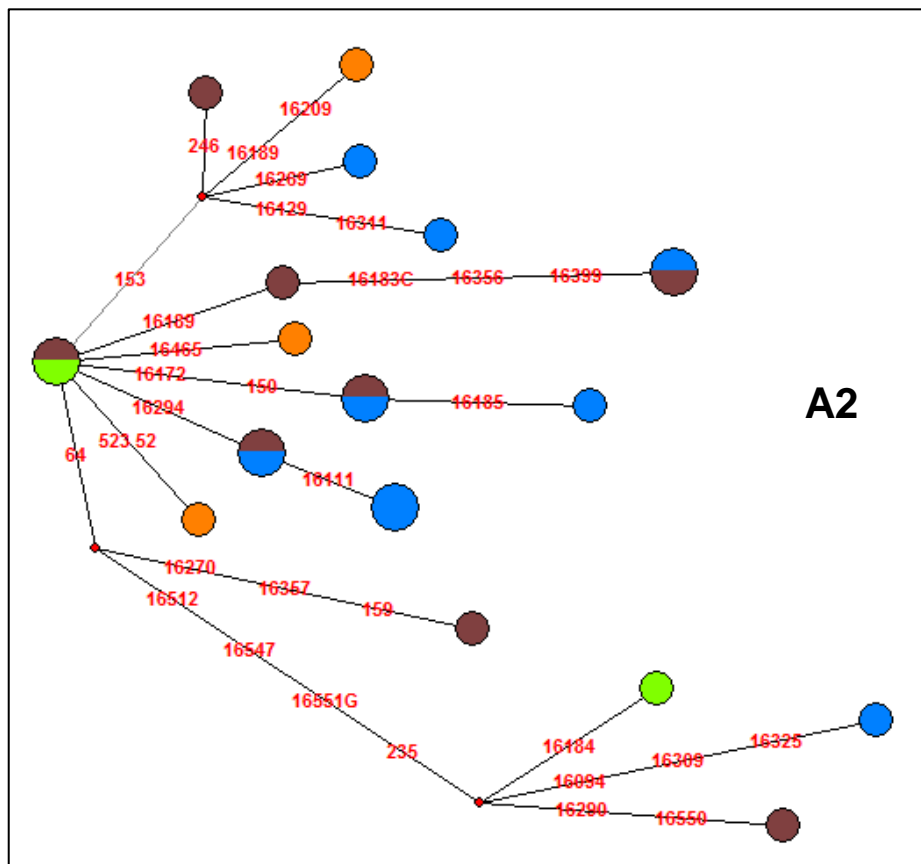


Figura 4: Red de haplotipos del haplogrupo A2. En azul: individuos de la Población Costera; en verde: individuos provenientes de Pueblos aledaños a Calama; en anaranjado: individuos procedentes de Oficinas Salitreras y en café: individuos cuyo origen está en Calama y Chuquicamata. Sobre cada rama se puede observar en rojo las mutaciones que caracterizan e individualizan un linaje de otro.

ii. Macrohaplogrupo B:

De la muestra total obtenida para el desarrollo de esta memoria, el 46,9% de los individuos estudiados pertenecen al macrohaplogrupo B. Como se observa en la Figura 5, la red de haplotipos construida para este macrohaplogrupo es bastante compleja, teniendo como nodo central el haplogrupo B2 ancestral, del cual derivan el resto de los haplotipos presentes en la red.

En la Figura 5, por ejemplo, se observa que la rama del linaje B2-455+T está constituida mayoritariamente por individuos que provienen de los “Pueblos aledaños a Calama”, seguido de aquellos que son de “Calama y Chuquicamata”. Esta situación es bastante similar a lo que sucede con la rama del linaje B2aj, siendo mayormente representados los individuos de los “Pueblos aledaños a Calama”, secundados por aquellos nacidos en “Calama y Chuquicamata”.

Por otro lado, la rama del subhaplogrupo B2i2 nos muestra una situación bastante enmarañada, donde mutaciones características de este linaje (207 y 470) se grafican de forma reticulada. A pesar de esto, es clara la tendencia sobre la composición poblacional de esta rama, siendo la “Población Costera” el mayor componente. Al igual que en el linaje anterior, los individuos de “Calama y Chuquicamata” secundan esta situación.

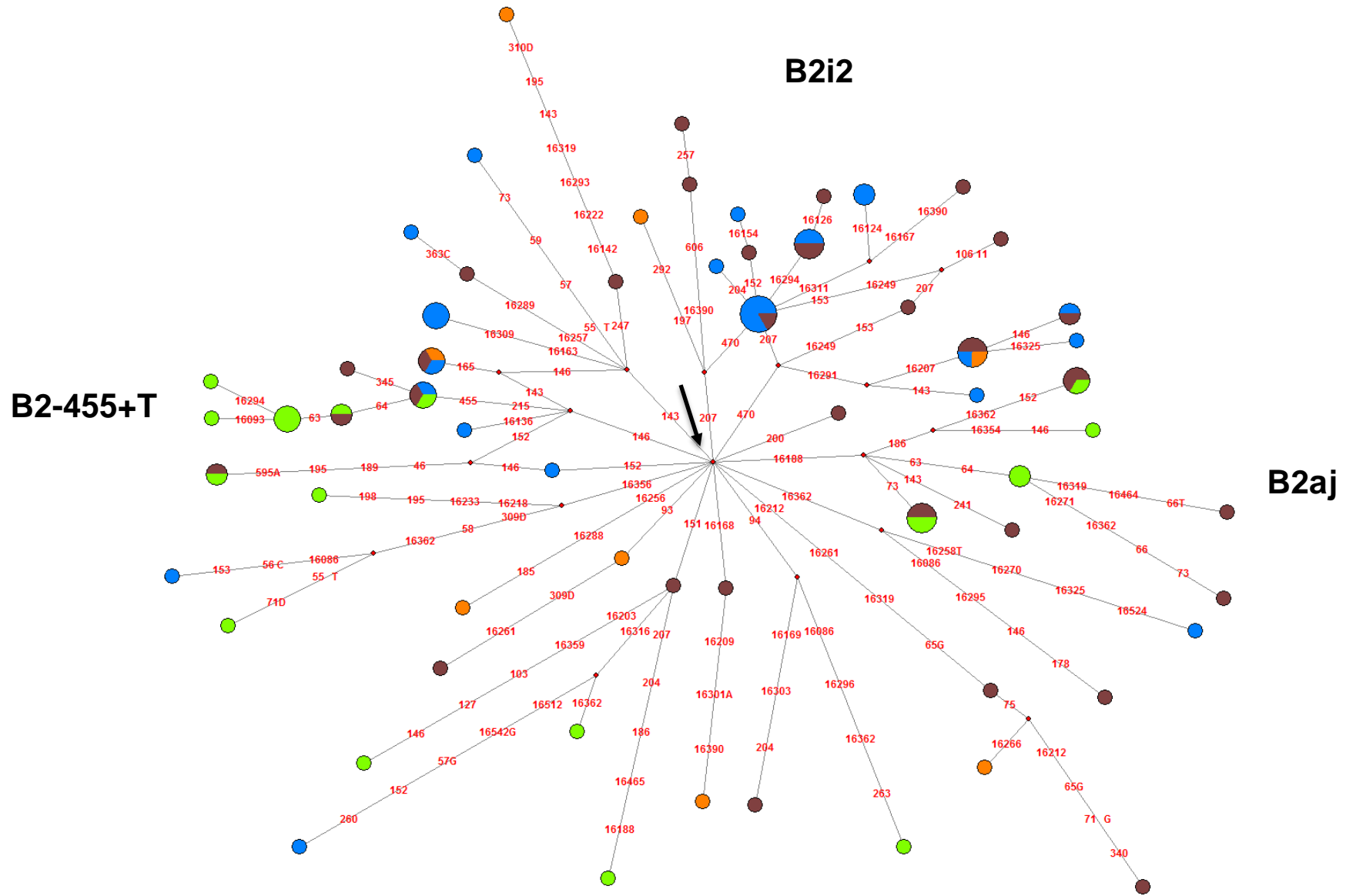


Figura 5: Red de haplotipos del macrohaplogrupo B. La flecha indica el nodo ancestral de B2. En azul: individuos de la Población Costera; en verde: individuos provenientes de Pueblos aledaños a Calama; en anaranjado: individuos procedentes de Oficinas Salitreras y en café: individuos cuyo origen está en Calama y Chuquicamata. Sobre cada rama se puede observar en rojo las mutaciones que caracterizan e individualizan un linaje de otro.

iii. Macrohaplogrupo C:

De los 192 individuos presentes en esta muestra, el 19,7% tiene algún linaje mitocondrial del macrohaplogrupo C. A pesar que este macrohaplogrupo presenta baja representación (en comparación con B y D), es preciso resaltar que en su mayoría, los individuos de la “Población Costera” conforman la representación de este macrohaplogrupo. En cuanto a la estructura de su red de haplotipos, se puede decir que es bastante compleja debido a que tiene una diversidad haplotípica alta (ver Figura 6). De esta forma, se observa que el linaje C1b13, caracterizado por la mutación 258, presenta un patrón estrellado conformado en su mayoría por individuos provenientes de la “Población Costera” y “Calama y Chuquicamata”. Esta configuración estrellada simple con haplotipos derivados con una sola mutación, estaría indicando que la presencia del linaje C1b13 es bastante reciente en la zona.

Otro elemento que es necesario mencionar, es la composición poblacional del linaje C1d1 (caracterizado por la mutación 194), el cual mayoritariamente se encuentra asociado a individuos que provienen de “Oficinas Salitreras”.

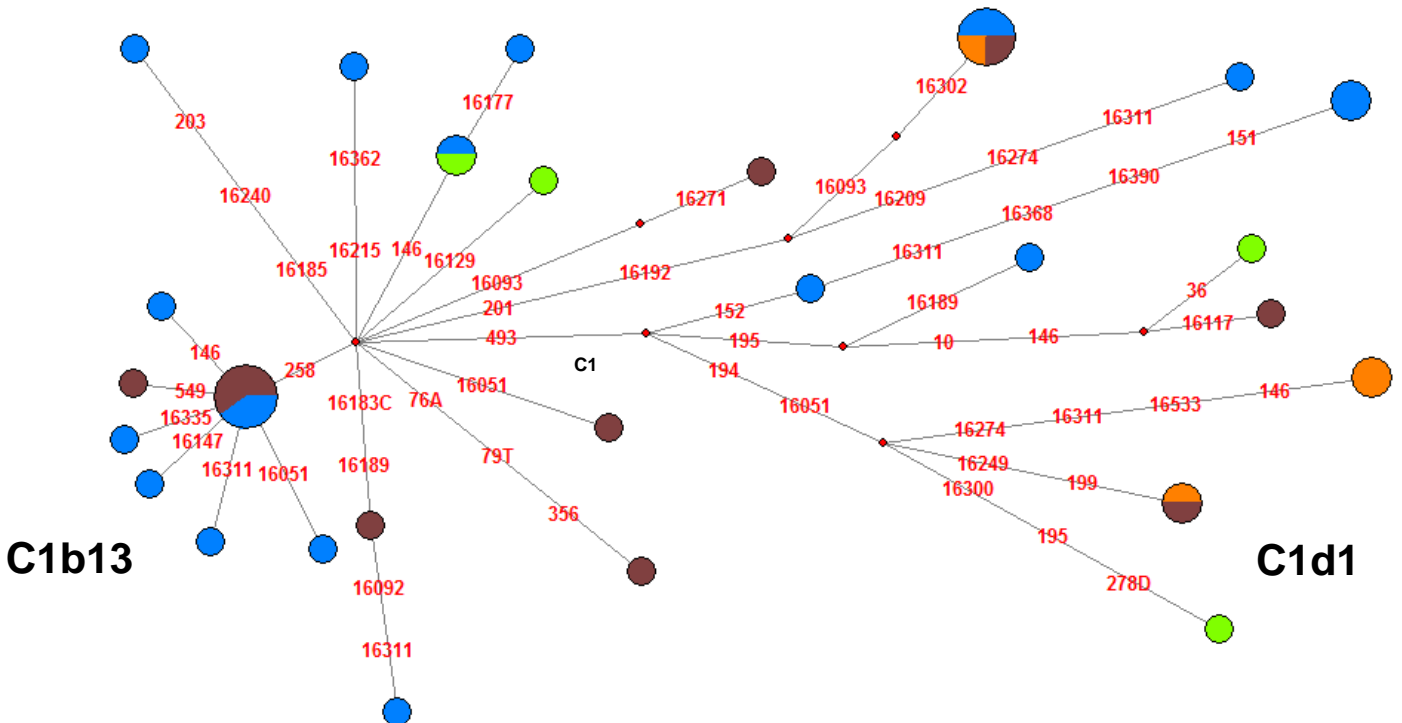


Figura 6: Red de haplotipos del macrohaplogrupo C. En azul: individuos de la Población Costera; en verde: individuos provenientes de Pueblos aledaños a Calama; en anaranjado: individuos procedentes de Oficinas Salitreras y en café: individuos cuyo origen está en Calama y Chuquicamata. Sobre cada rama se puede observar en rojo las mutaciones que caracterizan e individualizan un linaje de otro.

iv. Macrohaplogrupo D:

Por último, el 21.8% restante de la muestra de interés para esta memoria está dentro del macrohaplogrupo D. En la Figura 7, se observa la red de haplotipos creada para este haplogrupo mitocondrial, la cual se caracteriza por ser muy variada en cuanto al origen geográfico de los individuos que la componen, siendo aquellos personajes provenientes de la “Población Costera” los más numerosos. Esta situación es ejemplificada en una serie de linajes presentes en la red, tales como el D1g (caracterizado por la mutación 16187), D1j (distinguido por las mutaciones 152, 16242 y 16311) y D4h3a (poseedor de las mutaciones 16342 y 16241).

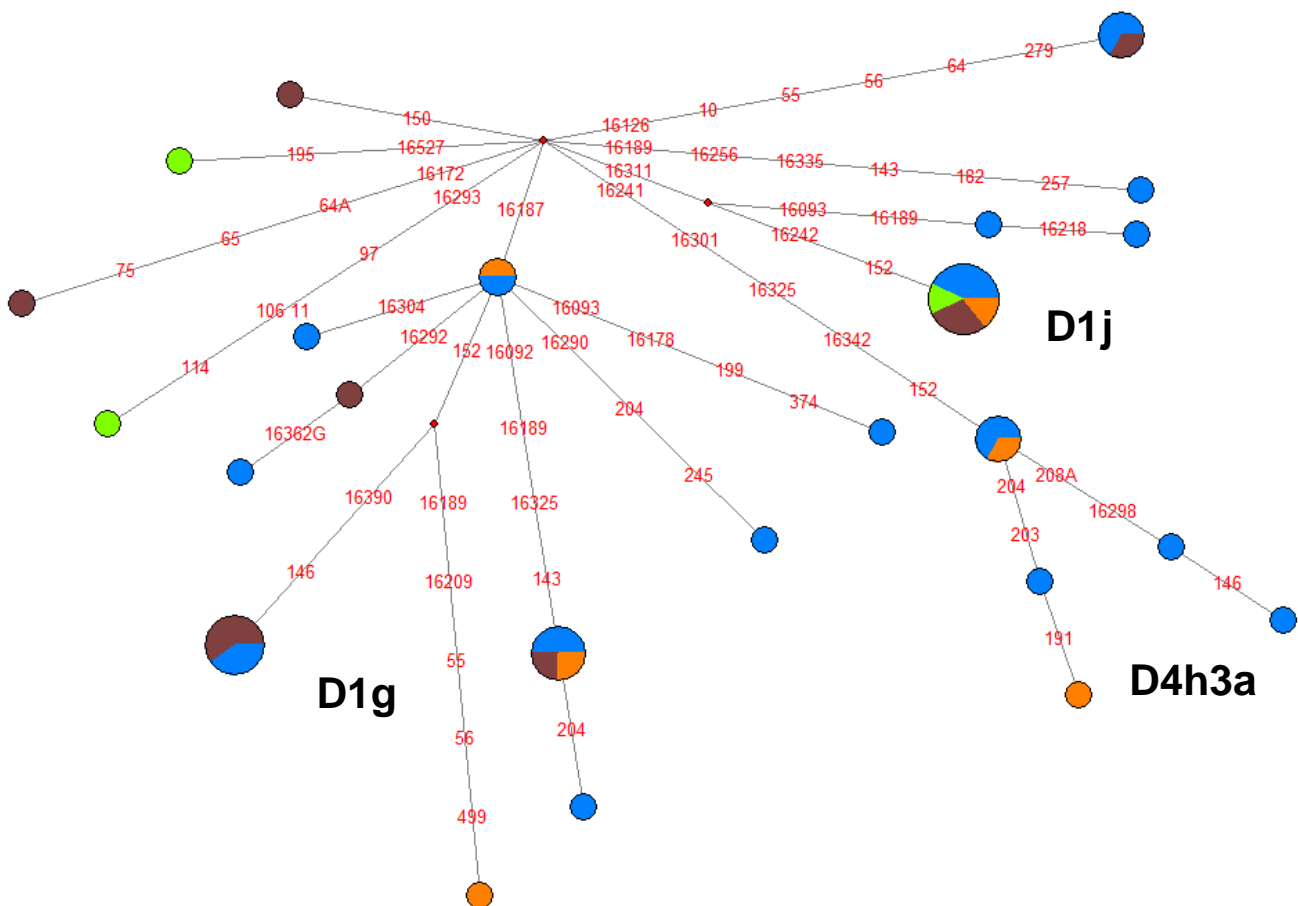


Figura 7: Red de haplotipos del macrohaplogrupo D. En azul: individuos de la Población Costera; en verde: individuos provenientes de Pueblos aledaños a Calama; en anaranjado: individuos procedentes de Oficinas Salitreras y en café: individuos cuyo origen está en Calama y Chuquicamata. Sobre cada rama se puede observar en rojo las mutaciones que caracterizan e individualizan un linaje de otro.

10. e. F_{ST} y Dendrograma Neighbor-Joining

i. Poblaciones Chilenas:

Con el objetivo de observar la estructuración genética de las poblaciones de interés con respecto a otras poblaciones chilenas, se estimó el índice de fijación F_{ST} por pares de poblaciones. La Tabla 9, muestra la matriz de distancias pareadas de la muestra de interés en relación con otras poblaciones nativas de Chile.

A partir de los valores entregados por el F_{ST} , se observa en primera instancia que los “Pueblos aledaños a Calama” se pueden considerar genéticamente cercanos a Aymaras, Atacameños y “Calama y Chuquicamata”, dado que todos los valores obtenidos para estas poblaciones se encuentran cercanos al 0, además que entre una población y otra, la distancia relativa es baja. Por otra parte, en base a las cifras entregadas por el F_{ST} se puede establecer que “Pueblos aledaños a Calama” muestran una clara diferenciación genética que es estadísticamente significativa con “Población Costera”, Huilliche, Mapuche y Pehuenche con unos índices de fijación de 0,099; 0,156; 0,16 y 0,173, respectivamente.

En segundo lugar, es de interés destacar que “Oficinas Salitreras” posee poca diferenciación genética en comparación con las poblaciones del norte y sur de Chile, ya que en la mayoría de las comparaciones los valores del test de fijación varían entre un 0,03 y 0,04; exceptuando la comparación de “Oficinas Salitreras” con “Pueblos aledaños a Calama”, debido a que el valor F_{ST} fue de 0,07. Este fenómeno, puede ser explicado porque los individuos que conforman este grupo tienen distintos orígenes geográficos, destacándose individuos provenientes del sur de Chile y de la costa pacífica.

Con respecto a la “Población Costera”, es relevante mencionar que puede ser considerada genéticamente cercana a “Oficinas Salitreras”, Mapuche, Huilliche y Pehuenche; dado que los valores obtenidos en el índice de fijación se encuentran cercanos al 0 y que la distancia relativa entre todas estas poblaciones es muy baja. Por otra parte, la “Población Costera” muestra diferencias genéticas estadísticamente significativas con Aymaras, Atacameños y “Pueblos aledaños a Calama”, dado que los valores del F_{ST} fueron de 0,067; 0,082 y 0,099, respectivamente.

Por último, en “Calama y Chuquicamata”, podemos establecer en base a los valores entregados por el test de fijación que hay una mayor diferenciación genética con las poblaciones del sur de Chile (Mapuche, Huilliche y Pehuenche), dado que los valores del test fueron 0,058; 0,066 y 0,078, respectivamente; siendo todos ellos estadísticamente significativos. Por otra parte, es importante mencionar que con el resto de las poblaciones incluidas en el test de fijación, no hay una diferenciación clara entre una población y otra, por lo que las diferencias relativas entre ellas son muy bajas.

Tabla 9: Índice F_{ST} Tamura Nei entre poblaciones chilenas: En azul se muestran los valores de p-valor, siendo $p=0,05$. En negrita y en color azul se muestran los valores estadísticamente significativos. En color negro se muestran los valores del F_{ST} .

Fst Tamura & Nei	Pehuenche	Mapuche	Huilliche	Atacameño	Aymara	Pueblos aledaños a Calama	Oficinas Salitreras	Costa	Calama y Chuquicamata
Pehuenche		0,210	0,036	0	0	0	0,076	0,032	0,001
Mapuche	0,022		0,074	0,001	0,004	0	0,117	0,213	0,028
Huilliche	0,037	0,043		0	0	0	0,118	0,076	0,001
Atacameño	0,147	0,145	0,111		0,069	0,206	0,055	0,001	0,053
Aymara	0,135	0,118	0,117	0,035		0,513	0,061	0,001	0,245
Pueblos aledaños a Calama									
Oficinas Salitreras	0,173	0,16	0,156	0,019	0,003		0,015	0	0,057
Oficinas Salitreras	0,038	0,038	0,029	0,047	0,040	0,070		0,675	0,355
Costa	0,031	0,017	0,022	0,082	0,067	0,099	0		0,033
Calama y Chuquicamata	0,078	0,058	0,066	0,034	0,012	0,031	0,009	0,026	

En base a la matriz de distancia de F_{ST} , se construyó un dendrograma Neighbor-Joining (ver Figura 8) que permite visualizar gráficamente la diferenciación y cercanía entre las distintas poblaciones. Se observa que los individuos de “Pueblos aledaños a Calama” son genéticamente cercanos y se agrupan con Aymaras y Atacameños; mientras que la “Población Costera”, es similar a las poblaciones del sur de Chile (Pehuenche, Mapuche y Huilliche), posicionándose en otra rama del árbol filogenético.

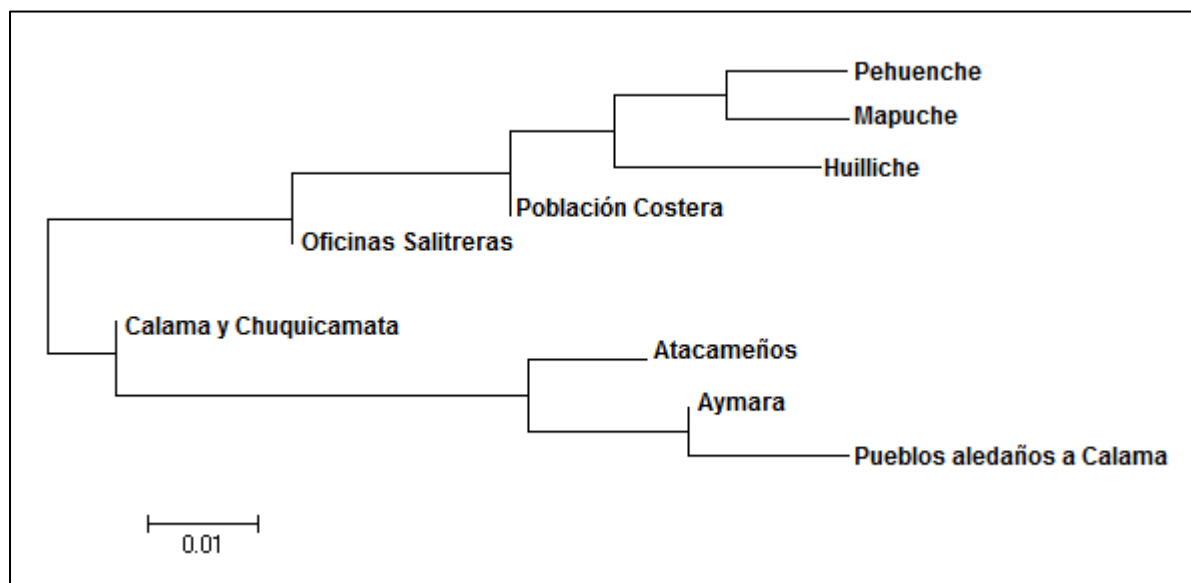


Figura 8: Dendrograma Neighbor-Joining construido a partir de las distancias genéticas del análisis de F_{ST} Tamura & Nei entre poblaciones chilenas.

ii. Poblaciones Sudamericanas:

Con el propósito de observar la estructuración genética de las poblaciones de interés con respecto a otras poblaciones de ecozonas determinadas del continente sudamericano, se llevó estimó nuevamente el índice de fijación F_{ST} por pares de poblaciones. Sin embargo, para los posteriores análisis se decidió eliminar todas las muestras de “Oficinas Salitreras” dado que los individuos que constituyen esta categoría provienen de muchos lugares de origen distintos. Además, debido a que Atacameños y Aymara provienen de lugares del norte de Chile que están muy lejanos entre sí, se decidió tomarlos por separado y no como una categoría conjunta, a diferencia de lo sucedido con las poblaciones nativas del sur de Chile

La Tabla 10 en un segundo caso, nos muestra la matriz de distancias pareadas de las muestras de interés en relación con poblaciones nativas del norte de Chile (Aymara y Atacameño); población nativa del sur de Chile (compuesta por Mapuche, Huilliche y Pehuenche); población de la provincia de Jujuy del Noroeste Argentino (NOA), población originaria del Amazonas Brasileño, Andinos del Perú (Quechuas), Andinos de Bolivia (Quechuas) y población de la parte amazónica del Perú (Andoas y Kichwa) (Para mayor detalle ver Material Suplementario).

A partir de los valores entregados por el F_{ST} , se observa en primera instancia que los “Pueblos aledaños a Calama” muestran una diferenciación genética significativa con la población nativa del sur de Chile (Pehuenche, Mapuche y Huilliche) con un valor de índice de fijación de 0,152; seguido por la población nativa del Amazonas de Brasil (0,124), la Amazonía Peruana, con un valor del 0,107; “Población Costera” con una cifra del 0,099 y por último con la población Quechua de los Andes Peruanos (0,065). Debido a que los valores obtenidos por el índice de fijación de F_{ST} entre las poblaciones Aymara de Chile, NOA, Atacameño de Chile y Quechuas de los Andes Bolivianos (0; 0,005; 0,021 y 0,033, respectivamente) y que las diferencias relativas entre estas poblaciones son muy bajas entre sí; se puede establecer una cercanía genética entre las últimas nombradas y “Pueblos aledaños a Calama”.

En segundo lugar, la “Población Costera” muestra una diferenciación genética significativa con la población Quechua de los Andes Bolivianos con un valor del F_{ST} de 0,172; “Pueblos aledaños a Calama” con un 0,099; Atacameños de Chile, con una cifra del 0,074 y NOA con un 0,072. A su vez, podemos decir en base a los valores entregados por la estimación del F_{ST} que la “Población Costera” puede ser considerada más cercana genéticamente con las poblaciones nativas del sur de Chile, la Amazonía Brasileira y los Andes Peruanos, ya que las diferencias relativas entre estas poblaciones es muy baja y todos los valores son cercanos a cero.

Por último, en “Calama y Chuquicamata” a diferencia de lo observado en “Población Costera” y “Pueblos aledaños a Calama”, podemos establecer en base a los valores entregados por el test de fijación que no hay diferencias claras entre las poblaciones elegidas para realizar el test, por lo que la mayoría de los valores observados fluctúan entre el 0,002 y el 0,05. La única diferencia genética significativa que se observa para “Calama y Chuquicamata” es con respecto a los Quechuas de los Andes de Bolivia, con un valor del F_{ST} de 0,086.

Por otro lado, en base a la matriz de distancia de F_{ST} , se procedió a construir un dendrograma Neighbor-Joining (ver Figura 9) que permite visualizar gráficamente la diferenciación y cercanía entre las distintas poblaciones. Se observa que los individuos de “Pueblos aledaños a Calama” son cercanos a los Quechua de los Andes de Bolivia, el NOA y Aymara de Chile; mientras que la “Población Costera”, es similar a las poblaciones nativas del sur de Chile (Pehuenche, Mapuche y Huilliche), y de la Amazonía Brasileña y Peruana; posicionándose nuevamente en otra rama del dendrograma.

FST Tamura & Nei	Amazonia Brasil	Andes Bolivia	Aymara Chile	Atacameños Chile	Andes Perú	Sur de Chile	Amazonia Perú	NOA	Costa	Calama y Chuquicamata	Pueblos aledaños a Calama
Amazonia Brasil		0	0,002	0,01	0,201	0,029	0,1	0	0,182	0,023	0
Andes Bolivia	0,21		0,009	0,001	0	0	0	0,002	0	0	0,02
Aymara Chile	0,083	0,038		0,066	0,024	0	0,001	0,467	0,001	0,176	0,486
Atacameños Chile	0,065	0,091	0,031		0,033	0	0,047	0,02	0,001	0,049	0,136
Andes Peru	0,013	0,131	0,036	0,037		0,002	0,043	0,005	0,094	0,288	0,004
Sur de Chile	0,032	0,225	0,11	0,119	0,044		0	0	0,077	0	0
Amazonia Perú	0,023	0,186	0,087	0,036	0,027	0,08		0	0,001	0,004	0
NOA	0,094	0,045	0,002	0,042	0,048	0,119	0,101		0	0,039	0,335
Costa	0,012	0,172	0,061	0,074	0,015	0,013	0,05	0,072		0,058	0
Calama y Chuquicamata	0,038	0,086	0,011	0,03	0,006	0,051	0,047	0,024	0,018		0,026
Pueblos aledaños a Calama	0,124	0,033	0	0,021	0,065	0,152	0,107	0,005	0,099	0,035	

Tabla 10: Índice F_{ST} Tamura & Nei entre poblaciones sudamericanas: En azul se muestran los valores de p-valor, siendo $p=0,05$. En negrita y color azul se muestran los valores estadísticamente significativos. En color negro se muestran los valores del F_{ST} .

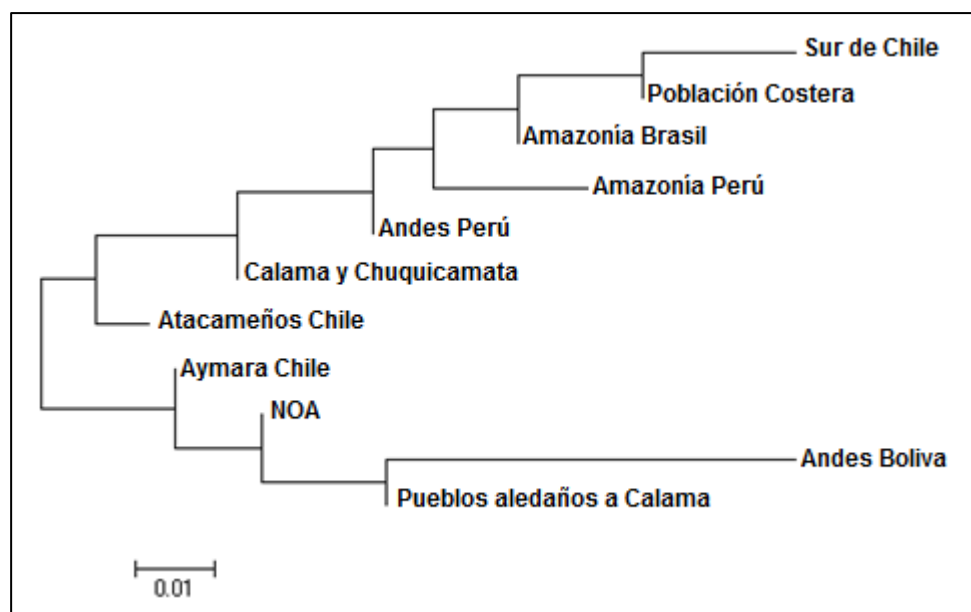


Figura 9: Dendrograma Neighbor-Joining construido a partir de las distancias genéticas del análisis de F_{ST} Tamura & Nei entre poblaciones sudamericanas.

iii. Pueblos aledaños a Calama:

Con el propósito de observar únicamente la estructuración genética de los “Pueblos aledaños a Calama” con respecto a otras poblaciones de ecozonas determinadas del continente sudamericano, se llevó a cabo nuevamente el índice de fijación F_{ST} por pares de poblaciones. Al igual que en el test anterior, se eliminaron “Oficinas Salitreras” debido a que los individuos que constituyen esta categoría provienen de muchos lugares de origen distintos. Además, se separó nuevamente Atacameños y Aymara debido a que provienen de lugares del norte de Chile que son muy lejanos entre sí; y por último se eliminaron las categorías “Población Costera” y “Calama y Chuquicamata” dado que la influencia de las poblaciones del sur de Chile a nivel de frecuencias haplotípicas era muy importantes en ellas.

A partir de los valores entregados por el F_{ST} (ver Tabla 11), podemos observar que los “Pueblos aledaños a Calama” muestran una diferenciación genética significativa con la población nativa del sur de Chile (Pehuenche, Mapuche y Huilliche) con un valor de índice de fijación de 0,149; seguido por la población nativa del Amazonas de Brasil (0,119), la Amazonía Peruana, con un valor del 0,104 y por último con la población Quechua de los Andes Peruanos (0,062). Por otro lado, debido a que los valores obtenidos por el índice de fijación de F_{ST} entre las poblaciones Aymara de Chile, NOA, Atacameño de Chile y Quechuas de los Andes Bolivianos (0; 0,005; 0,019 y 0,032; respectivamente); y que las diferencias relativas entre estas poblaciones son muy bajas entre sí, se puede establecer una cercanía genética entre las últimas nombradas y “Pueblos aledaños a Calama”.

Como podemos observar, lo obtenido en esta nueva versión de la estimación del índice de F_{ST} por pares de poblaciones, no arrojó valores muy diferentes entre todas las poblaciones a comparar.

Tabla 11: Índice F_{ST} Tamura & Nei Pueblos aledaños a Calama: 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} .

FST Tamura & Nei	Pueblos aledaños a Calama	Andes Bolivia	Aymara Chile	Amazonia Brasil	Atacameños Chile	Andes Perú	Sur de Chile	Amazonía Perú	NOA
Pueblos aledaños a Calama		0,017	0,478	0	0,138	0,004	0	0	0,322
Andes Bolivia	0,032		0,01	0	0	0	0	0	0,002
Aymara Chile	0	0,037		0,002	0,068	0,024	0	0	0,466
Amazonía Brasil	0,119	0,21	0,082		0,011	0,2	0,028	0,1	0
Atacameño Chile	0,019	0,09	0,029	0,064		0,033	0	0,045	0,02
Andes Perú	0,062	0,13	0,035	0,011	0,033		0,002	0,045	0,005
Sur de Chile	0,149	0,225	0,109	0,031	0,118	0,043		0	0
Amazonía Perú	0,104	0,185	0,085	0,022	0,035	0,026	0,079		0
NOA	0,005	0,045	0,001	0,092	0,041	0,047	0,118	0,1	

Por último, en base a la matriz de distancia de F_{ST} , se construyó un dendrograma Neighbor-Joining (ver Figura 10) que permite visualizar gráficamente la diferenciación y cercanía entre las distintas poblaciones. Se observa que los individuos de “Pueblos aledaños a Calama” son cercanos a los Quechua de los Andes de Bolivia, el NOA, Aymara de Chile y Atacameños de Chile; mientras que el resto de las poblaciones se agruparon en otra rama del árbol filogenético. Se destaca que las poblaciones del Sur de Chile se siguen agrupando con la Amazonía brasileña y peruana, algo que se retomará en la discusión de esta memoria.

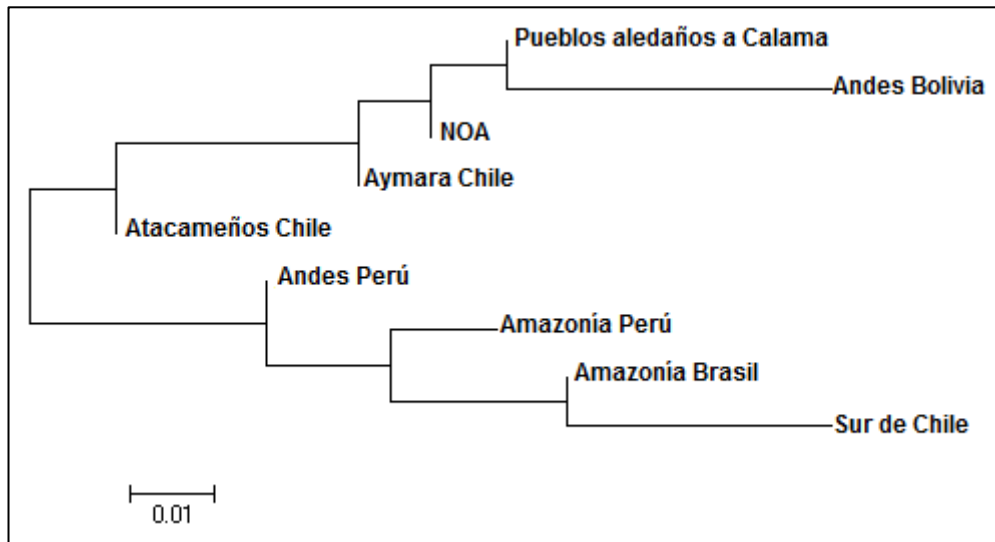


Figura 10: Dendrograma Neighbor-Joining construido a partir de las distancias genéticas del análisis de F_{ST} Tamura & Nei.

11. Discusión

a. Sobre el muestreo total

Como se mencionó en el apartado de los resultados, tanto para la ciudad de Antofagasta y Calama (ver Gráficos 1 y 2) predominan en frecuencia los haplogrupos mitocondriales de origen amerindio. Este resultado no sorprende, si consideramos en primera instancia las consecuencias de la mixtura que se produjo en época colonial entre los naturales del territorio y la población europea invasora (Cussen, 2016); además de la reducción del número de la población indígena (De la Vega, 1722) y la redistribución de los mismos, ya sea de manera forzada o no (Cisternas, 2012).

Lo encontrado a nivel de frecuencias de haplogrupos mitocondriales amerindios en Antofagasta responde principalmente a los efectos de la migración de contingentes chilenos del centro y sur del país a partir de la segunda mitad del siglo XIX y primer tercio del siglo XX. De esta manera, se puede explicar la alta presencia de linajes como B2i2 con una frecuencia del 16,4%, C1b13 con un 12,8% y D1g con un 11,6% de prevalencia. Con respecto al origen de estos linajes, de Saint Pierre et al. (2012b) menciona que estos linajes son restringidos geográficamente al cono sur, específicamente en la región centro sur de Chile y Argentina. El haplogrupo B2i2, por una parte, está presente con frecuencias del 26,3%, 38,9% y 26,2% en Mapuche de Chile, Mapuche de Argentina y Pehuenche, respectivamente; mientras que C1b13 para las mismas poblaciones presenta un 26,3%, 11,3% y 28,6%. El haplogrupo D1g, por último, para los mismos grupos nativos muestra un 15,8% (Mapuche de Chile), 20% (Mapuche de Argentina) y 38,1% (Pehuenche) de frecuencia.

Si bien las cifras obtenidas para B2i2 y D1g en Antofagasta son mucho menores a las registradas en población nativa chilena, en población urbana chilena ambos haplogrupos han sido encontrados en frecuencias similares; siendo B2i2 registrado en un 18% en Iquique, 16,3% en Santiago (Gómez-Carballa et al., 2016) y frecuencias que oscilan entre un 30% y 40% en localidades del Aconcagua como Lo Vicuña, Los Patos, Quebrada de Guzmanes, Piguchén, Población Hidalgo y Pocuro (Orellana, 2014). Por otro lado, en comunas como Concepción y Temuco, el subhaplogrupo B2i2 alcanza frecuencias cercanas al 22% (Gómez-Carballa et al., 2016). Con respecto al haplogrupo D1g, por otra parte, ha sido encontrado con frecuencias del 13% en Iquique, 15,3% en Santiago, además de un 19,4% en Concepción y 20,1% en Temuco (Gómez-Carballa et al., 2016).

Por otro lado, con lo que respecta a las frecuencias haplotípicas halladas en Calama, es necesario mencionar que los haplogrupos anteriormente nombrados también se encuentran en esta ciudad, sin embargo, a diferencia de lo registrado en Antofagasta, estos haplogrupos están en proporciones inferiores, teniendo B2i2 un 8,8% de representación, mientras que C1b13 y D1g muestra cada uno un 6,4% de frecuencia. Debido a lo anterior, se hace imposible negar la influencia que tuvieron los contingentes del centro y sur de Chile en la composición genética del lugar a partir de la segunda mitad del siglo XIX y primer tercio del siglo XX, aunque el efecto es mucho menor que en lo registrado en la costa.

Dentro de las frecuencias haplotípicas halladas tanto para Antofagasta y Calama, resulta importante destacar la presencia del linaje D1j, haplogrupo asociado a la región del Noroeste de Argentina (Bodner et al., 2012; García et al., 2012) y que se registró con una

frecuencia del 3,8% en Antofagasta y 3,3% en Calama. Los resultados hallados en ambas ciudades son similares a las frecuencias obtenidas en Atacameños de Chile (3,6%), Aymara de Chile (2,6%) (de Saint Pierre et al., 2012a) y a la población del área de Jujuy (NOA) con un 2,2% de frecuencia (Cardoso et al., 2013). En este punto, es necesario recordar que hacia la segunda mitad del siglo XIX, la migración y establecimiento de los contingentes argentinos desde el NOA se produjeron en la zona de la precordillera en enclaves como Calama, Chuquicamata, San Pedro de Atacama y Toconao, para el desarrollo de actividades mineras y agropecuarias (González, 2011).

Con respecto al haplogrupo D4h3a, es interesante mencionar que tanto en el muestreo realizado en Antofagasta y Calama la cifra hallada es similar y cercana al 3,5% en ambas ciudades. Este haplogrupo ha sido definido por la literatura como un haplogrupo que es inusual y que tiene distribuciones que van desde Alaska hasta la Tierra del Fuego (Tamm et al., 2007; Kemp et al., 2007). A pesar de que este haplogrupo en población chilena tenga una gran distribución (pues ha sido encontrado a lo largo de todo el país en población mestiza); las frecuencias alcanzadas no superan al 5% (Orellana, 2014; Flores, 2016; Gómez-Carballa et al., 2016).

A diferencia de lo encontrado en Antofagasta, por otra parte, en Calama se presenta una mayor predominancia de haplogrupos que son considerados recurrentes de la zona norte del país, e incluso de aquellos linajes que son variantes exclusivas del altiplano andino. De esta manera, podemos mencionar en primera instancia que en Calama la frecuencia del linaje B2 fue de un 19,9%, cifra relativamente cercana a la hallada en la ciudad de Iquique (31%) dentro del contexto de la investigación realizada por Gómez-Carballa et al. (2016) en población urbana y mestiza. Hay que destacar además, que la cifra obtenida para el linaje B2 en la muestra de interés (población urbana y mestiza), es bastante similar a las registradas en población nativa del norte de Chile, donde B2 alcanza un valor del 10,3% en Aymara y un 25% en Atacameños (de Saint Pierre, 2012b). A su vez, es importante mencionar que el valor del haplogrupo B2 en el altiplano boliviano registra un alza importante con respecto a las otras poblaciones descritas, donde grupos Aymara y Quechua de Bolivia presentan este haplogrupo en un 81% y 61%, respectivamente.

En suma a lo anterior, se destaca que solo dentro de las muestras recolectadas en Calama (n=171) se encontraron linajes exclusivamente andinos tales como B2aj con un 10,5% de frecuencia y B2-455+T con un 7% de prevalencia; elemento que será retomado en la posterioridad en la discusión de esta memoria.

Con respecto a los haplogrupos no amerindios, por otro lado, en los muestreos realizados en las ciudades de Antofagasta y Calama (ver Gráficos 1 y 2), hubo un 7,1% y 3,5% de linajes que provienen principalmente del continente europeo y africano.

Sobre aquellos que provienen del continente europeo y que están presentes en las muestras de Antofagasta, se observa que no hay una distribución uniforme con respecto a los lugares de procedencia de estos haplogrupos foráneos, por lo que podemos encontrar haplogrupos como H que tiene altas frecuencias y una distribución geográfica muy amplia por Europa (Achilli et al., 2004; De Fanti et al., 2015); y otros como el haplogrupo T2c, linaje que se encuentra únicamente en Chipre, la región del Golfo y Europa Mediterránea (Pala et al., 2012).

Con respecto a los haplogrupos europeos encontrados en Calama, en esta investigación no se encontró ni la misma diversidad ni la misma cantidad de haplogrupos mitocondriales que en Antofagasta. Esta situación puede ser explicada por diversas razones, tales como que desde el siglo XVI hasta el primer tercio del siglo XX, la presencia de puertos como Cobija y posteriormente Antofagasta recibieron constantes navíos procedentes de Europa para el poblamiento y posterior desarrollo industrial de la zona, a diferencia de lo ocurrido en los valles altos (Bittmann, 1977).

Por otro lado, con lo que respecta a los haplogrupos provenientes desde África, se encontró que nuevamente Antofagasta es quien recibe la mayor cantidad y diversidad de los linajes, a diferencia de lo hallado en Calama. Sin embargo, a modo grueso, resulta importante destacar a nivel de frecuencias mitocondriales que en este estudio se encontró en total un 2,8% de linajes africanos, lo que es casi 3 veces a lo reportado por Gómez-Carballa et al. (2016) en población urbana y mestiza chilena, incluyendo otras localidades costeras como Iquique. Dentro de la gran diversidad de haplogrupos africanos encontrados destacan los linajes L3e3 y L1c, linajes, que se han encontrado en gran proporción (49%) en muestras de la región nororiental y parte de la suroriental de Brasil (Alves-Silva et al., 2000). Esto último, puede ser atribuido a las constantes olas migratorias de esclavos que se produjeron a partir de mediados del siglo XVI por demandas de las colonias portuguesas para poder explotar minas de oro y diamante, así como también plantaciones de café y azúcar (Alves-Silva et al., 2000).

En nuestro país, es importante recordar que los datos históricos reportan que desde que colonos europeos ocuparon la región que hoy conocemos como Chile, hubo un flujo constante de africanos esclavizados; sin embargo fue con la creación del Virreinato del Río de la Plata en el siglo XVIII que los esclavos africanos llegaban desde África o Brasil hacia Buenos Aires y desde allí eran transportados a pie o en carreta a través de los Andes (Cussen, 2016). Lo anterior, podría explicar la presencia de estos linajes en la región estudiada. Gracias a antecedentes históricos se sabe que la distribución de los esclavos africanos en Chile fue bastante dispareja, pero dado el tipo de actividades en las que se desempeñaban, se cree que comúnmente se concentraban en áreas mineras y urbanas, tales como minas del norte chico y Santiago (Cussen, 2016).

b. Sobre las localidades

Al analizar las frecuencias de haplogrupos mitocondriales siguiendo un criterio geográfico de agrupación (tomando en cuenta el lugar de nacimiento de la abuela materna o madre de los participantes); se crearon 4 categorías de clasificación: Calama y Chuquicamata (n=61), Oficinas Salitreras (n=21), Población Costera (n=78) y Pueblos aledaños a Calama (n=32) (ver Figura 3); siendo todas las muestras analizadas de origen amerindio (A, B, C y D) (n=192).

De los resultados obtenidos con respecto a las localidades pequeñas (“Pueblos aledaños a Calama”), es importantísimo destacar que más del 70% del espectro muestral corresponden a linajes mitocondriales asociados a población nativa del norte de Chile (de Saint Pierre et al. 2012a) y el altiplano (Gayà-Vidal et al., 2011; Gómez-Carballa et al., 2018; Sandoval et al., 2013; Taboada-Echalar et al., 2013); siendo el haplogrupo B2 representado con un 21,9%, mientras que B2aj y B2-455+T presentan cada uno un 25% de frecuencia.

Con respecto al haplogrupo B2aj, resulta necesario recordar que este es un linaje que se originó en Perú y que presenta distintas proporciones en el área circumpuneña, con un máximo de representación en el área del Lago Titicaca (Gómez-Carballa et al., 2018). Los estudios realizados en población nativa chilena del norte de Chile, muestran que este haplogrupo se encuentra en frecuencias del 10,7% y 28,2% en poblaciones Atacameñas y Aymara, respectivamente (de Saint Pierre et al., 2012a), mientras que en población del NOA, en específico del área de Jujuy y grupos Coya, este haplogrupo se presenta con una frecuencia cercana al 15% en ambas poblaciones (Cardoso et al., 2013; Gayà-Vidal et al., 2011).

Desde la vertiente boliviana, por otra parte, el estudio de Gayà-Vidal et al. (2011) señala que el haplogrupo B2aj aparece en altas proporciones en grupos aborígenes y urbanos del altiplano boliviano; con frecuencias del 66% en Aymaras del Titicaca, 38% en Quechua del área del Titicaca; y un 44% en individuos provenientes La Paz. La investigación de Taboada-Echalar et al. (2013), por otra parte, al analizar también muestras de los principales departamentos de Bolivia (n=720), logra esclarecer que este haplogrupo se encuentra con un 13,6% de prevalencia en sectores del altiplano boliviano, preferentemente en departamentos como La Paz. En comparación a lo hallado en Bolivia, la situación que se produce a nivel de frecuencias mitocondriales en el área peruana con respecto a la aparición del linaje B2aj varía completamente. En primer lugar, el estudio de Sandoval et al. (2013) al estudiar poblaciones Uros del Lago Titicaca (que pueden ser peruanas o bolivianas), logra establecer que el linaje en cuestión aparece con una frecuencia del 37,4%. Esta situación, es completamente diferente a la detallada en el estudio del mismo autor (2016), al estudiar poblaciones de la Amazonía peruana y algunas localidades andinas del Perú, dado que no se reportaron frecuencias asociadas este linaje.

La situación descrita a nivel de frecuencias mitocondriales para el linaje B2aj permite reforzar lo propuesto por Gómez-Carballa et al. (2018). A pesar de que en Perú este haplogrupo se encuentre en más bajas proporciones, es gracias a las altas frecuencias existentes en Bolivia lo que permite explicar el flujo exitoso de este haplogrupo hacia las localidades del NOA y el norte de Chile, permitiendo de esta manera avalar genéticamente el vínculo e interacción desde tiempos prehispánicos en el área circumpuneña.

El haplogrupo B2-455+T, por otra parte, fue encontrado en una frecuencia del 25% en las muestras pertenecientes a "Pueblos aledaños a Calama". En complemento a lo anterior, este linaje ha sido hallado en altas frecuencias en población Aymara de Chile con valores del 15,4%, mientras que en Atacameños de Chile esta cifra llega al 21,4% (de Saint Pierre et al., 2012a). Los valores descritos anteriormente difieren completamente a lo hallado en otras áreas del círculo andino, encontrándose el haplogrupo B2-455+T en frecuencias del 5% en población de Jujuy, NOA (Cardoso et al., 2013), 1,7% en las muestras trabajadas por Taboada-Echalar et al. (2013) en Bolivia y en un 2,6% en población Uros del Lago Titicaca (Sandoval et al., 2013). En suma a lo anterior, es necesario indicar, que el linaje en cuestión ha sido hallado en tres muestras de ADN antiguo provenientes del cementerio de Pica-8 (Tarapacá, Chile) (Llamas et al., 2016). Considerando estos antecedentes, resulta interesante por tanto, proponer como hipótesis el origen de este haplogrupo en el altiplano chileno.

El hecho de que “Pueblos aledaños a Calama” comparta linajes específicos con otras poblaciones del norte de Chile y el área sur andina; se refleja directamente en el dendrograma construido en base a los estadísticos F_{ST} entre pares de poblaciones chilenas (ver Figura 8) y poblaciones sudamericanas (ver Figura 9 y 10). En primera instancia, se puede ver que “Pueblos aledaños a Calama” forman un conglomerado distintivo con Aymara y Atacameños (poblaciones nativas chilenas), además de “Calama y Chuquicamata” (población mestiza chilena); diferenciándose fuertemente con “Población Costera” y otras poblaciones originarias de Chile, tales como Mapuche, Huilliche y Pehuenche. En este punto, se hace necesario mencionar a nivel de frecuencias mitocondriales que en “Pueblos aledaños a Calama” no hay presencia de linajes como B2i2 ni D1g, lo que explica la clara diferenciación entre este grupo de los valles altos, las poblaciones nativas del sur de Chile y “Población Costera”, por lo que posiblemente, los individuos de los valles altos estuvieron más aislados del flujo migratorio centro-sur que afectó tanto a Calama como a Antofagasta. Lo descrito anteriormente, también puede ser relacionado con los resultados obtenidos en el test de neutralidad, específicamente en la prueba de Fu, donde las localidades aledañas a Calama presentan un valor de -8,063 (p -valor=0,001); cifra que, a pesar de estar indicando una expansión poblacional reciente, es bastante disminuida si se compara con otras poblaciones tales como la Población Costera (-24,196, p -valor=0,000; Ver Tabla 8).

A su vez, cuando se observan las Figuras 9 y 10, se ve que “Pueblos aledaños a Calama” forma un conglomerado con diversas poblaciones pertenecientes al círculo andino, tales como población del NOA y Quechuas procedentes de los Andes Bolivianos; diferenciándose claramente con poblaciones de la Amazonía peruana y brasileña, además de los Andes peruanos; dado que entre estas poblaciones no se comparten linajes específicos.

Del análisis de los resultados obtenidos de la agrupación “Población Costera”, se puede destacar la predominancia de haplogrupos procedentes del centro y sur de país, tales como B2i2 con un 19,2% de frecuencia, C1b13 con un 9% y D1g con una representación del 12,9%. Esta situación, puede ser explicada nuevamente, por los efectos de la migración campo ciudad dentro del contexto de industrialización entre la segunda mitad del siglo XIX y primer tercio del siglo XX. Para reforzar esta idea, en este punto se hace interesante destacar además los resultados obtenidos en el test de neutralidad, específicamente la prueba de Fu donde la “Población Costera” obtuvo un valor de -24,196 con una significancia estadística de 0, elemento que puede estar relacionado con una expansión poblacional reciente. Por otra parte, a pesar de que hay una presencia del 14,1% del linaje B2 en la agrupación “Población Costera”, las cifras entregadas por esta memoria no reportan la existencia de linajes derivados de B2, tales como B2aj, B2ai, B2y y B2-455+T. Desde una perspectiva de análisis de frecuencias mitocondriales, este fenómeno puede ser explicado porque el verdadero origen de linajes específicos como B2aj o B2-455+T no se encuentra en el sector de la costa pacífica, sino que, como se relató en los párrafos precedentes, el origen de estos linajes se encuentran asociados al altiplano peruano y posiblemente al altiplano chileno, respectivamente.

En relación a lo anterior, cuando se observa el dendrograma construido en base a los estadísticos F_{ST} entre pares de poblaciones – y en específico entre poblaciones chilenas- (ver Figura 8), se puede visualizar que “Población Costera” se agrupa con poblaciones nativas del centro sur del país, tales como Mapuche, Huilliche y Pehuenche; dado que estas poblaciones presentan altos porcentajes de linajes como B2i2, C1b13 y D1g.

En base a la evidencia presentada hasta aquí, por tanto, es posible entonces aceptar la hipótesis planteada (Ver Apartado 7), ya que existe una estructuración genética espacial entre las poblaciones que habitan la región de Antofagasta. De esta forma, se observa que las ciudades de la Costa Pacífica de la región de Antofagasta son más cercanas genéticamente a las poblaciones del sur de Chile que a las poblaciones nativas del Norte de Chile, mientras que las poblaciones de las localidades aledañas a Calama presentan una distancia genética baja con las poblaciones nativas del norte de Chile y el círculo andino, además de compartir linajes mitocondriales específicos (B2aj, B2-455+T) con las mismas.

Otro elemento que hay que considerar a partir de los estadísticos entregados por el F_{ST} entre poblaciones sudamericanas (ver Figura 9), es que la “Población Costera” se agrupó en un conglomerado aparte con poblaciones del sur de Chile y la Amazonía brasileña y peruana; elemento que está en contraposición con lo encontrado en la literatura, ya que los autores Moraga et al., 2001 y Rothhammer et al., 2003, han evidenciado relaciones profundas entre grupos del altiplano con la Amazonía.

La situación anteriormente señalada (relación “Población Costera”-Sur de Chile-Amazonía), puede ser explicada por una serie de factores que se relacionan entre sí, tales como la caracterización genética del Amazonas y las dificultades metodológicas encontradas en este estudio.

Desde la caracterización genética de la Amazonía, a modo general es importante señalar que este territorio, al ser considerado como una eco-zona que abarca la región colombiana por el norte del continente hasta zona selvática de Bolivia en el extremo sur; la Amazonía muestra una heterogeneidad genética importante, lo que se puede ejemplificar con investigaciones como la de Cardoso et al. (2012) en donde la tribu Waorani de Ecuador tiene un 97% de representación del haplogrupo A2; en contraste con lo hallado en el trabajo de Corella et al. (2007) al describir que las poblaciones de Beni (Bolivia), las cuales presentan una mayor diversidad genética, pero una baja representación del haplogrupo A2 (20%).

Debido a que la Amazonía es un territorio geográfico demasiado amplio, para efectos de esta investigación se optó por incluir aquellos sectores del Amazonas que fueran geográficamente cercanos a la región de estudio, por lo que la Amazonía peruana y brasileña terminaron formando parte de las poblaciones que se incluyeron en el F_{ST} , apoyado en gran parte por la disponibilidad de secuencias de estas poblaciones existentes en la red (Genbank).

En particular, en la Amazonía brasileña, se replica la situación descrita en los párrafos precedentes. Dado que es un territorio geográficamente muy amplio, existe una distribución de frecuencias de linajes mitocondriales y diversidad genética muy dispar entre un lugar y otro. De esta manera, podemos ver que en el noroeste de la Amazonía brasileña hay una mayor concentración de linajes como A2 y C1 (Arias, Barbieri, Barreto, Stoneking & Pakendorf, 2017), mientras que en la región centro oeste del país la distribución de macrohaplogrupos mitocondriales es preponderante para C1 y D1 con un 34,2% y un 35,2%, respectivamente (Mendes-Junior & Simoes, 2009).

Dentro de los resultados obtenidos en esta memoria, la falta de disponibilidad en la red (Genbank) de secuencias de poblaciones del Amazonas brasileño limitó no solo la cantidad de secuencias incorporadas ($n=29$) a los análisis; sino que además las secuencias agregadas provienen de unos pocos grupos étnicos que se distribuyen por toda la región del Amazonas brasileño, sin contar con individuos que provengan del sector del Amazonas cercano a la región de los andes del Sur. En contraposición con las muestras del Amazonas brasileño, los grupos étnicos del Amazonas peruano fueron ampliamente representados, debido a que hay gama importante de estudios con ADNmt con secuencias publicadas en la red (Genbank) que involucran a diversos grupos étnicos de toda la Amazonía peruana (Barbieri et al., 2014; Sandoval et al., 2016). A pesar de que la muestra brasileña presenta un desequilibrio muestral sustancial con respecto a las otras poblaciones sudamericanas incorporadas en el análisis de F_{ST} efectuado; es importante destacar a la luz de los resultados obtenidos que la muestra de la Amazonía brasileña no resultó ser del todo inadecuada, ya que como se observa en la Tabla 10 y Figura 9, la distancia genética entre la Amazonía brasileña con respecto a la Amazonía peruana, es bastante baja.

Debido a lo anterior, posiblemente, la relación entre la Amazonía brasileña, el Amazonas peruano, la “Población Costera” y el sur de Chile; puede ser explicada por las similitudes de linajes mitocondriales que posee cada una de estas poblaciones, es decir, la preponderancia de variantes C1 y D1 en las poblaciones de la Amazonía en general y el predominio de haplogrupos derivados como C1b13 y D1g en los grupos costeros de Antofagasta y las poblaciones del sur de Chile (ver Tabla 12).

Siguiendo este orden de ideas, los resultados obtenidos en esta memoria no permiten afirmar la hipótesis del origen amazónico de las poblaciones del círculo sur andino (Moraga et al., 2001, Rothhammer et al., 2003) ni mucho menos establecer cualquier tipo de relación genética entre las poblaciones del altiplano chileno y boliviano con las de la Amazonía (Ver Apartado 7). Esto último puede ser explicado principalmente por el hecho de que las poblaciones altiplánicas aquí estudiadas no comparten linajes mitocondriales con los grupos de la Amazonía brasileña y peruana incorporados en esta investigación, además de que no existen distancias genéticas bajas entre las poblaciones andinas estudiadas y los grupos Amazónicos integrados en esta memoria (ver Tabla 9).

Al respecto, como se esbozó en los párrafos precedentes, sería oportuno poder incorporar otras secuencias cercanas al área circumpuneña que fueran de origen brasileño o bien de otras poblaciones del Norte Grande de Chile a los análisis de F_{ST} efectuados en esta memoria, para poder investigar la relación filogenética de las poblaciones del altiplano con las de la Amazonía, así como también la hipótesis del origen amazónico de las poblaciones del área circumpuneña. Un elemento importante que hay que considerar con respecto a los estudios realizados por Moraga et al. (2001) y Rothhammer et al. (2003) es que los análisis efectuados en ambas investigaciones se basaron en la comparación de frecuencias mitocondriales para la realización de pruebas F_{ST} , lo que posee un poder resolutivo muy bajo en comparación con los análisis que se basan en la comparación de secuencias, como la realizada en el presente estudio.

Por otra parte, los análisis de los resultados obtenidos para la agrupación “Calama y Chuquicamata” y “Oficinas Salitreras”, muestran en ambos casos una situación “intermedia” o de mestizaje con respecto a lo observado en “Población Costera” y “Pueblos aledaños a

Calama” desde un punto de vista de frecuencias mitocondriales, test de F_{ST} y dendrogramas asociados.

Con respecto a la primera agrupación, es necesario recalcar que la mayoría de los linajes encontrados corresponden a haplogrupos que provienen de la zona centro y sur del país, linajes tales como B2i2 con una frecuencia del 18%, C1b13 con un 6.6% y D1g con un 8.2%. Si bien las frecuencias obtenidas son mucho menores con respecto a las halladas en “Población Costera”, es innegable a nivel de composición genética, los efectos de la migración de contingentes del centro y sur de Chile hacia la segunda mitad del siglo XIX y primer tercio del siglo XX. Así mismo, dentro de la variedad de linajes hallados en “Calama y Chuquicamata”, a diferencia de lo encontrado en “Población Costera”, se observa una mayor presencia de linajes típicos del norte de Chile (de Saint Pierre et al., 2012a) y el altiplano (Gayà-Vidal et al., 2011; Sandoval et al., 2013; Taboada-Echalar et al., 2013), tales como B2, B2aj y B2-455+T, con valores del 21,3%, 9,8% y 3,3%, respectivamente. De esta manera, cuando se observa la Figura 8, se puede ver que la agrupación “Calama y Chuquicamata” se ubica en una posición relativamente cercana en el dendrograma a las poblaciones Aymara, Atacameña y “Pueblos aledaños a Calama”, situación que es reflejo de las frecuencias mitocondriales descritas anteriormente.

En relación a las “Oficinas Salitreras”, al ser un conglomerado creado con muchos individuos procedentes de diversos lugares, se puede observar un panorama heterogéneo a nivel de frecuencias mitocondriales, donde predominan tanto haplogrupos de la zona norte de Chile (B2: 23,8%), linajes que provienen del centro y sur del país (B2i2: 4,8% y D1g: 14,3%); y haplogrupos que pueden estar en todo el continente americano, como D4h3a con un 9,5% de presencia. Además, los datos descritos anteriormente, difieren levemente con la evidencia encontrada en “Población Costera” (B2: 14,1%, D1g: 19,2% y D4h3a: 6,4%) y “Calama y Chuquicamata”, donde el haplogrupo B2 alcanzó frecuencias del 21,3%, D1g con un 18% y un 0% de representación del linaje D4h3a. De esta manera, cuando se observa la Figura 8, se puede ver que la agrupación “Oficinas Salitreras” se ubica en una posición de cercanía relativa con poblaciones del sur de Chile y “Población Costera”, elemento que se vincula estrechamente a los valores de frecuencias mitocondriales descritos anteriormente.

En base a lo planteado aquí y a los resultados obtenidos en esta memoria, es posible entonces afirmar que existe una estructuración poblacional diferenciada entre las poblaciones de la costa y los valles altos, aseveración que se ve reflejada en las diferencias existentes en las frecuencias mitocondriales entre ambas poblaciones y los índices de fijación F_{ST} asociados. De esta manera, se observa que en la “Población de la Costa” predominan linajes provenientes del centro sur del país (B2i2, C1b13 y D1g) en el contexto del auge salitrero a finales del siglo XIX y minero a principios del siglo XX; elemento que está en contraposición con lo hallado en “Pueblos aledaños a Calama”, donde destacan haplogrupos como B2, B2aj y B2-455+T, linajes propios de las poblaciones del norte de Chile y el altiplano. Además, los resultados obtenidos en esta memoria no aportan evidencia genética que relacione a las poblaciones andinas con poblaciones amazónicas.

Grupos/Haplogrupos	n	% A2	% B2	% B2ai	% B2aj	% B2y	% B2-455+T	% B2i2	% C1	% C1b	% C1b8	% C1b - 16192	% C1b13	% C1d1	% D1	% D1g	% D1j	% D4h3a	% D4h3a5	Referencia
Población Costera	78	11,5	14,1	0	0	0	1,3	19,2	5,1	5,1	1,3	3,8	9		6,4	12,8	3,8	6,4	0	1
Calama + Chuquicamata	61	13,1	14,8	1,6	9,8	4,9	3,3	18	1,6	6,6	0	1,6	6,6	1,6	4,9	8,2	3,3	0	0	1
Amazónicos Brasil	29	20,7	27,6	0	0	0	0	0	24,1	0	0	0	0	0	27,6	0	0	0	0	2
Andinos Perú	50	16	30	6	0	6	0	0	4	16	0	0	0	0	22	0	0	0	0	3
Andinos Bolivia	69	8,7	30,4	7,2	39,1	0	7,2	0	0	2,9	0	0	0	0	4,3	0	0	0	0	4
Amazonía Perú	50	36	34	0	0	0	0	0	4	12	0	0	0	0	14	0	0	0	0	3
Sur de Chile	108	8,3	1,9	0	0	0	0	25,9	0,9	3,7	0	0	22,2	0	1,9	33,3	0	0	1,9	5
Pehuenche*	42	7,1	0	0	0	0	0	26,2	0	0	0	0	28,6	0	0	38,1	0	0	0	5
Mapuche de Chile*	19	0	10,5	0	0	0	0	26,3	0	15,8	0	0	26,3	0	0	15,7	0	5,3	0	5
Huilliche*	47	12,8	0	0	0	0	0	25,5	2,1	2,1	0	0	14,9	0	4,3	36,2	0	0	2,1	5

Tabla 12: Frecuencias de haplogrupos mitocondriales de algunas de las poblaciones incorporadas en el F_{ST} "Población Sudamericana". n corresponde al tamaño de la muestra. Aquellos grupos que están marcados con * es porque se sumaron entre sí para incorporar la población "sur de Chile" como un todo. Referencias: 1. Este estudio; 2. Fagundes et al., 2008; 3. Sandoval et al., 2016; 4. Sandoval et al., 2013; 5. de Saint Pierre et al., 2012a.

12. Conclusión

A continuación, se presentan las conclusiones de este trabajo desarrolladas según los objetivos e hipótesis planteadas en esta investigación:

i. Al describir y comparar las frecuencias de haplogrupos mitocondriales para ambas ciudades: Antofagasta (costa) y Calama (valles altos); se evidenció que en las localidades de la costa pacífica hay una presencia importante de linajes del centro sur del país como B2i2, C1b13 y D1g. A pesar de que en Calama/Chuquicamata se reportan estos mismos haplogrupos (pero en menor cantidad), se puede observar un aumento a nivel de frecuencias de linajes propios del norte de Chile y el altiplano (B2, B2aj y B2-455+T),

ii. A diferencia de lo hallado en las Poblaciones Costeras y en Calama/Chuquicamata, es en las localidades aledañas a Calama en donde se observan en totalidad linajes del norte de Chile y el altiplano (B2, B2aj y B2-455+T), además de la ausencia de linajes mitocondriales del centro sur del país como B2i2, C1b13 y D1g

iii. Al examinar la relación genética de las poblaciones de Antofagasta y Calama con otras poblaciones chilenas, se pudo establecer que las poblaciones de la zona costera (Antofagasta, Tocopilla y Mejillones) se relacionan más cercanamente con poblaciones nativas del sur de Chile (Mapuche, Huilliche, Pehuenche), mientras que tanto Calama como los Pueblos aledaños a la misma ciudad, genéticamente son más cercanos a las poblaciones nativas del norte de Chile (Aymara y Atacameños).

iv. Al examinar la diferenciación genética existente entre las poblaciones de Antofagasta y Calama con datos genéticos disponibles de la zona de los Andes del Sur (Perú, Bolivia, Argentina) y el Amazonas; se pudo establecer que las poblaciones de la zona costera (Antofagasta, Tocopilla y Mejillones) se relacionan más cercanamente con poblaciones de los Andes peruanos y la Amazonía brasileña y peruana, mientras tanto las localidades aledañas a Calama (San Pedro de Atacama, Toconao, Toconce, entre otros) se acercan genéticamente a poblaciones de los Andes bolivianos y el Noroeste de Argentina.

Por lo tanto, podemos concluir que las poblaciones de la región de Antofagasta presentan una estructuración genética espacial, aparejada por diferencias notables a nivel de frecuencias mitocondriales, siendo además las poblaciones de la zona costera genéticamente cercanas a poblaciones nativas del centro-sur de Chile; mientras que las localidades aledañas a Calama comparten linajes específicos (B2aj y B2-455+T) con poblaciones del norte de Chile y el altiplano.

13. Consideraciones finales y perspectivas

La presente memoria ha permitido caracterizar genéticamente parte de la población de la región de Antofagasta a partir de marcadores uniparentales. Dentro de las características de esta memoria, cabe señalar que constituye el primer estudio que entrega datos de ADN mitocondrial para la región de Antofagasta a partir de la secuenciación de la región control. A pesar de que los datos obtenidos no son representativos de la población total de la región, es importante destacar que de igual manera la evidencia entregada es una aproximación hacia la caracterización de los linajes maternos. A lo anterior, los datos obtenidos en esta investigación son similares a ciertas poblaciones urbanas mestizas, tales como Iquique o Santiago de Chile (Gómez-Carballa et al., 2016).

Con respecto al estudio de linajes nativos y en específico de aquellos asociados a los Andes del sur, sería prometedor en primera instancia poder expandir y concentrar el horizonte de estudio a las localidades más pequeñas (como por ejemplo Toconao, Machuca, Pueblo Hundido, Río Grande, San Pedro de Atacama, Ayquina, Lasana, Toconce, Ollagüe, Caspana, Socaire, entre otros), pues tal y como observamos en los resultados obtenidos en esta memoria, la mayor concentración de linajes andinos como B2aj y B2-455+T se encontraron allí. Asimismo, sería relevante además, incluir la secuenciación de genomas mitocondriales completos para el análisis filogeográfico de estos linajes mitocondriales. El estudio en profundidad de estos linajes podría no sólo dar luces sobre el origen de las poblaciones andinas, patrones migratorios y flujo genético entre grupos, sino que también podrían reinterpretar filogenias y fechados ya establecidas por otras investigaciones, tales como la del linaje B2aj (Gómez-Carballa et al., 2018) y ahondar con mayor profundidad sobre el origen del linaje B2-455+T.

Cabe destacar por último que las investigaciones con marcadores mitocondriales se caracterizan por reflejar solo la parte materna de la historia evolutiva de una población, por lo que es necesario complementar las interpretaciones realizadas con datos moleculares y del cromosoma Y para poder comprender a cabalidad la historia evolutiva de las poblaciones en estudio. Con estas consideraciones y nuevos horizontes investigativos se da por finalizado el presente estudio.

14. Bibliografía

- Achilli, A., Rengo, C., Magri, C., Battaglia, V., Olivieri, A., Scozzari, R., ... & Moral, P. (2004). The molecular dissection of mtDNA haplogroup H confirms that the Franco-Cantabrian glacial refuge was a major source for the European gene pool. *The American Journal of Human Genetics*, 75(5), 910-918.
- Achilli, A., Perego, U. A., Bravi, C. M., Coble, M. D., Kong, Q. P., Woodward, S. R., ... & Bandelt, H. J. (2008). The phylogeny of the four pan-American MtDNA haplogroups: implications for evolutionary and disease studies. *PLoS One*, 3(3), e1764.
- Afonso Costa H, Carvalho M, Lopes V, Balsa F, Bento AM, Serra A, Andrade L, Anjos MJ, Vide MC, et al. (2010). Mitochondrial DNA sequence analysis of a native Bolivian population. *Journal of forensic and legal medicine*, 17(5), 247-253.
- Alves-Silva, J., da Silva Santos, M., Guimarães, P. E., Ferreira, A. C., Bandelt, H. J., Pena, S. D., & Prado, V. F. (2000). The ancestry of Brazilian mtDNA lineages. *The American Journal of Human Genetics*, 67(2), 444-461.
- Anderson S, Bankier AT, Barrell BG, de Bruijn MH, Coulson AR, Drouin J, Eperon IC, Nierlich DP, Roe BA, Sanger F, Schreier PH, Smith AJ, Staden R, Young IG. (1981). Sequence and organization of the human mitochondrial genome. *Nature*, 290(5806), 457.
- Andrews, R. M., Kubacka, I., Chinnery, P. F., Lightowlers, R. N., Turnbull, D. M., & Howell, N. (1999). Reanalysis and revision of the Cambridge reference sequence for human mitochondrial DNA. *Nature genetics*, 23(2), 147.
- Apata, M., Arriaza, B., Llop, E., & Moraga, M. (2017). Human adaptation to arsenic in Andean populations of the Atacama Desert. *American Journal of Physical Anthropology*, 163(1), 192-199.
- Arias, L., Barbieri, C., Barreto, G., Stoneking, M., & Pakendorf, B. (2018). High-resolution mitochondrial DNA analysis sheds light on human diversity, cultural interactions, and population mobility in Northwestern Amazonia. *American Journal of Physical Anthropology*, 165(2), 238-255.
- Baca, M., Molak, M., Sobczyk, M., Węgleński, P., & Stankovic, A. (2014). Locals, resettlers, and pilgrims: A genetic portrait of three pre-Columbian Andean populations. *American Journal of Physical Anthropology*, 154(3), 402-412.
- 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.
- Barbieri, C., Heggarty, P., Yang Yao, D., Ferri, G., De Fanti, S., Sarno, S., ... & Pettener, D. (2014). Between Andes and Amazon: The genetic profile of the Arawak-speaking Yaneshas. *American Journal of Physical Anthropology*, 155(4), 600-609.

- Barros-Arana, D. (1999)[1884]. *Historia general de Chile*. Vol. 1. Ed. Universitaria.
- Batai, K., & Williams, S. R. (2014). Mitochondrial variation among the Aymara and the signatures of population expansion in the central Andes. *American Journal of Human Biology*, 26(3), 321-330.
- Berenguer, J., y Dauelsberg, P. (1989). El norte grande en la órbita de Tiwanaku (400 a 1200 dC). *Culturas de Chile: Prehistoria*, 129-180.
- Berenguer, J. (1997) *El Norte Grande en la Prehistoria. Donde el agua es oro*. En Chile antes de Chile Prehistoria. Museo Chileno de Arte Precolombino.
- Berenguer, J., Cáceres, I., Sanhueza, C., y Hernández, P. (2005). El Qhapaqñan en el Alto Loa, norte de Chile: Un estudio micro y macromorfológico. *Estudios atacameños*, (29), 7-39.
- Bermudez, O. M. (1967). *Orígenes históricos de Antofagasta*. Editorial Universitaria, SA.
- Bittmann, B. (1977). Cobija y alrededores en la época colonial (1600-1750). *Actas del VII Congreso de Arqueología de Chile* (págs. 327-352). Altos de Vilches: Kultrum.
- Bodner, M., Perego, U. A., Huber, G., Fendt, L., Röck, A. W., Zimmermann, B., ... & Bobillo, M. C. (2012). Rapid coastal spread of First Americans: Novel insights from South America's Southern Cone mitochondrial genomes. *Genome research*.
- Brown, M. D., Hosseini, S. H., Torroni, A., Bandelt, H. J., Allen, J. C., Schurr, T. G., ... & Wallace, D. C. (1998). mtDNA haplogroup X: an ancient link between Europe/Western Asia and North America?. *The American Journal of Human Genetics*, 63(6), 1852-1861.
- Cabana, G. S., Merriwether, D. A., Hunley, K., & Demarchi, D. A. (2006). Is the genetic structure of Gran Chaco populations unique? Interregional perspectives on native South American mitochondrial DNA variation. *American Journal of Physical Anthropology: The Official Publication of the American Association of Physical Anthropologists*, 131(1), 108-119.
- Cajías, F. (1976). *La provincia de Atacama 1825-1842*. Edita Instituto Boliviano de Cultura.
- Cardoso, S., Alfonso-Sánchez, M. A., Valverde, L., Sánchez, D., Zarrabeitia, M. T., Odriozola, A., ... & De Pancorbo, M. M. (2012). Genetic uniqueness of the Waorani tribe from the Ecuadorian Amazon. *Heredity*, 108(6), 609.
- Cardoso, S., Palencia-Madrid, L., Valverde, L., Alfonso-Sánchez, M. A., Gómez-Pérez, L., Alfaro, E., ... & 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..

Castro, V., Berenger, J., Gallardo, F., Llagostera, A. y Salazar, D. (2016). Vertiente Occidental Circumpuneña. Desde las sociedades posarcaicas hasta las preincas (ca. 1.500 años a.C a 1.470 años d.C). *Santiago, Chile: Prehistoria en Chile desde sus Primeros Habitantes hasta los Incas. Editorial Universitaria.*

Catelli, M. L., Álvarez-Iglesias, V., Gómez-Carballa, A., Mosquera-Miguel, A., Romanini, C., Borosky, A., ... & Salas, A. (2011). The impact of modern migrations on present-day multi-ethnic Argentina as recorded on the mitochondrial DNA genome. *BMC genetics*, 12(1), 77.

Cisternas, P. (2012). *El corregimiento de atacama en vísperas de las transformaciones borbónicas: Configuraciones coloniales y dinámicas demográficas, s. xviii.* (Tesis para optar al Grado de Magíster en Historia, mención Etnohistoria). Universidad de Chile, Santiago, Chile.

Corella, A., Bert, F., Pérez-Pérez, A., Gené, M., & Turbón, D. (2007). Mitochondrial DNA diversity of the Amerindian populations living in the Andean Piedmont of Bolivia: Chimane, Mosen, Aymara and Quechua. *Annals of human biology*, 34(1), 34-55.

Cussen, C. (2016). Relato histórico de la formación del actual pueblo chileno. En S. Berrios Del Solar, *El ADN de los chilenos y sus orígenes genéticos (pp. 17-34)*. Santiago de Chile: Editorial Universitaria.

de Saint Pierre M, Bravi CM, Motti JM, Fuku N, Tanaka M, Llop E, Bonatto SL, Moraga M. (2012a). An alternative model for the early peopling of southern South America revealed by analyses of three mitochondrial DNA haplogroups. *PLoS one*. 7:e43486.

de Saint Pierre, M., Gandini, F., Perego, U. A., Bodner, M., Gómez-Carballa, A., Corach, D., ... & Parson, W. (2012b). Arrival of Paleo-Indians to the southern cone of South America: new clues from mitogenomes. *PloS one*, 7(12), e51311.

de Saint Pierre M. (2013). *Poblamiento de la Patagonia: una aproximación genética en poblaciones indígenas actuales de Chile y Argentina* (Tesis Doctoral). Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

De Fanti, S., Barbieri, C., Sarno, S., Sevini, F., Vianello, D., Tamm, E., ... & Franceschi, C. (2015). Fine dissection of human mitochondrial DNA haplogroup HV lineages reveals Paleolithic signatures from European glacial refugia. *PloS one*, 10(12), e0144391.

De la Vega, G. (1722). *Historia general del Perú*. Franco.

Di Corcia, T., Sanchez Mellado, C., Davila Francia, T. J., Ferri, G., Sarno, S., Luiselli, D., & Rickards, O. (2017). East of the Andes: The genetic profile of the Peruvian Amazon populations. *American Journal of Physical Anthropology*, 163(2), 328-338.

Escobar Güic, D. (2013). El mercado laboral femenino e infantil en Antofagasta: 1880-1930. *Historia (Santiago)*, 46(2), 343-394.

Excoffier LG, Schneider S. (2005) Arlequin ver. 3.0: An integrated software package for population genetics data analysis. *Evolutionary Bioinformatics Online*, 1:47-50.

Fagundes, N. J., Kanitz, R., Eckert, R., Valls, A. C., Bogó, M. R., Salzano, F. M., ... & Santos, S. E. (2008). Mitochondrial population genomics supports a single pre-Clovis origin with a coastal route for the peopling of the Americas. *The American Journal of Human Genetics*, 82(3), 583-592.

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.

Flores, S. (2016). *Ancestría y mestizaje de poblaciones chilota y croata en Punta Arenas: un estudio a través de marcadores uniparentales*. (Tesis de pregrado). Facultad de Ciencias Sociales, 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.

Gallimany, J. (2015). *Patrones de parentesco y residencia mediante DNA antiguo en el uso mortuario de la cueva Estero Sur, Archipiélago de los Chonos*. (Tesis de pregrado). Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

Garcés Feliú, E. (1999). Las ciudades del salitre. *Santiago, Orígenes*.

García, F., Moraga, M., Vera, S., Henríquez, H., Llop, E., Aspillaga, E., & Rothhammer, F. (2006). mtDNA microevolution in Southern Chile's archipelagos. *American Journal of Physical Anthropology: The Official Publication of the American Association of Physical Anthropologists*, 129(3), 473-481.

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.

García-Bour, J., Pérez-Pérez, A., Álvarez, S., Fernández, E., López-Parra, A. M., Arroyo-Pardo, E., & Turbón, D. (2004). Early population differentiation in extinct aborigines from Tierra del Fuego-Patagonia: ancient mtDNA sequences and Y-chromosome STR characterization. *American Journal of Physical Anthropology: The Official Publication of the American Association of Physical Anthropologists*, 123(4), 361-370.

Gayà-Vidal, M., Moral, P., Saenz-Ruales, N., Gerbault, P., Tonasso, L., Villena, M., ... & Dugoujon, J. M. (2011). mtDNA and Y-chromosome diversity in Aymaras and Quechuas from Bolivia: Different stories and special genetic traits of the Andean Altiplano populations. *American Journal of Physical Anthropology*, 145(2), 215-230.

Gazmuri, C. (2014). *Historia de Chile: 1891-1994. Política, economía, sociedad, cultura, vida privada, episodios*. RIL editores.

Gómez-Carballa, A., Moreno, F., Álvarez-Iglesias, V., Martín-Torres, F., García-Magariños, M., Pantoja-Astudillo, J. A., ... & Salas, A. (2016). Revealing latitudinal patterns of mitochondrial DNA diversity in Chileans. *Forensic Science International: Genetics*, 20, 81-88.

Gómez-Carballa, A., Pardo-Seco, J., Brandini, S., Achilli, A., Perego, U. A., Coble, M. D., ... & Torroni, A. (2018). The peopling of South America and the trans-Andean gene flow of the first settlers. *Genome research*.

Gonder, M. K., Mortensen, H. M., Reed, F. A., de Sousa, A., & Tishkoff, S. A. (2006). Whole-mtDNA genome sequence analysis of ancient African lineages. *Molecular biology and evolution*, 24(3), 757-768.

González Pizarro, J. A. (2011). Notas sobre la inmigración argentina en la precordillera antofagastina durante el ciclo salitrero. *Estudios atacameños*, (42), 189-204.

González Miranda, S., & Leiva Gómez, S. (2016). El norte grande durante el ciclo del salitre: la política salitrera y la política exterior en la formación de un espacio transfronterizo (Bolivia y Chile, 1880-1929). *Estudios atacameños*, (52), 11-29.

Henríquez, H., Moraga, M., Llop, E., & Rothhammer, F. (2004). Caracterización genético molecular de habitantes de Caleta Paposo, último reducto Chango en Chile. *Revista médica de Chile*, 132(6), 663-672.

Hidalgo, J. (2012). Capítulo 4: Atacama colonial. De la Conquista a la Colonia. En *Atacama* (págs. 111-155). Santiago.

Horai, S., Kondo, R., Nakagawa-Hattori, Y., Hayashi, S., Sonoda, S., & Tajima, K. (1993). Peopling of the Americas, founded by four major lineages of mitochondrial DNA. *Molecular Biology and Evolution*, 10(1), 23-47.

Howell, N., Smejkal, C. B., Mackey, D. A., Chinnery, P. F., Turnbull, D. M., & Herrnstadt, C. (2003). The pedigree rate of sequence divergence in the human mitochondrial genome: there is a difference between phylogenetic and pedigree rates. *The American Journal of Human Genetics*, 72(3), 659-670.

INE. (1930). Resultados del X Censo de la Población efectuado el 27 de Noviembre de 1930 y Estadísticas comparativas con censos anteriores. Chile: Instituto Nacional de Estadística.

INE. (1940). Chile. XI Censo de Población (1940). Recopilación de cifras publicadas por la Dirección de Estadística y Censos. Chile: Instituto Nacional de Estadística.

INE. (1952). XII Censo Nacional de Población y I de Vivienda. Chile: Instituto Nacional de Estadística.

INE. (1960). Censo Población 1960. Resumen País. Chile: Instituto Nacional de Estadística.

INE. (1970). XIV Censo de Población y III de Vivienda 1970. Chile: Instituto Nacional de Estadística.

INE. (1982). Organización del XV Censo Nacional de Población y IV de Vivienda (12 de abril de 1982). Chile: Instituto Nacional de Estadística.

INE. (1992). Chile: Ciudades, Pueblos y Aldeas. Censo 1992. Santiago de Chile: Instituto Nacional de Estadística.

INE. (2002). Chile: Ciudades, Pueglos, Aldeas y Caseríos. Santiago de Chile: Instituto Nacional de Estadística.

INE. (2017). Primera entrega de resultados definitivos Censo 2017. Cantidad de personas por sexo y edad. Santiago de Chile: Instituto Nacional de Estadística.

Kemp, B. M., Malhi, R. S., McDonough, J., Bolnick, D. A., Eshleman, J. A., Rickards, O., ... & Fifiield, T. E. (2007). Genetic analysis of early Holocene skeletal remains from Alaska and its implications for the settlement of the Americas. *American Journal of Physical Anthropology: The Official Publication of the American Association of Physical Anthropologists*, 132(4), 605-621.

Lalueza, C., Perez-Perez, A., Prats, E., Cornudella, L., & Turbon, D. (1997). Lack of founding Amerindian mitochondrial DNA lineages in extinct aborigines from Tierra del Fuego-Patagonia. *Human Molecular Genetics*, 6(1), 41-46.

Latcham, R. E. (1928). *La prehistoria chilena*. Oficina del Libro.

Leiva, X. (2010). *Efectos de las migraciones recientes en la composición genética de la población de Santiago de Chile* (Tesis pregrado). Facultad de Ciencias Sociales, Universidad de Chile.

Lewis Jr, C. M., Lizárraga, B., Tito, R. Y., López, P. W., Iannacone, G. C., Medina, A., ... & Stone, A. C. (2007). Mitochondrial DNA and the peopling of South America. *Human Biology*, 159-178.

Lewis, C. M., & Long, J. C. (2008). Native South American genetic structure and prehistory inferred from hierarchical modeling of mtDNA. *Molecular biology and evolution*, 25(3), 478-486.

Llagostera, A. (1976). Hipótesis sobre la expansión incaica en la vertiente occidental de los Andes meridionales. *Homenaje al Dr. Gustavo Le Paige SJ*, 203-218.

Llamas, B., Fehren-Schmitz, L., Valverde, G., Soubrier, J., Mallick, S., Rohland, N., ... & Romero, M. I. B. (2016). Ancient mitochondrial DNA provides high-resolution time scale of the peopling of the Americas. *Science advances*, 2(4), e1501385.

Malyarchuk, B., Derenko, M., Grzybowski, T., Perkova, M., Rogalla, U., Vanecek, T., & Tsybovsky, I. (2010). The peopling of Europe from the mitochondrial haplogroup U5 perspective. *PLoS one*, 5(4), e10285.

Manríquez, G., Puschel, T., Flores, S., González, T., Moraga, M., Rothhammer, F. (2016). Capítulo XIII: El origen y evolución de la población chilena desde un enfoque bioantropológico. En: Falabella, F., Uribe, M., Sanhueza, L., Aldunate, C., Hidalgo, J. (2016). *Prehistoria en Chile: Desde sus primeros habitantes hasta los Incas* (pp. 573-586). Santiago: Editorial Universitaria.

Mendes-Junior, C. T., & Simoes, A. L. (2009). Mitochondrial DNA variability among eight Tikúna villages: Evidence for an intratribal genetic heterogeneity pattern. *American Journal of Physical Anthropology: The Official Publication of the American Association of Physical Anthropologists*, 140(3), 526-531.

Merriwether, D. A., Rothhammer, F., & Ferrell, R. E. (1995). Distribution of the four founding lineage haplotypes in Native Americans suggests a single wave of migration for the New World. *American Journal of Physical Anthropology*, 98(4), 411-430.

Moraga, M. L., Rocco, P., Miquel, J. F., Nervi, F., Llop, E., Chakraborty, R., ... & 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: The Official Publication of the American Association of Physical Anthropologists*, 113(1), 19-29.

Moraga, M., Aspillaga, E., Santoro, C., Standen, V., Carvallo, P., & Rothhammer, F. (2001). Análisis de ADN mitocondrial en momias del norte de Chile avala hipótesis de origen amazónico de poblaciones andinas. *Revista chilena de historia natural*, 74(3), 719-726.

Moraga, M., De Saint Pierre, M., Torres, F., y Ríos, J. (2010). Vínculos de parentesco por vía materna entre los últimos descendientes de la etnia Kawésqar y algunos entierros en los canales patagónicos: evidencia desde el estudio de linajes mitocondriales. *Magallania (Punta Arenas)*, 38(2), 103-114.

Moraga M., Pezo P. y de Saint Pierre M. (2016). Una mirada a las poblaciones fundadoras mediante el estudio de marcadores genéticos de herencia uniparental. En S. Berrios Del Solar, *El ADN de los chilenos y sus orígenes genéticos* (pp 62-87). Ciudad: Editorial Universitaria.

Muñoz, I. (1989). El período Formativo en el norte Grande. *Culturas de Chile. Prehistoria. Desde sus orígenes hasta los albores de la conquista*, 107-128.

Murra, J. (1975). Formaciones económicas y políticas del mundo andino. Instituto de Estudios Peruanos, Lima.

Niemeyer, H. (1989). El escenario geográfico. *Culturas de Chile. Prehistoria. Stgo, Ed. Andrés Bello*, 1-12.

Niemeyer, H., & Schiappacasse, V. (1977). Investigación de un sitio temprano de cazadores-recolectores arcaicos en la desembocadura del valle de Camarones. In *Actas del VII Congreso de Arqueología de Chile* (Vol. 1, pp. 115-18).

Núñez, L., Hidalgo, J., Schiappacasse, V., y Niemeyer, H. (1989). Hacia la producción de alimentos y la vida sedentaria (5,000 aC a 900 dC). *Culturas de Chile. Prehistoria. Desde sus orígenes hasta los albores de la conquista*, 81-105.

Orellana, M. (2014). *Patrones de diferenciación entre las poblaciones rurales de del Norte y Sur del Curso Superior del río Aconcagua: Aproximación desde la Antropología Molecular*. (Tesis de pregrado). Facultad de Ciencias Sociales, Universidad de Concepción.

Pala, M., Olivieri, A., Achilli, A., Accetturo, M., Metspalu, E., Reidla, M., ... & Perego, U. A. (2012). Mitochondrial DNA signals of late glacial recolonization of Europe from near eastern refugia. *The American journal of human genetics*, 90(5), 915-924.

Perego, U. A., Angerhofer, N., Pala, M., Olivieri, A., Lancioni, H., Kashani, B. H., ... & Zimmermann, B. (2010). The initial peopling of the Americas: a growing number of founding mitochondrial genomes from Beringia. *Genome Research*, 20(9), 1174-1179.

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.

Rivera, M. (2002). *Historias del desierto. Arqueología del Norte de Chile*. Editorial del Norte. La Serena, Chile

Rocco, P., Morales, C., Moraga, M., Miquel, J. F., Nervi, F., Llop, E., ... & Rothhammer, F. (2002). Composición genética de la población chilena: Distribución de polimorfismos de DNA mitocondrial en grupos originarios y en la población mixta de Santiago. *Revista médica de Chile*, 130(2), 125-131.

Rojas, F. R. (23 de Septiembre de 2016). Gobierno Regional de Antofagasta. *GORE Antofagasta*. Recuperado de: <https://www.goreantofagasta.cl/historia-de-la-region/goreantofagasta/2016-09-23/181608.html>. Última visita: 5/09/2018

Rothhammer, F., Moraga, M., Rivera, M., Santoro, C. M., Standen, V. G., García, F., & Carvallo, P. (2003). Análisis de ADNmt de restos esqueléticos del sitio Arqueológico de Tiwanaku y su Relación con el Origen de sus Constructores. *Chungará (Arica)*, 35(2), 269-274.

Rothhammer, F., & Dillehay, T. D. (2009). The late Pleistocene colonization of South America: an interdisciplinary perspective. *Annals of human genetics*, 73(5), 540-549

Rothhammer, F., Fehren-Schmitz, L., Puddu, G., & Capriles, J. (2017). Mitochondrial DNA haplogroup variation of contemporary mixed South Americans reveals prehistoric displacements linked to archaeologically-derived culture history. *American Journal of Human Biology*, 29(6), e23029.

- Salas, A., Richards, M., De la Fe, T., Lareu, M. V., Sobrino, B., Sánchez-Diz, P., ... & Carracedo, Á. (2002). The making of the African mtDNA landscape. *The American Journal of Human Genetics*, 71(5), 1082-1111.
- Salazar, D., Berenguer, J., & Vega, G. (2013). Paisajes minero-metalúrgicos incaicos en Atacama y el altiplano sur de Tarapacá (norte de Chile). *Chungará (Arica)*, 45(1), 83-103.
- Sandoval, J. R., Lacerda, D. R., Jota, M. S., Salazar-Granara, A., Vieira, P. P. R., Acosta, O., ... & Genographic Project Consortium. (2013). The genetic history of indigenous populations of the Peruvian and Bolivian Altiplano: the legacy of the Uros. *PLoS One*, 8(9), e73006.
- Sandoval, J. R., Lacerda, D. R., Acosta, O., Jota, M. S., Robles-Ruiz, P., Salazar-Granara, A., ... & Genographic Project Consortium. (2016). The Genetic History of Peruvian Quechua-Lamistas and Chankas: Uniparental DNA Patterns among Autochthonous Amazonian and Andean Populations. *Annals of human genetics*, 80(2), 88-101.
- Sanhueza, T., Cecilia, M., & Gundermann, H. (2007). Estado, expansión capitalista y sujetos sociales en Atacama (1879-1928). *Estudios atacameños*, (34), 113-136.
- Santoro, C. (1989). Antiguos cazadores de la puna. *Culturas de Chile. Prehistoria. Stgo, Ed. Andrés Bello*, 33-55.
- Santoro, C. M., Cartajena, I., Maldonado, A., Gayó, E. M., Latorre, C., Rivadeneira, M. M., ... & Ugalde, P. C. (2016). Cazadores, recolectores y pescadores arcaicos del Desierto de Atacama. entre el Pacífico y los Andes, norte de Chile (ca. 10.000–3.700 años ap). *Santiago, Chile: Prehistoria en Chile desde sus Primeros Habitantes hasta los Incas. Editorial Universitaria*.
- Schiappacasse, V., Castro, V., y Niemeyer, H. (1989). Los desarrollos regionales en el norte grande (1000 a 1400 dC). *Culturas de Chile: Prehistoria*, 181-220.
- Sepúlveda, M. (2004). Esquemas visuales y emplazamiento de las representaciones rupestres de camélidos del Loa Superior en tiempos incaicos. ¿Una nueva estrategia de incorporación de este territorio al Tawantinsuyu?. *Chungará (Arica)*, 36(2), 439-451
- Shinoda, K. I., Adachi, N., Guillen, S., & Shimada, I. (2006). Mitochondrial DNA analysis of ancient Peruvian highlanders. *American Journal of Physical Anthropology: The Official Publication of the American Association of Physical Anthropologists*, 131(1), 98-107.
- Soares, P., Ermini, L., Thomson, N., Mormina, M., Rito, T., Röhl, A., ... & Richards, M. B. (2009). Correcting for purifying selection: an improved human mitochondrial molecular clock. *The American Journal of Human Genetics*, 84(6), 740-759.
- Taboada-Echalar, P., Álvarez-Iglesias, V., Heinz, T., Vidal-Bralo, L., Gómez-Carballa, A., Catelli, L., ... & Rocabado, O. (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., ... & Fedorova, S. A. (2007). Beringian standstill and spread of Native American founders. *PloS one*, 2(9), e829.

Tamura K, Stecher G, Peterson D, FilipSKI A, & Kumar, S. (2013). *Molecular Biology and Evolution* 30:2725-2729

Téllez, E. (1984). La guerra atacameña del siglo XVI: Implicancias y trascendencia de un siglo de insurrecciones indígenas en el despoblado de Atacama. *Estudios Atacameños. Arqueología y antropología surandinas*, (7), 295-310.

Torrioni, A., Schurr, T. G., Cabell, M. F., Brown, M. D., Neel, J. V., Larsen, M., ... & Wallace, D. C. (1993). Asian affinities and continental radiation of the four founding Native American mtDNAs. *American journal of human genetics*, 53(3), 563.

Uribe, M. (1999). La arqueología del Inka en Chile. *Revista Chilena de Antropología*, (15).

Uribe, M., Adán, L., y Agüero, C. (2002). El dominio del Inka, identidad local y complejidad social en las tierras altas del desierto de Atacama, Norte Grande de Chile (1450-1541 dC). *Boletín de Arqueología pucp*, (6), 301-336.

Uribe, M. y 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). *Santiago, Chile: Prehistoria en Chile desde sus Primeros Habitantes hasta los Incas. Editorial Universitaria*.

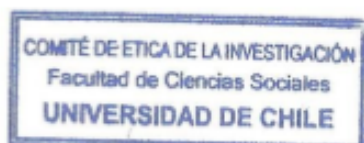
Valverde, G., Romero, M. I. B., Espinoza, I. F., Cooper, A., Fehren-Schmitz, L., Llamas, B., & Haak, W. (2016). Ancient DNA analysis suggests negligible impact of the Wari empire expansion in Peru's central coast during the Middle Horizon. *PloS one*, 11(6), e0155508.

Van Oven, M., & Kayser, M. (2009). Updated comprehensive phylogenetic tree of global human mitochondrial DNA variation. *Human mutation*, 30(2), E386-E394. <http://www.phylotree.org>.

Vieira-Machado, C. D., Tostes, M., Alves, G., Nazer, J., Martinez, L., Wettig, E., ... & Dutra, M. D. G. (2016). Uniparental ancestry markers in Chilean populations. *Genetics and molecular biology*, 39(4), 573-579.

15. Anexos

a. Consentimiento informado



Consentimiento Informado para Muestras Biológicas

Usted ha sido invitado(a) a participar en la investigación “**Análisis y descripción de mitogenomas, haplogrupos mitocondriales y de cromosoma Y amerindios en el norte de Chile**”. Su objetivo es analizar marcadores genéticos de ADN mitocondrial y cromosoma Y para estudios de poblamiento del norte de Chile. Usted ha sido seleccionado(a) porque cumple con el criterio de selección del estudio, es decir, individuo adulto nacido en una comuna perteneciente a alguna de las regiones del norte de Chile; Tarapacá, Arica y Parinacota, Antofagasta y/o Atacama.

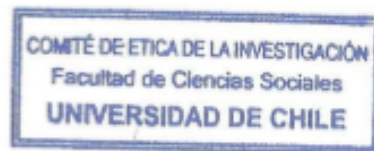
La investigadora responsable (IR) de este estudio es la Prof. Michelle de Saint Pierre Barrera, de la Facultad de Ciencias Sociales de la Universidad de Chile. La investigación es patrocinada por el proyecto FONDECYT N° 11150453.

Los estudios marcadores moleculares, también llamados genéticos, han sido usados con éxito para estudiar la historia, migraciones y orígenes de las poblaciones. En estos estudios se analiza la información presente en el ADN, la cual se encuentra presente en las células del cuerpo. Dos tipos de análisis de ADN han sido los más usados en estudios de poblamiento, los que analizan el ADN proveniente de las mitocondrias, que es heredado por vía materna, es decir de madres a hijas e hijos, y los provenientes del cromosoma Y, heredado por vía paterna, es decir de padres a hijos. El objetivo de este proyecto es el estudiar el origen de las poblaciones del norte de Chile, estudiando la información genética específica presente en el ADN mitocondrial y de cromosoma Y de una persona nacida en la región norte. Con este tipo de estudio se podrán conocer los ancestros de una persona (es decir el origen), determinar las relaciones de las poblaciones del norte de Chile respecto a poblaciones aledañas de Perú, Bolivia y Argentina, detectar eventos migratorios antiguos, conocer la antigüedad de las poblaciones originales, etc.

Para decidir participar en esta investigación, es importante que considere la siguiente información. Siéntase libre de preguntar cualquier asunto que no le quede claro:

La colaboración que se le solicita consiste en la donación de una muestra de saliva de 2 a 3 ml. Este procedimiento no tomará más de 5 minutos, no existiendo riesgos, complicaciones médicas o efectos no deseados.

Se realizará un pequeño cuestionario que durará menos de 10 minutos, y abarcará preguntas respecto a su lugar de nacimiento, así como el de sus padres y abuelos (en caso de conocerlos) y si reconoce su pertenencia (o la de sus padres/abuelos) a algún pueblo originario. Este cuestionario será realizado junto con la toma de muestra de saliva.



Usted no recibirá ningún beneficio directo, ni recompensa alguna, por participar en este estudio. No obstante, su participación le permitirá obtener información sobre sus ancestros genéticos y permitirá a los investigadores tener nuevos datos sobre el origen de las poblaciones del norte de Chile.

Su participación es absolutamente voluntaria. Usted tendrá la libertad de contestar las preguntas que desee, como también de detener su participación en cualquier momento que lo desee. Esto no implicará ningún perjuicio para usted.

Todas sus opiniones serán confidenciales, y mantenidas en estricta reserva. En las presentaciones y publicaciones de esta investigación, su nombre no aparecerá asociado a ninguna opinión particular. Los datos obtenidos en este estudio serán confidenciales y formarán parte del proyecto FONDECYT antes mencionado y comunicaciones científicas en los que se mostrarán los resultados generales del presente estudio, sin mencionar nombres ni otra forma de identificación de las personas donantes. Las muestras serán etiquetadas con un código y los datos obtenidos serán usados exclusivamente por la IR solo para este estudio y eventualmente incluidos en las publicaciones que de él se deriven. En cualquier caso, su identidad, los datos personales proporcionados y la información genética obtenida, nunca serán revelados ni comunicados con otros fines que los aquí declarados. Las muestras obtenidas serán guardadas refrigeradas en el Laboratorio de Antropología de la Facultad de Ciencias Sociales, y al finalizar la investigación serán eliminadas siguiendo los protocolos establecidos para la destrucción de material biológico.

Usted tiene derecho a conocer los resultados de esta investigación. Para ello, al finalizar la investigación se le contactará para coordinar la entrega de los resultados de forma personal. Además, en caso que lo desee, Ud. podrá entregar una dirección de domicilio particular o correo electrónico para la entrega de los mismos. Dado las características de los marcadores utilizados en este estudio, en el caso de las donantes mujeres recibirán los resultados de su ADN mitocondrial y en el caso de los donantes hombres el de su ADN mitocondrial y cromosoma Y.

Si requiere mayor información, o comunicarse por cualquier motivo relacionado con esta investigación, puede contactar a la Investigadora Responsable de este estudio: Dra. Michelle de Saint Pierre Barrera; dirección: Ignacio Carrera Pinto N°1045, Facultad de Ciencias Sociales de la Universidad de Chile; Teléfono: 81912726; email: michelle.desan@gmail.com. También puede comunicarse con la Presidenta del Comité de Ética de la Investigación que aprobó este estudio: Prof. Dra. Marcela Ferrer Lues, Presidenta Comité de Ética de la Investigación, Facultad de Ciencias Sociales, Universidad de Chile, Dirección: Facultad de Ciencias Sociales, Universidad de Chile. Av. Ignacio Carrera Pinto 1045, Ñuñoa, Santiago; Teléfono: (56-2) 2978 9726; email: comité.etica@facso.cl.



Con su firma usted declara que su participación es voluntaria, informada, y que no se debe a influencia o presión por parte del equipo de investigación. Usted tiene el derecho a negarse a su participación en este proyecto como también –en caso de aceptar en primera instancia a participar- a retirarse en cualquier momento del estudio, sin explicación o perjuicio.

En el caso de aceptar participar en este proyecto, se firmarán dos ejemplares de este documento, quedando de esta manera una copia para usted, con la firma y datos del investigador responsable y la información de la investigación.



Declaración de Aceptación de su Participación.

Con esto declaro que:

“He sido invitado(a) participar en el estudio *“Análisis y descripción de mitogenomas, haplogrupos mitocondriales y de cromosoma Y amerindios en el norte de Chile”*. He leído detenidamente en qué consiste el proyecto y mi participación en él, se me ha informado sobre los objetivos de esta investigación y he tenido tiempo para hacer preguntas, las cuales se me ha contestado claramente. De esta manera, acepto participar voluntariamente y sé que tengo el derecho a retirarme en cualquier momento del estudio, sin explicación o perjuicio”.

Deseo recibir la información vía e-mail –o forma de contacto equivalente– sobre mis marcadores genéticos (haplogrupo) de ADN mitocondrial/cromosoma Y y tener acceso a los resultados poblacionales de esta investigación.

E-mail o dirección: _____

No deseo recibir la información vía e-mail sobre mis marcadores genéticos (haplogrupo) de ADN mitocondrial/cromosoma Y o tener acceso a los resultados poblacionales de esta investigación (Si Ud. posteriormente cambia de opinión, puede comunicarse con el encargado de este estudio)

Nombre y Firma del Participante

Nombre y Firma de la investigadora responsable

b. Tabla con las secuencias del D-loop del ADN mitocondrial para las poblaciones en este estudio.

ID	Haplogrupo	Sitios Polimorficos HVI	Sitios Polimorficos HV2-HV3	Rango	Lugar de Muestreo	Lugar de nacimiento abuela materna/madre
AN001	B2	16182C, 16183C, 16189, 16217, 16519	73, 197, 207, 263, 292, 315+C, 499	16024-660	Antofagasta	Oficina María Elena
AN002	C1b13	16223, 16298, 16325, 16327, 16519	73, 249d, 258, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Punta Lavapié, Arauco
AN003	D4h3a	16223, 16241, 16301, 16342, 16362	73, 146, 152, 263, 315+C, 489	16024-660	Antofagasta	Biobío
AN004	A2	16111, 16223, 16290, 16319, 16362	64, 73, 146, 153, 235, 263, 309+C, 315+C,	16024-660	Antofagasta	Tal Tal
AN005	B2i2	16183C, 16189, 16189, 16217, 16519	73, 207, 263, 309+CC, 315+C, 470, 499	16024-660	Antofagasta	Vallenar
AN006	C1d1	16051, 16223, 16274, 16298, 16311, 16325, 16327, 16533	73, 146, 194, 249d, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Oficina Pedro de Valdivia
AN007	B2i2	16183C, 16189, 16207, 16217, 16291, 16519	73, 263, 309+C, 315+C, 470, 499	16024-660	Antofagasta	Chuquicamata
AN008	B2aj	16183C, 16188, 16189, 16217, 16519	63, 64, 73, 263, 315+C, 499	16024-660	Antofagasta	NS/NR
AN009	C1	16223, 16298, 16325, 16327, 16519	10, 36, 73, 146, 195, 249d, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489	16024-660	Antofagasta	Pueblo Hundido, Inca del Oro, Atacama
AN010	B2i2	16183C, 16189, 16217, 16519	73, 207, 263, 309+C, 315+C, 470, 499	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN011	C1b	16156, 16223, 16298, 16325, 16327	73, 146, 207, 249d, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Iquique
AN012	C1b13	16092, 16223, 16298, 16325, 16327	73, 249d, 258, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Antofagasta	San Javier, Talca
AN013	A2	16111, 16223, 16290, 16319, 16362	64, 73, 146, 153, 235, 263, 309+C, 315+C, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Maitén (Ovalle)
AN014	A2	16111, 16290, 16319, 16325, 16362, 16512, 16547, 16551+G	73, 146, 153, 263, 309+CC, 315+C, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Vallenar
AN015	D1j	16223, 16242, 16311, 16325, 16362	73, 152, 263, 309+C, 315+C, 489, 524+AC	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN016	B2i2	16183C, 16189, 16217, 16291, 16519	73, 143, 263, 309+C, 315+C, 470, 499	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN017	D1g	16187, 16223, 16319, 16325, 16362	73, 263, 489	16024-660	Antofagasta	Tal Tal

ID	Haplogrupo	Sitios Polimorficos HVI	Sitios Polimorficos HV2-HV3	Rango	Lugar de Muestreo	Lugar de nacimiento abuela materna/madre
AN018	D1g	16092, 16187, 16189, 16223, 16362, 16519	73, 143, 263, 315+C, 489	16024-660	Antofagasta	Calama
AN019	D4h3a	16223, 16241, 16265C, 16301, 16342, 16362	73, 152, 203, 204, 263, 309+C, 315+C, 489, 524+AC	16024-660	Antofagasta	Vallenar
AN020	D1g	16187, 16189, 16209, 16223, 16325, 16362	55, 56, 73, 152, 263, 315+C, 489, 499	16024-660	Antofagasta	Pedro de Valdivia
AN021	B2	16183C, 16189, 16217, 16519	73, 143, 146, 165, 263, 309+C, 315+C, 499	16024-660	Antofagasta	NS/NR (Madre Mejillones)
AN022	B2i2	16183C, 16189, 16217, 16519	73, 204, 207, 263, 309+C, 315+C, 470, 499	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN023	D1g	16187, 16223, 16325, 16362	73, 263, 309+C, 315+C, 489	16024-660	Antofagasta	Traiguén, Temuco
AN024	D1j	16223, 16242, 16311, 16325, 16362	73, 152, 263, 309+C, 315+C, 489	16024-660	Antofagasta	Chuquicamata
AN025	A2	16111, 16172, 16223, 16290, 16319, 16362	64, 73, 146, 150, 153, 235, 263, 309+CC, 315+C, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN026	D1g	16187, 16223, 16304, 16325, 16362	73, 263, 309+C, 315+C, 489	16024-660	Antofagasta	Tocopilla
AN027	D1g	16187, 16223, 16325, 16362, 16519	73, 263, 309+C, 315+C, 489,	16024-660	Antofagasta	Pampa Unión
AN028	C1b	16136, 16223, 16256, 16298, 16325, 16327, 16519	73, 146, 153, 249d, 263, 290-291d, 315+C, 489, 493, 523-524d, 549	16024-660	Antofagasta	Pachica, Iquique
AN029	C1b	16092, 16183C, 16189, 16223, 16298, 16311, 16325, 16327, 16519	73, 249d, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN030	B2i2	16183C, 16189, 16217, 16294, 16519	73, 207, 263, 309+C, 315+C, 470, 499	16024-660	Antofagasta	Ovalle
AN031	D1g	16126, 16187, 16223, 16245, 16325, 16362, 16390	73, 146, 152, 263, 315+C, 489	16024-660	Antofagasta	Adoptado
AN032	C1b	16147, 16223, 16298, 16325, 16327	73, 152, 249d, 263, 290-291d, 309+CC, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Ovalle
AN033	C1b13	16223, 16298, 16311, 16325, 16327	73 249d 258 263 290-291d 489 493 522-523d	16024-660	Antofagasta	Tocopilla
AN034	L1c	16086, 16129, 16148, 16187, 16189, 16223, 16278, 16294, 16311, 16360, 16519	73, 150, 152, 182, 186A, 189C, 195, 198, 247, 263, 297, 315+C, 316, 529	16024-660	Antofagasta	NS/NR (madre Copiapó)
AN035	B2i2	16183C, 16189, 16217, 16519	73, 207, 263, 315+C, 470, 499, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Iquique

ID	Haplogrupo	Sitios Polimorficos HVI	Sitios Polimorficos HV2-HV3	Rango	Lugar de Muestreo	Lugar de nacimiento abuela materna/madre
AN036	D4h3a	16223, 16241, 16265C, 16301, 16342, 16362	73, 152, 203, 204, 263, 309+C, 315+C, 489, 524+AC	16024-660	Antofagasta	NS/NR (madre Antofagasta)
AN037	HV0	16172, 16298	72, 263, 315+C	16024-660	Antofagasta	Calama
AN038	B2	16183C, 16189, 16217, 16519	73, 152, 263, 315+C, 499	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN039	B2	16183C, 16189, 16217, 16242G, 16362, 16519	73, 110, 152, 186, 263, 309+C, 315+C, 499	16024-660	Antofagasta	NS/NR (madre Antofagasta)
AN040	B2i2	16183C, 16189, 16207, 16217, 16291, 16519	73, 146, 263, 309+CC, ¿?, 470, 499	16024-660	Antofagasta	Chuquicamata
AN041	C1b13	16147, 16223, 16298, 16325, 16327	73, 249d, 258, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN042	C1b13	16223, 16298, 16325, 16327	73, 249d, 258, 263, 290-291d, 309+CC, 315+C, 489, 493	16024-660	Antofagasta	Chuquicamata
AN043	C1b13	16223, 16298, 16325, 16327	73, 249d, 258, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Antofagasta	NS/NR (madre Concepción)
AN044	L2a	16093, 16136, 16183+C, 16189, 16223, 16278, 16294, 16309, 16390	73, 146, 152, 195, 198, 263, 315+C, 523-524d	16024-660	Antofagasta	NS/NR (madre Antofagasta)
AN045	C1b13	16223, 16298, 16325, 16327	73, 249d, 258, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489, 493	16024-660	Antofagasta	Illapel
AN046	A2	16111, 16189, 16278, 16290, 16319, 16362,	64, 73, 146, 153, 199, 235, 263, 309+C, 315+C, 499, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Copiapó
AN047	A2	16094, 16111, 16223, 16290, 16309, 16319, 16325, 16362, 16512, 16547, 16551+G	73, 146, 153, 263, 309+C, 315+C, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN048	C1b13	16111, 16223, 16298, 16325, 16327	73, 146, 249d, 258, 263, 290-291d, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Iquique
AN049	B2i2	16167, 16183C, 16189, 16217, 16311, 16390, 16519	73, 207, 263, 309+C, 315+C, 470, 499	16024-660	Antofagasta	Quintero
AN050	B2i2	16167, 16183C, 16189, 16217, 16311, 16390, 16519	73, 207, 263, 309+C, 315+C, 470, 499,	16024-660	Antofagasta	Quintero
AN051	B2	16136, 16182C, 16183C, 16189, 16217, 16519	73, 146, 263, 309+CC ¿?, 499	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN052	C1b13	16223, 16298, 16325, 16327	73, 249d, 258, 263, 290-291d, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN053	B2i2	16183C, 16189, 16217, 16519	73, 207, 263, 309+CC ¿?, 470, 499	16024-660	Antofagasta	Valle del Elqui

ID	Haplogrupo	Sitios Polimorficos HVI	Sitios Polimorficos HV2-HV3	Rango	Lugar de Muestreo	Lugar de nacimiento abuela materna/madre
AN054	B2i2	16183C, 16189, 16217, 16519	73, 207, 263, 309+CC, 315+C, 470, 499	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN055	B2	16183C, 16189, 16217, 16519	73, 143, 146, 165, 263, 309+CC, 315+C, 499	16024-660	Antofagasta	NS/NR (madre Antofagasta)
AN056				16024-660	Antofagasta	NS/NR (madre Antofagasta)
AN057	A2	16223, 16290, 16294, 16319, 16362, 16519	64, 73, 146, 153, 235, 263, 309+C, 315+C, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN058	D1g	16187, 16223, 16325, 16362, 16519	73, 263, 309+C, 315+C, 489	16024-660	Antofagasta	NS/NR (madre Chuquicamata)
AN059	A2	16111, 16184, 16223, 16290, 16319, 16362, 16512, 16547, 16551+G	73, 146, 153, 263, 309+C, 315+C, 523-524d	16024-660	Antofagasta	NS/NR (madre Chuquicamata)
AN060	B2i2	16183C, 16189, 16217, 16294, 16519	73, 207, 263, 309+C, ¿?, 470, 499,	16024-660	Antofagasta	Ovalle
AN061	C1	16189, 16223, 16298, 16325, 16327, 16519	73, 195, 249d, 263, 290-291d, 315+C, 489,	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN062	C1b-16192	16093, 16192, 16223, 16298, 16302, 16325, 16327, 16519	73, 201, 249d, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Antofagasta	NS/NR (madre Oficina Salitrera)
AN063	C1b13	16223, 16298, 16325, 16327	73, 249d, 258, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Copiapó
AN064	C1b13	16223, 16298, 16325, 16327	73, 249d, 258, 263, 290-291d, 309+CC, 315+C, 489, 493	16024-660	Antofagasta	Huentelauquén
AN065	B2i2	16183C, 16189, 16217, 16519	73, 207, 263, 309+CC, 315+C, 470, 499	16024-660	Antofagasta	Sur (madre Santiago)
AN066	D1g	16187, 16223, 16325, 16362, 16390	73, 146, 152, 263, 309+C, 315+C, 489	16024-660	Antofagasta	Tocopilla
AN067	L3e1d	16176, 16223, 16327	73, 150, 152, 189, 200, 263, 315+C	16024-660	Antofagasta	Tocopilla
AN068	D4h3a	16223, 16241, 16301, 16342, 16362, 16519	73, 152, 263, 315+C, 489	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN069	B2i2	16183C, 16189, 16217, 16519	73, 207, 263, 309+CC, 315+C, 470, 499	16024-660	Antofagasta	Ercilla, Temuco
AN070	C1	16223, 16298, 16311, 16325, 16327, 16368, 16390	73, 151, 152, 249d, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN071	L3e3	16223, 16265T, 16519, 16527	73, 150, 195, 263, 315+C, 523-524d	16024-660	Antofagasta	NS/NR (madre Chuquicamata)

ID	Haplogrupo	Sitios Polimorficos HVI	Sitios Polimorficos HV2-HV3	Rango	Lugar de Muestreo	Lugar de nacimiento abuela materna/madre
AN072	T2	16126, 16183C, 16189, 16292, 16294, 16296, 16304, 16519	73, 263, 309+CC, 315+C	16024-660	Antofagasta	NS/NR (madre Santiago)
AN073	L3e1	16223, 16255, 16327	73, 150, 189, 200, 263, 309+C, 315+C, 385	16024-660	Antofagasta	Calama
AN074	C1b	16223, 16298, 16325, 16327	73, 249d, 263, 290-291d, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Santiago
AN075	D1j	16223, 16242, 16311, 16325, 16362	73, 152, 263, 309+C, 315+C, 489, 529	16024-660	Antofagasta	Chuquicamata
AN076	C1b13	16223, 16298, 16325, 16327	73, 249d, 258, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Ovalle
AN077	B2i2	16183C, 16189, 16217, 16294, 16519	73, 207, 263, 309+C, 315+C, 470, 499	16024-660	Antofagasta	Calama
AN078	C1b13	16223, 16298, 16325, 16327	73, 249d, 258, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Concepción
AN079	A2	16111, 16223, 16290, 16319, 16362	64, 73, 146, 153, 183, 235, 263, 309+C, 315+C, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Iquique
AN080	B2i2	16154, 16182C, 16183C, 16189, 16217, 16519	73, 152, 207, 263, 309+CC, 315+C, 470, 499, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN081	D1g	16178, 16187, 16223, 16325, 16362	73, 150, 199, 263, 315+C, 374, 489	16024-660	Antofagasta	Illapel
AN082	C1b13	16223, 16298, 16325, 16327	73, 249d, 258, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Antofagasta	La Serena
AN083	T2c1d	16126, 16292, 16294, 16399, 16519	73, 146, 152, 252, 263, 279, 309+C, 315+C	16024-660	Antofagasta	Olmué
AN084	B2	16183C, 16189, 16217, 16519	73, 143, 146, 165, 263, 309+CC, 315+C, 499	16024-660	Antofagasta	Oficina Victoria (Iquique)
AN085	A2	16111, 16129, 16223, 16290, 16311, 16319, 16362	64, 73, 146, 235, 263, 315+C, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN086	D1	16093, 16189, 16223, 16311, 16325, 16362	73, 263, 315+C, 489	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN087	C1	16093, 16223, 16298, 16325, 16327	73, 185, 249d, 263, 290-291d, 315+C, 489	16024-660	Antofagasta	Santiago
AN088	B2i2	16183C, 16189, 16217, 16294, 16519	73, 207, 263, 309+C, 315+C, 470, 499	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN089	B2	16182C, 16183C, 16189, 16217, 16519	73, 152, 263, 315+C, 498d, 499	16024-660	Antofagasta	Osorno
AN090	A2	16223, 16234G, 16256, 16290, 16319, 16362, 16519	73, 146, 153, 235, 263, 315+C, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Copiapó

ID	Haplogrupo	Sitios Polimorficos HVI	Sitios Polimorficos HV2-HV3	Rango	Lugar de Muestreo	Lugar de nacimiento abuela materna/madre
AN091	B2i2	16183C, 16189, 16217, 16519	73, 207, 263, 309+C, 315+C, 470, 499	16024-660	Antofagasta	Paihuano, Coquimbo
AN092	D1g	16092, 16187, 16189, 16223, 16362	73, 143, 263, 315+C, 489	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN093	C1b	16177, 16223, 16298, 16325, 16327	73, 146, 249d, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN094	C1d1	16051, 16223, 16274, 16298, 16311, 16325, 16327, 16533	73, 146, 194, 249d, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Oficina María Elena
AN095	D1j	16223, 16242, 16311, 16325, 16362	73, 152, 263, 309+C, 315+C, 455+T, 489, 524+AC	16024-660	Antofagasta	Calama
AN096	B2	16086, 16182C, 16183C, 16189, 16217, 16356, 16362, 16519	56+C, 58, 73, 153, 263, 309d, 315+C, 499, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN097	C1b13	16223, 16298, 16325, 16327	73, 249d, 258, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Iquique
AN098	A2	16111, 16223, 16269, 16290, 16319, 16362	64, 73, 146, 235, 263, 309+C, 315+C, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN100	C1b13	16223, 16298, 16311, 16325, 16327	73, 249d, 258, 263, 290-291d, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Temuco
AN101	B2i2	16183C, 16189, 16217, 16519	73, 207, 263, 309+C, 315+C, 470, 499	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN102	D1	16189, 16223, 16256, 16325, 16335, 16362	73, 143, 182, 257, 263, 309+CC, 315+C, 489	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN103	D1j	16223, 16242, 16311, 16325, 16362	73, 152, 263, 309+C, 315+C, 489, 524+AC	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN104	B2	16182C, 16183C, 16189, 16217, 16519	73, 143, 146, 165, 263, 315+C, 499	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN105	D1g	16093, 16178, 16187, 16223, 16325, 16362	73, 199, 263, 315+C, 374, 489	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN106	L3d2b	16111, 16124, 16223, 16519	73, 152, 199, 263, 309+C, 315+C, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN107	B2	16183C, 16189, 16217, 16359, 16519	73, 103, 146, 151, 263, 309+C, 315+C, 499	16024-660	Antofagasta	Arica
AN108	B2	16182C, 16183C, 16189, 16217, 16356, 16362, 16519	56+G, 60+T, 65d, 71d, 73, 263, 309d, 315+C, 499, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Vergara (Biobío)

ID	Haplogrupo	Sitios Polimorficos HVI	Sitios Polimorficos HV2-HV3	Rango	Lugar de Muestreo	Lugar de nacimiento abuela materna/madre
AN109	B2	16183C, 16189, 16217, 16519	73, 263, 309+C, 315+C, 499	16024-660	Antofagasta	Santiago
AN110	D4h3a	16223, 16241, 16298, 16301, 16342, 16362, 16519	73, 146, 152, 208A, 263, 309+C, 315+C, 489, 573+XC	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN111	C1b13	16092, 16223, 16298, 16325, 16327	73, 249d, 258, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Iquique
AN112	C1	16223, 16298, 16325, 16327	73, 146, 249d, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN113	B2	16182C, 16183C, 16189, 16217, 16316, 16512, 16519, 16542G	57G, 73, 151, 152, 260, 263, 309+CCC ¿? 499, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Tocopilla
AN114	C1b	16185, 16223, 16240, 16298, 16325, 16327	73, 203, 249d, 263, 290-291d, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Tocopilla
AN115	B2	16183C, 16189, 16217, 16290, 16519	73, 204, 263, 309+CC, 315+C, 499	16024-660	Antofagasta	NS/NR (madre Antofagasta)
AN116	HV0	16298	72, 263, 309+CC, 315+C	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN117	A2	16111, 16223, 16290, 16319, 16362, 16465	64, 73, 146, 153, 235, 263, 309+C, 315+C	16024-660	Antofagasta	Vallenar
AN118	L2d	16093, 16129, 16189, 16123+T?, 16278, 16300, 16320, 16354, 16390, 16399, 16519	73, 146, 150, 195, 198, 263, 315+C, 456	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN119	B2	16183C, 16189, 16217, 16519	73, 143, 146, 165, 263, 315+C, 499	16024-660	Antofagasta	Huasco
AN120	A2	16111, 16223, 16290, 16319, 16357, 16362, 16519	64, 73, 146, 153, 235, 263, 315+C, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN121	C1d1	16051, 16223, 16249, 16298, 16325, 16327	73, 194, 199, 249d, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Coquimbo
AN122	C1b13	16223, 16298, 16325, 16327	73, 249d, 258, 263, 290-291d, 315+C, 489, 493, 523-524d, 549	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN123	A2	16111, 16189, 16209, 16223, 16290, 16319, 16362, 16519	64, 73, 146, 235, 263, 309+CC, 315+C, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Humberstone
AN124	D1g	16187, 16189, 16209, 16223, 16325, 16362	55, 56, 73, 152, 263, 309+C, 315+C, 489, 499	16024-660	Antofagasta	Iquique
AN125	A2	16223, 16290, 16294, 16319, 16362, 16519	64, 73, 146, 153, 235, 263, 309+C, 315+C, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN126	A2	16111, 16172, 16185, 16223, 16290, 16319, 16362	64, 73, 146, 150, 153, 235, 263, 309+C, 315+C, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Antofagasta

ID	Haplogrupo	Sitios Polimorficos HVI	Sitios Polimorficos HV2-HV3	Rango	Lugar de Muestreo	Lugar de nacimiento abuela materna/madre
AN127	D1g	16187, 16223, 16304, 16311, 16325, 16362	73, 143, 263, 315+C, 489	16024-660	Antofagasta	Argentina
AN128	B2i2	16183C, 16189, 16207, 16217, 16291, 16519	73, 263, 309+CC, 315+C, 470, 499, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN129	C1b	16171, 16223, 16298, 16325, 16327	73, 249d, 263, 290-291d, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Antofagasta	NS/NR (madre Curicó)
AN130	D1	16093, 16189, 16218, 16223, 16311, 16325, 16362	73, 263, 309+C, 315+C, 489	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN131	B2	16092, 16126, 16182C, 16183C, 16189, 16214, 16217, 16258, 16355A, 16519	73, 152, 309+C, 315+C, 499	16024-660	Antofagasta	NS/NR (madre Antofagasta)
AN132	B2i2	16183C, 16189, 16207, 16217, 16291, 16519	73, 146, 263, 309+C, 315+C, 470, 499	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN133	C1b13	16223, 16298, 16325, 16327	73, 249d, 258, 263, 290-291d, 315+C, 489, 493, 523-524d, 549	16024-660	Antofagasta	NS/NR (madre Calama)
AN134	C1d1	16051, 16223, 16249, 16298, 16325, 16327	73, 194, 199, 249d, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489, 523-524d	16024-660	Antofagasta	NS/NR (madre Antofagasta)
AN135	C1d1	16051, 16223, 16249, 16298, 16325, 16327	73, 194, 199, 249d, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489, 523-524d	16024-660	Antofagasta	NS/NR (madre Pedro de Valdivia)
AN136	B2	16142, 16183C, 16189, 16217, 16222, 16293, 16319, 16519	73, 195, 247, 263, ¿?, 499	16024-660	Antofagasta	Pedro de Valdivia
AN137	B2	16086, 16182C, 16183C, 16189, 16217, 16356, 16362, 16519	56+C, 58, 73, 153, 315+C, 459+C, 499, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Coquimbo
AN138	D1j	16223, 16242, 16311, 16325, 16362	73, 152, 263, 309+C, 315+C, 489	16024-660	Antofagasta	Salitrera Catalina
AN139	C1b13	16223, 16298, 16325, 16327, 16335	73, 249d, 258, 263, 290-291d, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Curicó
AN140	D1g	16187, 16223, 16325, 16362, 16519	73, 263, 309+CC, 315+C, 489, 524+AC, 573+XC	16024-660	Antofagasta	Sur
AN141	D1g	16093, 16187, 16223, 16249, 16325, 16362, 16519	70, 73, 199, 263, 315+C, 489	16024-660	Antofagasta	Iquique
AN142	B2	16163, 16183C, 16189, 16217, 16309, 16519	73, 143, 263, 309+CC, 315+C, 499	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN143	C1b13	16223, 16298, 16325, 16327	73, 249d, 258, 263, 290-291d, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Santiago

ID	Haplogrupo	Sitios Polimorficos HVI	Sitios Polimorficos HV2-HV3	Rango	Lugar de Muestreo	Lugar de nacimiento abuela materna/madre
AN144	C1	16189, 16223, 16298, 16325, 16327, 16519	73, 195, 249d, 263, 290-291d, 315+C, 489	16024-660	Antofagasta	NS/NR (madre Iquique)
AN145	B2i2	16183C, 16189, 16217, 16519	73, 207, 263, 309+CC, 315+C, ¿?, 470, 499	16024-660	Antofagasta	NS/NR (madre Tal Tal)
AN146	B2	16182C, 16183C, 16189, 16217, 16519	58, 73, 263, ¿? ¿?, 499, 513-514d, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Bolivia
AN148	B2i2	16183C, 16189, 16217, 16294, 16519	73, 152, 207, 263, 309+C, 315+C, 470, 499	16024-660	Antofagasta	NS/NR (madre Arica)
AN149	B2	16182C, 16183C, 16189, 16217, 16519	73, 93, 263, 315+C, 499	16024-660	Antofagasta	Baquedano
AN150	A2	16111, 16218, 16223, 16290, 16319, 16362	64, 73, 146, 153, 235, 263, 309+C, 315+C, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Iquique
AN151	B2i2	16183C, 16189, 16217, 16223+C?, 16294, 16519	73, 207, 263, 309+C, 315+C, 470, 499	16024-660	Antofagasta	Coquimbo
AN152	B2	16172, 16183C, 16189, 16217, 16311, 16519	73, 263, 309+C, 315+C, 499,	16024-660	Antofagasta	NS/NR (madre Antofagasta)
AN153	C1b13	16223, 16298, 16325, 16327	73, 249d, 258, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Antofagasta	La Serena
AN154	B2	16183C, 16189, , 16217, 16519	55+T, 57, 59, 143, 263, 315+C, 499	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN155	D1g	16187, 16223, 16290, 16325, 16362	73, 204, 245, 263, 315+C, 489		Antofagasta	Antofagasta
AN156	C1b13	16223, 16298, 16325, 16327	73, 249d, 258, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Talca
AN157	B2i2	16183C, 16189, 16217, 16519	73, 207, 263, 309+CC, 315+C, 470, 499	16024-660	Antofagasta	Copiapó
AN158	D1g	16092, 16187, 16189, 16223, 16362	73, 143, 263, 315+C, 489	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN159	C1b-16192	16093, 16192, 16223, 16298, 16302, 16325, 16327, 16519	73, 201, 249d, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Tocopilla
AN160	B2	16183C, 16189, 16217, 16519	73, 143, 146, 165, 263, 309+CC, 315+C, 499	16024-660	Antofagasta	Ovalle

ID	Haplogrupo	Sitios Polimorficos HVI	Sitios Polimorficos HV2-HV3	Rango	Lugar de Muestreo	Lugar de nacimiento abuela materna/madre
AN161	B2i2	16183C, 16189, 16217, 16294, 16519	73, 207, 263, 309+C, 315+C, 470, 499	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN162	B2	16182C, 16183C, 16189, 16217, 16519	73, 143, 146, 165, 263, 315+C, 499	16024-660	Antofagasta	Vallenar
AN163	B2i2	16148, 16183C, 16189, 16217, 16311, 16519	73, 263, 309+CC, 315+C 470, 499	16024-660	Antofagasta	Concepción
AN164	D1g	16187, 16223, 16325, 16362	73, 263, 315+C, 489	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN165	B2	16182C, 16183C, 16189, 16217, 16240, 16304, 16438C, 16505, 16519	73, 263, 309+C, 315+C, 499	16024-660	Antofagasta	Iquique
AN166	B2	16183C, 16189, 16217, 16256, 16288, 16519	73, 185, 263, 309+C, 315+C, 499	16024-660	Antofagasta	Salitrera Chacabuco
AN167	D1g	16187, 16189, 16209, 16223, 16325, 16362	55, 56, 64, 73, 263, 315+C, 489	16024-660	Antofagasta	NS/NR (madre Chuquicamata)
AN168	B2i2	16183C, 16189, 16207, 16217, 16291, 16325, 16519	73, 263, 309+C, 315+C, 470, 499	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN169	D1j	16223, 16242, 16311, 16325, 16362, 16519	73, 152, 263, 309+C, 315+C, 489	16024-660	Antofagasta	NS/NR (madre Antofagasta)
AN170	L2d	16093, 16129, 16189, 16278, 16354, 16390, 16399, 16519	73, 146, 150, 195, 198, 263, 315+C, 456	16024-660	Antofagasta	NS/NR (madre Calama)
AN171	U5a1	16192, 16256, 16266, 16270, 16291, 16399	73, 263, 309+C, 315+C	16024-660	Antofagasta	NS/NR (madre Mejillones)
AN172A	B2-455+T	16183C, 16189, 16217, 16519	73, 146, 215, 263, 309+CC, 315+C, 455+T, 499, 573+C	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN172B	B2	16111, 16183C, 16189, 16217, 16519	73, 143, 263, 315+C, 499	16024-660	Antofagasta	NS/NR
AN174	C1b	16156, 16223, 16298, 16325, 16327	73, 146, 207, 249d, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Antofagasta	NS/NR
AN175	C1b	16156, 16223, 16298, 16325, 16327	73, 146, 207, 249d, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Antofagasta	La Serena
AN178	B2	16183C, 16189, 16217, 16519	73, 204, 207, 263, 309+CC, 315+C, 499	16024-660	Antofagasta	Bolivia

ID	Haplogrupo	Sitios Polimorficos HVI	Sitios Polimorficos HV2-HV3	Rango	Lugar de Muestreo	Lugar de nacimiento abuela materna/madre
AN179	B2i2	16183C, 16189, 16217, 16519	73, 207, 263, 309+CC, 315+C, 470, 499	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN180	A2	16111, 16183C, 16189, 16223, 16290, 16319, 16356, 16362, 16399, 16519	64, 73, 146, 153, 235, 263, 309+C, 315+C, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN181	D1	16126, 16223, 16325, 16362	10, 55, 56, 64, 73, 263, 279, 309+C, 315+C, 489	16024-660	Antofagasta	Gatico
AN182	B2	16183C, 16189, 16217, 16519	73, 152, 263, 315+C, 498d, 499,	16024-660	Antofagasta	Ovalle
AN183	B2aj	16183C, 16188, 16189, 16217, 16519	263, 309+CC, 315+C, 499	16024-660	Antofagasta	Chuquicamata
AN184	C1	16051, 16086, 16170, 16223, 16298, 16325, 16327	55+T, 57, 59, 73, 193+T, 194A, 249d, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Argentina
AN185	B2i2	16183C, 16189, ¿? 16217, 16519	73, 207, 263, 309+C, 315+C, 470, 499	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN186	D1j	16223, 16242, 16311, 16325, 16362	73, 152, 263, 309+C, 315+C, 489	16024-660	Antofagasta	Vallenar
AN187	B2	16183C, 16189, 16217, 16519	73, 143, 146, 165, 263, 315+C, 499, 527G?	16024-660	Antofagasta	NS/NR (madre Calama?)
AN188	B2	16182C, 16183C, 16189, 16203, 16217, 16359, 16519	73, 103, 127, 146, 151, 263, 309+CC, 315+C, 499	16024-660	Antofagasta	SPA
AN189	D1	16126, 16223, 16325, 16362	10, 55, 56, 64, 73, 263, 279, 309+C, 315+C, 489	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN190	B2i2	16124, 16183C, 16189, 16217, 16311, 16519	73, 263, 309+C, 315+C, 470, 499	16024-660	Antofagasta	Combarbalá, Coquimbo
AN191	B2i2	16111G, 16183C, 16189, 16217, 16519	73, 207, 263, ¿?, 470, 499	16024-660	Antofagasta	Arica
AN192	C1b-16192	16192, 16209, 16223, 16274, 16298, 16311, 16325, 16327	73, 201, 249d, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Antofagasta	mejillones
AN193	D4h3a	16223, 16241, 16301, 16342, 16362	73, 152, 191, 203, 204, 263, 309+C, 315+C, 489, 524+ACAC	16024-660	Antofagasta	Pedro de Valdivia
AN194	D1j	16223, 16242, 16311, 16325, 16362, 16519	73, 152, 263, 309+C, 315+C, 489	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN195	C1b-16192	16093, 16192, 16223, 16298, 16302, 16325, 16327, 16519	73, 201, 249d, 263, 290-291d, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Perú
AN196	D1g	16187, 16189, 16223, 16325, 16362	73, 263, 315+C, 489		Antofagasta	Coquimbo
AN197	D1g	16187, 16223, 16325, 16362, 16390	73, 146, 152, 263, 309+C, 315+C, 489	16024-660	Antofagasta	Antofagasta

ID	Haplogrupo	Sitios Polimorficos HVI	Sitios Polimorficos HV2-HV3	Rango	Lugar de Muestreo	Lugar de nacimiento abuela materna/madre
AN198	C1d1	16051, 16223, 16293, 16298, 16325, 16327	73, 194, 195, 249d, 263, 290-291d, 315+C, 489, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Iquique
AN199	D1g	16187, 16223, 16325, 16362	73, 263, 315+C, 489	16024-660	Antofagasta	La Cruz (Quillota)
AN200	C1b13	16223, 16298, 16325, 16327, 16482	73, 249d, 258, 263, 290-291d, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Vallenar
AN201	B2	16183C, 16189, 16217, 16257, 16289, 16519	73, 143, 263, 309+CC, 315+C	16024-660	Antofagasta	Vallenar
AN202	B2	16142, 16183C, 16189, 16217, 16222, 16293, 16319, 16519	73, 195, 247, 263, 310, ¿?, 499	16024-660	Antofagasta	Sin Información
AN203	B2	16183C, 16189, 16217, 16257, 16289, 16519	73, 143, 263, 309+C, 315+C, 363C?, 499	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN204	B2i2	16182C, 16183C, 16189, ¿?, 16217, 16249, 16519	73, 106-111d, 153, 207, 319+CCC, 315+C, ¿?, 263, 470, 499	16024-660	Antofagasta	Chuquicamata
AN205	A2	16111, 16126, 16183C, 16189, 16217, 16223, 16290, 16319, 16343T, 16362	64, 73, 146, 153, 235, 260, 263, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Bolivia
AN206	C1b	16223, 16298, 16325, 16327, 16465, 16519	73, 146, 195, 249d, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Antofagasta	NS/NR (madre Antofagasta)
AN207	D1g	16187, 16223, 16325, 16362, 16519	73, 263, 309+CC, 315+C, 489, 524+AC, 573+XC	16024-660	Antofagasta	Santiago
AN208	B2i2	16183C, 16189, 16217, 16249, 16519	73, 153, 207, 263, 309+CC, 315+C, 470, 499	16024-660	Antofagasta	Concepción
AN209	B2	16183C, 16189, 16217, 16519	73, 152, 263, 315+C, 498d, 499	16024-660	Antofagasta	Ovalle
AN210	HV0	16172, 16298	72, 263, 315+C	16024-660	Antofagasta	Sin Información
AN211	D1g	16187, 16189, 16209, 16223, 16325, 16362	55, 56, 73, 152, 263, 315+C, 489, 499	16024-660	Antofagasta	Ovalle
AN212	B2	16163, 16183C, 16189, 16217, 16221, 16309, 16519	73, 143, 263, 309+CC, 315+C, 499	16024-660	Antofagasta	La Serena
AN213	B2i2	16183C, 16189, 16217, 16249, 16519	73, 153, 263, 309+C, 315+C, 470, 499, 523-524d	16024-660	Antofagasta	NS/NR (madre Mina el Salvador, Atacama)
AN215	C1b13	16223, 16298, 16325, 16327	73, 249d, 258, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Ovalle
AN216	C1b13	16223, 16298, 16325, 16327	73, 249d, 258, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489, 493	16024-660	Antofagasta	Iquique

ID	Haplogrupo	Sitios Polimorficos HVI	Sitios Polimorficos HV2-HV3	Rango	Lugar de Muestreo	Lugar de nacimiento abuela materna/madre
AN217	B2i2	16183, 16189, 16207, 16217, 16291, 16519	73, 263, 309+C, 315+C, 470, 499		Antofagasta	NS/NR
AN218	C1b13	16223, 16298, 16325, 16327	73, 249d, 258, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489, 493	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN219	B2i2	16041+A, 16183C, 16189, 16217, 16249, 16318, 16519	73, 153, 207, 263, 309+CC, 315+C, 470, 499	16024-660	Antofagasta	Biobío
AN221	H	16519	93, 146, 151, 263, 315+C	16024-660	Antofagasta	Valdivia
AN222	C1	16223, 16298, 16325, 16327	73, 93, 249d, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489,	16024-660	Antofagasta	IV Región
AN223	D1g	16092, 16187, 16189, 16223, 16362	73, 143, 204, 263, 315+C, 489	16024-660	Antofagasta	Tocopilla
AN224	B2i2	16183C, 16189, 16207, 16217, 16291, 16519	73, 263, 309+C, 315+C, 470, 499,	16024-660	Antofagasta	Oficina Anita
AN225	D4h3a	16223, 16241, 16301, 16342, 16362	73, 152, 263, 315+C, 489, 523-524d,	16024-660	Antofagasta	NS/NR (madre Antofagasta)
AN226	D1g	16187, 16223, 16292, 16325, 16362G	73, 263, 309+C, 315+C, 489	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN227	C1b13	16223, 16298, 16325, 16519	73, 195, 249d, 258, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489, 493, 523-524d, 549	16024-660	Antofagasta	NS/NR (madre Chañaral)
AN228	C1b13	16223, 16298, 16325, 16327, 16335	73, 249d, 258, 263, 290-291d, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN229	B2ai	16168, 16182C, 16183C, 16189, 16209, 16217, 16301A, 16390, 16519	73, 263, 315+C, 499	16024-660	Antofagasta	María Elena
AN230	B2-455+T	16183C, 16189, 16217, 16519	73, 146, 215, 263, 309+CC, 315+C, 345?, 455+T, 499	16024-660	Antofagasta	Calama
AN231	C1b	16093, 16223, 16271, 16298, 16325, 16327	73, 249d, 263, 290-291d, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Calama
AN232	HV0	16172, 16298	72, 263, 315+C	16024-660	Antofagasta	Tocopilla
AN233	B2	16183C, 16189, 16217, 16218, 16233, 16356, 16519	73, 195, 198, 263, 309+CC, 315+C, 499	16024-660	Antofagasta	San Pedro
AN234	B2i2	16124, 16183C, 16189, 16217, 16311, 16519	73, 207, 263, 309+CC, 315+C, 470, 499	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN235	C1	16189, 16223, 16298, 16325, 16327, 16519	73, 195, 249d, 263, 290-291d, 315+C, 489	16024-660	Antofagasta	Andacollo, Coquimbo

ID	Haplogrupo	Sitios Polimorficos HVI	Sitios Polimorficos HV2-HV3	Rango	Lugar de Muestreo	Lugar de nacimiento abuela materna/madre
AN236	D1g	16176, 16187, 16189, 16223, 16362	73, 143, 263, 315+C, 489	16024-660	Antofagasta	Valdivia
AN237	D1j	16223, 16242, 16311, 16325, 16362	73, 152, 263, 309+C, 315+C, 489, 573+XC	16024-660	Antofagasta	Paposo
AN238	B2-455+T	16183C, 16189, 16217, 16519	73, 146, 215, 263, 309+CC, 315+C, 455+T, 499, 573+C	16024-660	Antofagasta	Taltal
AN239	L3	16051, 16223, 16264, 16519	73, 150, 195, 263, 309+CC, 315+C, 493, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Salitrera Victoria
AN240	B2	16183C, 16189, 16217, 16390, 16519	73, 207, 257, 263, 309+CC, 315+C, 499, 606		Antofagasta	Chuquicamata
AN241	C1b13	16223, 16298, 16325, 16327, 16335	73, 249d, 258, 263, 290-291d, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Antofagasta	NS/NR (madre Copiapó)
AN242	L0a	16129, 16148, 16168, 16172, 16187, 16188G, 16189, 16223, 16230, 16311, 16320	93, 185, 189, 236, 247, 263, 315+C, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Arica
AN245	C1	16223, 16298, 16311, 16325, 16327, 16368, 16390	73, 151, 152, 249d, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN246	B2aj	16183C, 16188, 16189, 16217, 16519	263, 309+CC, 315+C, 499	16024-660	Antofagasta	San Pedro
AN247	C1b13	16051, 16223, 16298, 16325, 16327	73, 249d, 258, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN248	B2	16163, 16183C, 16189, 16217, 16309, 16519	73, 143, 263, 309+CC, 315+C, 499	16024-660	Antofagasta	Tocopilla
AN249	C1b13	16223, 16289, 16325, 16327, 16519	73, 249d, 258, 263, 290-291d, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Antofagasta	María Elena
AN250	B2	16183C, 16189, 16217, 16344, 16519	73, 143, 146, 165, 163, 315+C, 499	16024-660	Antofagasta	IV Región
AN251	D1	16129, 16172, 16223, 16325, 16362	73, 263, 309+CC, 315+C, 489	16024-660	Antofagasta	Santiago
AN252	C1b	16129, 16223, 16298, 16325, 16327	73, 249d, 263, 290-291d, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Antofagasta	San Pedro
AN253	C1b-16192	16093, 16192, 16223, 16298, 16302, 16325, 16327, 16519	73, 201, 249d, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN254	C1b	16183C, 16189, 16223, 16298, 16325, 16327	73, 249d, 263, 290-291d, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Antofagasta	Calama
AN255	C1b13	16223, 16298, 16325, 16327	73, 249d, 258, 263, 290-291d, 315+C, 489, 493, 523-524d, 549	16024-660	Antofagasta	Calama

ID	Haplogrupo	Sitios Polimorficos HVI	Sitios Polimorficos HV2-HV3	Rango	Lugar de Muestreo	Lugar de nacimiento abuela materna/madre
AN256	C1	16223, 16298, 16325, 16327	73, 152, 249d, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489	16024-660	Antofagasta	Tocopilla
AN257	D4h3a	16223, 16241, 16301, 16342, 16362	73, 152, 263, 315+C, 489	16024-660	Antofagasta	Taltal
AN258	B2	16183C, 16189, 16217, 16309, 16519	73, 263, 309+C, 315+C, 499	16024-660	Antofagasta	Iquique
AN259	B2ai	16093, 16168, 16183C, 16189, 16217, 16519	73, 146, 263, 309+C, 315+C, 499	16024-660	Antofagasta	Arica
AN260	B2i2	16183C, 16189, 16217, 16519	73, 207, 263, 309+CC, 315+C, 470, 499	16024-660	Antofagasta	Copiapó
AN261	B2	16093, 16163, 16183C, 16189, 16217, 16221, 16309, 16519	73, 143, 263, 309+CC, 315+C, 499		Antofagasta	Ovalle
AN262	D4h3a	16223, 16241, 16298, 16301, 16342, 16362	73, 152, 208A, 263, 309+C, 315+C, 489, 524+AC, 573+XC	16024-660	Antofagasta	Antofagasta
AN263	D1g	16092, 16187, 16189, 16223, 16362	73, 143, 263, 309+C, 315+C, 489	16024-660	Antofagasta	Humberstone
CA001	B2	16182C, 16183C, 16189, 16217, 16316, 16362, 16519	73, 151, 263, 309+C, 315+C, 523-524d, 499	16024-660	Calama	Rio Grande (madre Caspana)
CA002	B2aj	16183C, 16188, 16189, 16217, 16390, 16519	73, 207, 263, 309+C, 315+C, 499	16024-660	Calama	NS/NR (madre Arica)
CA003	B2	16106, 16142, 16182C, 16183C, 16189, 16217, 16519	73, 263, 309+CC, 315+C, 499	16024-660	Calama	Iquique
CA004	D1g	16187, 16223, 16325, 16362, 16390	73, 146, 152, 263, 309+C, 315+C, 489,	16024-660	Calama	Calama
CA005	C1d1	16051, 16223, 16249, 16298, 16325, 16327	73, 194, 199, 249d, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489, 523-524d	16024-660	Calama	Andacollo
CA006	B2	16183C, 16189, 16217, 16519	73, 143, 146, 165, 263, ? 499	16024-660	Calama	Calama
CA007	B2	16183C, 16189, 16217, 16359, 16519	73, 103, 146, 151, 263, 309+C, 315+C, 499	16024-660	Calama	Bolivia
CA008	B2aj	16183C, 16188, 16189, 16217	263, 309+CC, 315+C, 499	16024-660	Calama	Calama
CA009	D4h3a	16223, 16241, 16301, 16342, 16362	73, 152, 263, 315+C, 489, 523-524d,	16024-660	Calama	Of. Pampa Unión
CA010	D4h3a	16223, 16241, 16298, 16301, 16342, 16362, 16519	73, 146, 152, 208A, 263, 309+C, 315+C, 489, 573+5C	16024-660	Calama	Ovalle
CA011	A2	16111, 16223, 16290, 16319, 16362, 16512, 16551, 16551+G	73, 146, 153, 263, 309+C, 315+C, 523-524d	16024-660	Calama	NS/NR (madre Antofagasta)

ID	Haplogrupo	Sitios Polimorficos HVI	Sitios Polimorficos HV2-HV3	Rango	Lugar de Muestreo	Lugar de nacimiento abuela materna/madre
CA012	B2	16086, 16183C, 16189,	73, 146, 178, 263, 315+C, 499, 523-524+CA	16024-660	Calama	Calama
CA013	C1b	16051, 16223, 16298, 16325, 16327	73, 249d, 263, 290-291d, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Calama	Calama
CA014	H	16129, 16519	263, 305+C, 315+C	16024-660	Calama	Antofagasta
CA015	D1g	16187, 16223, 16292, 16325, 16362	73, 263, 315+C, 489	16024-660	Calama	Calama
CA016	C1b	16223, 16298, 16325, 16327	73, 76A, 79T, 249d, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 356+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Calama	Calama
CA017	A2	16111, 16172, 16223, 16290, 16319, 16362	64, 73, 146, 150, 153, 235, 263, 309+C, 315+C, 523-524d	16024-660	Calama	Calama
CA018	B2	16183C, 16189, 16217, 16390, 16519	73, 207, 263, 315+C, 499, 606	16024-660	Calama	Calama
CA019	B2-455+T	16183C, 16189, 16217, 16519	64, 73, 146, 152, 215, 263, 309+C, 315+C, 455+T, 499		Calama	Agencha (Bolivia)
CA020	B2aj	16183C, 16188, 16189, 16217, 16271, 16362, 16519	63, 64, 66, 263, 499	16024-660	Calama	Calama
CA021	C1b-16192	16192, 16223, 16298, 16325, 16327	73, 189, 201, 249d, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Calama	Bolivia
CA022	D1	16223, 16325, 16362, 16519, 16527	73, 263, 315+C, 489	16024-660	Calama	Huara
CA023	D1g	16187, 16223, 16325, 16362, 16390	73, 146, 152, 263, 309+C, 315+C, 489	16024-660	Calama	Calama
CA024	A2	16111, 16156, 16223, 16263, 16290, 16319, 16362, 16438, 16519	64, 73, 146, 153, 235, 263, 315+C, 523-524d, 573A	16024-660	Calama	NS/NR (madre Chuquicamata)
CA025	D1g	16187, 16223, 16325, 16362	73, 263, 315+C, 489	16024-660	Calama	Oficina salitrera Potrerillo
CA026	D1g	16187, 16223, 16325, 16399	73, 263, 315+C, 489	16024-660	Calama	Punitaqui, Coquimbo
CA027	B2	16163, 16183C, 16189, 16217, 16309, 16519	73, 143, 263, 309+C, 315+C, 499	16024-660	Calama	Antofagasta
CA028	D1	16172, 16223, 16325, 16362	64A, 65, 73, 75, 263, 315+C, 489	16024-660	Calama	Calama
CA029	B2-455+T	16182C, 16183C, 16189, 16217, 16519	73, 146, 263, 215, 315+C, 455+T, 499	16024-660	Calama	Ayquina
CA030	A2	16111, 16223, 16290, 16319, 16362, 16519	64, 73, 146, 153, 235, 263, 315+C, 523-524d	16024-660	Calama	Combarbalá (Coquimbo)

ID	Haplogrupo	Sitios Polimorficos HVI	Sitios Polimorficos HV2-HV3	Rango	Lugar de Muestreo	Lugar de nacimiento abuela materna/madre
CA031	B2	16182C, 16183C, 16189, 16217, 16519	73, 143, 146, 165, 263, 309+CC, 315+C ¿?	16024-660	Calama	La Serena
CA032	B2	16182C, 16183C, 16189, 16217, 16519	73, 143, 146, 165, 263, 309+CC, 315+C, 499	16024-660	Calama	La Serena
CA033	B2	16183C, 16189, 16217, 16519	73, 143, 146, 165, 263, 309+CC, 315+C, 499	16024-660	Calama	Chungungo, Coquimbo
CA034	C1b13	16223, 16298, 16325, 16327	73, 249d, 258, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Calama	Salamanca (Coquimbo)
CA035	B2	16183C, 16189, 16217, 16359, 16519	73, 146, 151, 263, 309+C, 315+C, 499	16024-660	Calama	Pajancha, Bolivia
CA036	C1b-16192	16093, 16192, 16223, 16298, 16302, 16325, 16327, 16519	73, 201, 249d, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Calama	IV Región
CA037	B2i2	16182C, 16183C, 16189, 16217, 16519	73, 151, 152, 207, 263, 309+C, 315+C, 470, 499	16024-660	Calama	Concepción
CA038	C1d1	16051, 16223, 16298, 16300, 16325, 16327	73, 194, 195, 249d, 263, 278d, 290-291d, 315+C, 489, 523-524d	16024-660	Calama	Lasana
CA039	B2i2	16183C, 16189, 16217, 16519	73, 207, 263, 309+C, 315+C, 470, 499	16024-660	Calama	Illapel, Coquimbo
CA040	D1	16223, 16325, 16362	73, ¿?, 489	16024-660	Calama	Calama
CA041	B2ai	16168, 16183C, 16189, 16217, 16519	73, 263, 309+CC, 315+C, 499	16024-660	Calama	Calama
CA042	A2	16111, 16223, 16319, 16362, 16512, 16547, 16550, 16551+G	73, 146, 153, 263, 309+CC, 315+C, 523-524d	16024-660	Calama	Calama
CA043	C1	16117, 16223, 16298, 16325, 16327	10, 73, 146, 195, 249d, 263, 290-291d, 309+CT, 315+C, 489	16024-660	Calama	Calama
CA044	D1j	16223, 16242, 16311, 16325, 16362	73, 152, 263, 309+C, 315+C, 489, 524+AC	16024-660	Calama	San Pedro
CA045	B2aj	16183C, 16188, 16189, 16217, 16355, 16519	73, 263, 309+CC, 315+C, 499	16024-660	Calama	Coquimbo
CA046	C1b8	16215, 16223, 16298, 16325, 16327, 16362, 16519	73, 249d, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Calama	Tocopilla
CA047	B2-455+T	16183C, 16189, 16217, 16519	63, 64, 73, 146, 215, 263, 309+CC, 315+C, 455+T, 499	16024-660	Calama	San Pedro
CA048	B2i2	16182C, 16183C, 16189, 16217, 16519	73, 152, 207, 263, 309+CC, 315+C, 470, 499	16024-660	Calama	Ovalle, Coquimbo
CA049	D4h3a	16223, 16241, 16301, 16342, 16362	73, 152, 203, 204, 263, 309+C, 315+C, 489, 524+AC	16024-660	Calama	Monte Patria, Coquimbo

ID	Haplogrupo	Sitios Polimorficos HVI	Sitios Polimorficos HV2-HV3	Rango	Lugar de Muestreo	Lugar de nacimiento abuela materna/madre
CA050	A2	16111, 16223, 16290, 16294, 16319, 16362, 16519	64, 73, 146, 153, 235, 263, 315+C, 523-524d	16024-660	Calama	Antofagasta
CA051	C1b13	16223, 16298, 16325, 16327	73, 249d, 258, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Calama	Salamanca, Coquimbo
CA052	B2	16183C, 16189, 16217, 16290, 16519	73, 204, 207, 263, 309+C, 315+C, 499	16024-660	Calama	NS/NR (madre Zona norte)
CA053	A2	16111, 16184, 16223, 16290, 16319, 16362, 16512, 16547, 16551+G	73, 146, 153, 263, 309+CC, 315+C, 523-524d	16024-660	Calama	San Pedro
CA054	D1g	16187, 16189, 16209, 16223, 16325, 16362	55, 56, 73, 152, 263, 315+C, 489, 499	16024-660	Calama	Concepción
CA055	B2y	16182C, 16183C, 16189, 16217, 16261, 16519	73, 93, 263, 309d, 315+C, 499	16024-660	Calama	Calama
CA056	B2	16183C, 16189, 16217, 16258T, 16270, 16325, 16362, 16519, 16524	73, 263, 309+CC, 315+C, 499	16024-660	Calama	Antofagasta
CA057	U5a1	16192, 16256, 16270, 16291, 16399	73, 263, 315+C	16024-660	Calama	María Elena
CA058	A2	16111, 16223, 16290, 16319, 16362, 16465	64, 73, 146, 153, 235, 263, 315+C, 523-524d,	16024-660	Calama	Pampa Unión
CA059	D1	16223, 16293, 16325, 16362, 16519	73, 97, 106-111d, 114, 263, 309+C, 315+C, 489, 523-524d	16024-660	Calama	Toconce
CA060	B2	16156, 16183C, 16189, 16217, 16519	73, 263, 309+C, 315+C, 499		Calama	Taltal
CA061	C1d1	16051, 16223, 16249, 16298, 16325, 16327	73, 194, 199, 249d, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489, 523-524d	16024-660	Calama	Calama
CA062	B2i2	16183C, 16189, 16217, 16294, 16519	73, 207, 263, 309+C, 315+C, 470, 499	16024-660	Calama	Ovalle
CA063	C1d1	16051, 16223, 16249, 16298, 16325, 16327	73, 194, 199, 249d, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489, 523-524d	16024-660	Calama	NS/NR (madre la Serena)
CA064	B2	16169, 16182C, 16183C, 16189, 16217, 16303, 16519	73, 94, 204, 263, 309+C, 315+C, 499	16024-660	Calama	Taltal
CA065	A2	16111, 16223, 16290, 16294, 16319, 16362, 16519	64, 73, 93, 146, 153, 195, 235, 263, 309+CC, 315+C, 523-524d	16024-660	Calama	Calama
CA066	A2	16223, 16234G, 16256, 16290, 16319, 16362, 16519	73, 146, 153, 235, 263, 309+C, 315+C, 523-524d	16024-660	Calama	La Serena
CA067	B2	16129, 16182C, 16183C, 16189, 16217, 16519	73, 263, 309+CC, 315+C, 499	16024-660	Calama	Iquique
CA068	B2i2	16183C, 16189, 16217, 16294, 16519	73, 207, 263, 309+C, 315+C, 470, 499	16024-660	Calama	Calama

ID	Haplogrupo	Sitios Polimorficos HVI	Sitios Polimorficos HV2-HV3	Rango	Lugar de Muestreo	Lugar de nacimiento abuela materna/madre
CA069	B2y	16183C, 16189, 16217, 16261, 16519	73, 263, 315+C, 499	16024-660	Calama	Iquique
CA070	B2y	16183C, 16189, 16212, 16217, 16261, 16266, 16319, 16519	65G, 73, 75, 263, 309+CC, 315+C, 499	16024-660	Calama	Pedro de Valdivia
CA071	C1b13	16223, 16298, 16325, 16327	73, 249d, 258, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Calama	Calama
CA072	B2aj	16183C, 16188, 16189, 16217, 16319, 16464, 16519	63, 64, 66T, 73, 263, 309+CC, 315+C, 499	16024-660	Calama	Calama
CA073	C1b-16192	16093, 16192, 16223, 16298, 16302, 16325, 16327, 16519	73, 201, 249d, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Calama	Calama
CA074	B2i2	16124, 16183C, 16189, 16217, 16311, 16519	73, 207, 263, 309+CC, 315+C, 470, 499	16024-660	Calama	Antofagasta
CA075	L0a1b1	16129, 16148, 16168, 16172, 16187, 16188G, 16189, 16223, 16230, 16278, 16293, 16311, 16320, 16519	93, 95C, 185, 189, 236, 247, 263, 309+C, 315+C, 523-524d	16024-660	Calama	Ovalle
CA076	D1	16223, 16325, 16362, 16519, 16527	73, 195, 263, 315+C, 489	16024-660	Calama	Frontera norte de Bolivia/Argentina
CA077	A2	16111, 16223, 16290, 16294, 16319, 16362, 16519	64, 73, 146, 153, 235, 263, 315+C, 523-524d	16024-660	Calama	Calama
CA078	B2y	16183C, 16189, 16217, 16261, 16519	73, 263, 315+C, 499	16024-660	Calama	Argentina
CA079	A2	16111, 16223, 16290, 16319, 16362	64, 73, 146, 153, 235, 263, 309+C, 315+C, 523-524d	16024-660	Calama	Chañaral
CA080	A2	16111, 16223, 16290, 16319, 16362, 16519	64, 73, 146, 153, 235, 263, 315+C, 523-524d	16024-660	Calama	Ovalle
CA081	L3e1	16048+A, 16223, 16255, 16327	73, 150, 189, 200, 263, 309+C, 315+C	16024-660	Calama	Santiago
CA082	B2i2	16126, 16183C, 16189, 16217, 16294, 16519	73, 207, 263, 309+CC, 315+C, 470, 499	16024-660	Calama	Chuquicamata
CA083	B2	16173, 16182C, 16183C, 16189, 16217, 16519	73, 214, 263, 309d, 315+C, 499	16024-660	Calama	Vallenar
CA084	B2-455+T	16182C, 16183C, 16189, 16217, 16519	73, 143, 146, 215, 263, 309+CC, 315+C, 455+T, 499	16024-660	Calama	Bolivia - Cochabamba
CA085	B2aj	16183C, 16188, 16189, 16217, 16519	73, 143, 186, 263, 309+C, 315+C, 499	16024-660	Calama	Bolivia - Cochabamba
CA086	B2aj	16183C, 16188, 16189, 16217, 16519	63, 64, 73, 263, 309+C, 315+C, 499	16024-660	Calama	Ollagüe
CA087	B2-455+T	16183C, 16189, 16217, 16519	63, 64, 73, 146, 215, 263, 309+C, 315+C, 455+T, 499	16024-660	Calama	San Pedro de Atacama

ID	Haplogrupo	Sitios Polimorficos HVI	Sitios Polimorficos HV2-HV3	Rango	Lugar de Muestreo	Lugar de nacimiento abuela materna/madre
CA088	C1d1	16051, 16223, 16298, 16325, 16327	73, 115, 194, 249d, 263, 290-291d, 315+C, 489, 523-524d	16024-660	Calama	Potosí
CA089	B2	16182C, 16183C, 16189, 16217, 16218, 16278, 16519	73, 127, 263, 309+CC, 315+C, 499	16024-660	Calama	II región
CA090	A2	16051, 16111, 16290, 16319, 16362, 16519	57G, 64, 73, 146, 153, 263, 315+C, 455, 523-524d	16024-660	Calama	Argentina
CA091	D1g	16187, 16223, 16304, 16325, 16362	73, 143, 263, 315+C, 489	16024-660	Calama	Santiago
CA092	A2	16111, 16223, 16290, 16319, 16362	64, 73, 146, 153, 235, 263, 309+CC, 315+C, 523-524d,	16024-660	Calama	Caspana
CA093	B2aj	16183C, 16188, 16189, 16217, 16519	63, 64, 73, 263, 309+C, 315+C, 499	16024-660	Calama	Lasana
CA094	B2	16092, 16126, 16182C, 16183C, 16189, 16214, 16217, 16355A, 16519	73, 152, 310, 315+CC, 521+A	16024-660	Calama	Tocopilla
CA095	D1g	16187, 16223, 16325, 16362, 16390	73, 146, 152, 263, 309+C, 315+C, 489	16024-660	Calama	Calama
CA096	A2	16111, 16189, 16223, 16290, 16319, 16362, 16519	64, 73, 146, 153, 235, 263, 315+C, 523-524d	16024-660	Calama	Calama
CA097	D4h3a	16223, 16241, 16301, 16342, 16362	73, 152, 263, 315+C, 489, 523-524d	16024-660	Calama	La Serena
CA098	B2i2	16183C, 16189, 16217, 16519	73, 207, 263, 309+CC, 315+C, 470, 499	16024-660	Calama	Calama
CA099	B2-455+T	16183C, 16189, 16217, 16519	63, 64, 73, 146, 215, 263, 309+C, 315+C, 455+T, 499	16024-660	Calama	Caspana
CA100	B2-455+T	16183C, 16189, 16217, 16519	73, 146, 215, 263, 309+CC, 315+C, 455+T, 499, 573+XC,	16024-660	Calama	NS/NR (madre Tocopilla)
CA101	B2	16183C, 16189, 16217, 16309, 16519	73, 263, 309+C, 315+C, 499	16024-660	Calama	Ovalle
CA102	HV0	16298	72, 263, 309+C, 315+C	16024-660	Calama	Andacollo
CA103	C1	16071, 16092, 16223, 16298, 16311, 16325, 16327, 16368, 16390	73, 151, 152, 249d, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489	16024-660	Calama	Copiapó
CA104	A2	16111, 16223, 16290, 16319, 16362	64, 73, 146, 153, 235, 263, 315+C, 523-524d	16024-660	Calama	Calama
CA105	D1	16142, 16148, 16223, 16278, 16311, 16325, 16356, 16362, 16519	73, 146, 228, 263, 309+C, 315+C, 489	16024-660	Calama	Arica
CA106	B2	16183C, 16189, 16217, 16519	46, 73, 146, 152, 189, 195, 263, 315+C, 499, 524+AC, 595	16024-660	Calama	Calama (interior)

ID	Haplogrupo	Sitios Polimorficos HVI	Sitios Polimorficos HV2-HV3	Rango	Lugar de Muestreo	Lugar de nacimiento abuela materna/madre
CA107	A2	16111, 16223, 16290, 16319, 16362, 16519	64, 73, 146, 235, 246, 263, 309+C, 315+C, 523-524d	16024-660	Calama	Calama
CA108	D1	16209, 16223, 16320, 16325, 16362, 16519, 16527	73, 103, 198, 263, 315+C, 489, 523-524d	16024-660	Calama	Sin Información
CA109	C1b-16192	16093, 16192, 16223, 16298, 16325, 16327	73, 201, 249d, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Calama	Cochabamba
CA110	C1b13	16223, 16298, 16325, 16327, 16519	73, 249d, 258, 263, 290-291d, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Calama	Santa Bárbara, Bio-Bio
CA111	C1	16223, 16298, 16325, 16327	73, 93, 249d, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489	16024-660	Calama	Chuvica (Bolivia)
CA112	B2aj	16183C, 16188, 16189, 16217, 16519	63, 64, 73, 263, 309+C, 315+C, 499	16024-660	Calama	NS/NR (madre Calama)
CA113	A2	16111, 16223, 16270, 16290, 16319, 16357, 16362, 16519	73, 146, 153, 159, 235, 263, 309+CC, 315+C, 523-524d	16024-660	Calama	Calama
CA114	C1b13	16223, 16298, 16325, 16327	73, 146, 249d, 258, 263, 290-291d, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Calama	Sin Información
CA115	B2y	16183C, 16189, 16217, 16261, 16319, 16519	71+G, 73, 263, 267, 309+CC, 315+C, 340, 499	16024-660	Calama	Bolivia
CA116	D1g	16187, 16223, 16304, 16325, 16362	55, 73, 249d, 263, 309+C, 315+C, 489	16024-660	Calama	San Antonio
CA117	C1	16223, 16298, 16311, 16325, 16327, 16368, 16390	73, 151, 152, 249d, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489	16024-660	Calama	Salamanca, Coquimbo
CA118	HV0	16298	72, 263, 309+C, 315+C	16024-660	Calama	Illapel, Coquimbo
CA119	B2	16142, 16183C, 16189, 16217, 16519	73, 263, 309+CC, 315+C, 499	16024-660	Calama	Ovalle
CA121	C1b13	16051, 16189, 16223, 16298, 16325, 16327	73, 249d, 258, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Calama	Ovalle
CA122	B2-455+T	16183C, 16189, 16217, 16294, 16519	63, 64, 73, 146, 215, 263, 309+CC, 315+C, 455+T, 499	16024-660	Calama	San Pedro
CA123	B2i2	16183C, 16189, 16217, 16519	73, 207, 263, 309+CC, 315+C, 470, 499	16024-660	Calama	NS/NR (madre Calama)
CA124	B2aj	16183C, 16188, 16189, 16217, 16362, 16519	73, 152, 186, 263, 309+C, 315+C, 499		Calama	Socaire
CA125	B2aj	16183C, 16188, 16189, 16217, 16519	263, 309+C, 315+C, 499	16024-660	Calama	Toconce

ID	Haplogrupo	Sitios Polimorficos HVI	Sitios Polimorficos HV2-HV3	Rango	Lugar de Muestreo	Lugar de nacimiento abuela materna/madre
CA126	B2-455+T	16183, 16189, ¿?, 16519	64, 73, 146, 215, 263, 309+CC, 315+C, 455+T, 499	16024-660	Calama	Toconao
CA127	A2	16111, 16183C, 16189, 16223, 16290, 16319, 16356, 16362, 16399, 16519	64, 73, 146, 153, 235, 263, 309+C, 315+C, 523-524d,	16024-660	Calama	Calama
CA128	B2	16183C, 16189, 16217, 16519	73, 151, 263, 309+C, 315+C, 499	16024-660	Calama	Chuquicamata
CA129	D1	16223, 16325, 16362, 16527	73, 195, 263, 315+C, 489	16024-660	Calama	Vallenar
CA130	C1b13	16137, 16223, 16271, 16298, 16325, 16327, 16399	73, 249d, 258, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Calama	NS/NR (madre Calama)
CA131	D1g	16093, 16187, 16223, 16249, 16325, 16362, 16519	70, 73, 199, 263, 315+C, 489	16024-660	Calama	NS/NR (madre Calama)
CA132	D4h3a	16223, 16241, 16301, 16342, 16362	73, 152, 263, 315+C, 489, 523-524d	16024-660	Calama	Antofagasta
CA133	B2	16183C, 16189, 16217, 16519	46, 73, 146, 152, 189, 195, 263, 315+C, 499, 524+AC, 595A	16024-660	Calama	Machuca (interior Calama)
CA134	B2-455+T	16183C, 16189, 16217, 16519	73, 146, 215, 263, 309+CC, 315+C, 455+T, 499, 573+C	16024-660	Calama	Chuquicamata
CA135	B2-455+T	16183C, 16189, 16217, 16519	64, 73, 146, 215, 263, 309+CC, 315+C, 455+T, 499	16024-660	Calama	II R Interior
CA136	B2	16086, 16183C, 16189, 16217, 16296, 16362, 16519	73, 94, 309+C, 315+C, 499	16024-660	Calama	Cerdas
CA137	B2	16183C, 16189, 16217	73, 143, 263, 309+CC, 315+C, 499	16024-660	Calama	Yamiba
CA138	D1g	16187, 16223, 16325, 16362, 16445	73, 185, 228, 263, 315+C, 489	16024-660	Calama	Salta, NOA
CA139	B2y	16183C, 16189, 16217, 16261, 16319, 16519	71+G, 73, 75, 263, 309+C, 315+C, 340, 499	16024-660	Calama	Calama
CA140	C1b13	16223, 16266, 16298, 16325, 16327	73, 249d, 258, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Calama	Samu Alto (IV región)
CA141	C1b-16192	16093, 16192, 16223, 16298, 16302, 16325, 16327, 16519	73, 201, 249d, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Calama	Ovalle
CA142	B2	16182C, 16183C, 16189, 16217, 16257, 16294, 16519	73, 106-111d, 263, 309d, 315+C, 499, 573+7C	16024-660	Calama	II región
CA143	B2	16182C, 16183C, 16189, 16217, 16519	73, 143, 247, 263, 309+CC, 315+C, 499, 523-524d	16024-660	Calama	Calama
CA144	B2i2	16183C, 16189, 16207, 16217, 16291, 16519	73, 263, 309+CC, 315+C, 470, 499		Calama	Calama

ID	Haplogrupo	Sitios Polimorficos HVI	Sitios Polimorficos HV2-HV3	Rango	Lugar de Muestreo	Lugar de nacimiento abuela materna/madre
CA145	B2	16183C, 16189, 16217, 16519	73, 143, 146, 165, 263, 309+CC, 315+C, 499	16024-660	Calama	Ilón? , La Serena
CA146	C1b13	16223, 16298, 16325, 16327	73, 249d, 258, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489, 493, 523-524d, 549	16024-660	Calama	Rio Bueno, Los Lagos
CA147	B2aj	16183C, 16188, 16189, 16217, 16465, 16519	73, 151, 186, 204, 207, 263, 309+C, 315+C, 499	16024-660	Calama	San Pedro
CA148	B2	16182C, 16183C, 16189, 16217, 16356, 16362, 16519	55+T, 58, 71d, 73, 263, 309d, 315+C, 499, 523-524d	16024-660	Calama	I región, Atacameño
CA149	C1b	16223, 16298, 16325, 16327, 16519	73, 146, 249d, 263, 290-291d, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Calama	Salta (Argentina), madre SPA
CA150	D1	16126, 16223, 16325, 16362	10, 55, 56, 64, 73, 263, 279, 309+CC, 315+C, 489	16024-660	Calama	Chuquicamata
CA152	C1b13	16223, 16298, 16325, 16327	73, 146, 249d, 258, 263, 290-291d, 309+CC, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Calama	Mejillones
CA153	A2	16111, 16209, 16223, 16290, 16319, 16362, 16471	64, 73, 146, 153, 235, 263, 309+C, 315+C, 523-524d	16024-660	Calama	NS/NR (madre Calama)
CA154	B2aj	16183C, 16188, 16189, 16217, 16362, 16519	73, 152, 186, 263, 309+C, 315+C, 499	16024-660	Calama	Calama
CA155	B2aj	16183C, 16188, 16189, 16217, 16319, 16464, 16519	63, 64, 66T, 73, 263, 309+CC, 315+C, 499	16024-660	Calama	NS/NR (madre Calama)
CA156	B2i2	16167, 16183C, 16189, 16217, 16311, 16390, 16519	73, 207, 263, 309+C, 315+C, 470, 499	16024-660	Calama	Calama
CA157	B2aj	16183C, 16188, 16189, 16217, 16519	73, 143, 241, 263, 309+C, 315+C, 499	16024-660	Calama	Calama al interior
CA158	C1b13	16223, 16298, 16325, 16327	73, 249d, 258, 263, 290-291d, 309+C, 315+C, 489, 493, 523-524d	16024-660	Calama	Calama
CA159	B2aj	16183C, 16188, 16189, 16217, 16362, 16519	73, 152, 186, 263, 315+C, 499	16024-660	Calama	Calama
CA160	D4h3a	16223, 16241, 16301, 16342, 16362	73, 152, 203, 204, 263, 309+C, 315+C, 489, 524+ACAC	16024-660	Calama	Tocopilla
CA161	D1	16223, 16325, 16362, 16519, 16527	73, 263, 309+C, 315+C, 489	16024-660	Calama	Bolivia
CA162	B2	16183C, 16189, 16217, 16257, 16289, 16519	73, 143, 263, 309+C, 315+C, 499	16024-660	Calama	Chuquicamata
CA163	B2i2	16183C, 16189, 16217, 16249, 16519	73, 153, 263, 309+CC, 315+C, 470, 499, 523-524d	16024-660	Calama	Calama

ID	Haplogrupo	Sitios Polimorficos HVI	Sitios Polimorficos HV2-HV3	Rango	Lugar de Muestreo	Lugar de nacimiento abuela materna/madre
CA164	B2y	16183C, 16189, 16212, 16217, 16261, 16319, 16519	65G, 73, 263, 309+C, 315+C, 499	16024-660	Calama	Calama
CA165	B2i2	16182C, 16183C, 16189, 16217, 16519	73, 152, 207, 263, 309+CC, 315+C, 470, 499	16024-660	Calama	Iquique
CA166	B2b	16176, 16183C, 16189, 16217, 16319, 16422, 16519	73, 263, 293, 309+CC, 315+C, 499	16024-660	Calama	Bolivia (Sur)
CA167	A2	16111, 16223, 16290, 16319, 16362	64, 73, 146, 153, 235, 263, 315+C	16024-660	Calama	Salitrera Agua Santa
CA168	B2i2	16182C, 16183C, 16189, 16217, 16519	73, 152, 207, 263, 309+CC, 315+C, 470, 499	16024-660	Calama	Calama
CA169	B2	16183C, 16189, 16217, 16519	73, 200, 263, 309+C, 315+C, 499	16024-660	Calama	Calama
CA170	B2aj	16183C, 16188, 16189, 16217, 16354, 16519	73, 146, 186, 263, 315+C, 499	16024-660	Calama	Caspana
CA171	B2i2	16183C, 16189, 16217, 16456, 16519	73, 207, 263, 309+C, 315+C, 470, 499,	16024-660	Calama	Sur
CA172	B2	16183C, 16189, 16217, 16519	73, 195, 263, 309+CC, 315+C, 499, 524+AC	16024-660	Calama	NS/NR (madre Calama)
CA173	B2-455+T	16093, 16183C, 16189,	63, 64, 73, 146, 215, 263, 309+CC, 315+C, 455+T, 499	16024-660	Calama	San Pedro