



Universidad de Concepción
Facultad de Ciencias Sociales
Carrera de Antropología

**ESTUDIO, CLASIFICACIÓN Y PROYECCIONES DE LA COLECCIÓN DE
ANTROPOLOGÍA FÍSICA DEL MUSEO SALESIANO MAGGIORINO
BORGATELLO, PUNTA ARENAS**

Tesis presentada a la Facultad de Ciencias Sociales de la Universidad de Concepción
para optar al título profesional de Antropólogo con mención en Antropología Física

Estudiante:

Rafael Sánchez Acuña

Docente guía:

Dr. Edgar Gaytán Ramírez

Co – guía:

Mg. Juan Ríos Hernández

April, 2025

Agradecimientos

A mi madre, Paola, por su amor y apoyo incondicional durante toda la carrera y más en esta última etapa. Gracias por todo mamá.

A mi hermano, por estar presente aún a la distancia, dándome el ánimo de seguir adelante y terminar este proyecto.

A mi abuela y mi abuelo, desde pequeño me dijeron que uno de sus sueños era verme titulado y agradezco que aún estén conmigo terminando este proceso.

Mis tíos por su cariño y compañía cuando más lo necesite.

A mis profesores Edgar y Rayen por su paciencia y apoyo durante la carrera. También por haber confiado en este proyecto.

Al profesor Juan Ríos por confiar en mí y transformarme en su discípulo. Sus conocimientos en el área de la biología molecular son invaluable, los llevaré siempre.

Mis queridas amigas, Karen, Sofía y Fernanda, su amistad y apoyo son incomparables.

Al Centro Científico Regional CEQUA por su apoyo y confianza tanto durante mi práctica profesional como en el desarrollo de este proyecto.

Al Museo Salesiano Maggiorino Borgatello por confiar en mí para trabajar en algo tan delicado y único como su colección de antropología física, muchas gracias.

Al laboratorio Acuigen de la Universidad de Concepción y la profesora Sandra Ferrada Fuentes por ayudarme a adentrarme en el mundo de la genética.

INDICE

Introducción	1
Presentación de la investigación	3
Problema de investigación	4
Pregunta de investigación e hipótesis	5
Objetivos	6
Antecedentes y contexto	7
Marco teórico	15
El hueso como fuente de información.....	17
Al aporte del ADN mitocondrial.....	18
Metodología	19
Muestras óseas	27
Estudios genéticos.....	29
Resultados	35
Arista museológica.....	35
Evaluación de la extracción de ADN	52
Análisis del haplogrupo A.....	54
Análisis del haplogrupo B.....	56
Análisis del haplogrupo C.....	58
Análisis del haplogrupo D.....	60
Determinación molecular de sexo.....	61
Discusión.....	65
Conclusiones	67
Proyecciones de la investigación	68

Introducción.

El futuro ya no podrá olvidar a mis fueguinos

Martín Gusinde

El epígrafe de esta tesis son las palabras con que el sacerdote y antropólogo alemán Martín Gusinde terminó su libro titulado “Fueguinos: Una crónica sobre los pueblos australes” publicado en el siglo XX. Hoy a más de cincuenta años de su primera edición podemos decir que su predicción fue cierta, el futuro no olvidó a los habitantes de Tierra del Fuego ni sus alrededores.

La presente investigación se sitúa en la ciudad de Punta Arenas, concretamente en el Museo Salesiano Maggiorino Borgatello y su colección de antropología física, la cual será estudiada desde los enfoques museológicos, antropológicos y moleculares. No obstante, previo a adentrarnos en dicha materia, es menester conocer a la institución y su historia. Fundando en 1893 el museo surge por el interés de los salesianos en conservar la historia e identidad del territorio que pasaron a habitar. Para lograr este cometido comenzó una extensa creación de colecciones relacionadas con todo aquello que los rodeaba.

Es así como logran hacerse de varias piezas que ejemplifican la fauna, flora, geología, arqueología y otras disciplinas que al día de hoy siguen presentes en el museo. Sin embargo, cuando se habla de estas colecciones no se suele mencionar que existe una dedicada a la antropología física. Los antecedentes de dicha colección son escasos, por ejemplo, su último inventario se realizó en 1979 y desde principio de los 2000 fue retirada de exhibición siendo guardada en una bodega del museo. Ambas situaciones reflejan la necesidad de atener la colección de antropología física del Museo Salesiano Maggiorino Borgatello, para abreviar, MSMB, partiendo por la elaboración de un nuevo inventario que refleje el tamaño y estado de conservación en que se encuentra la colección.

Por otro lado, la decisión de retirar las piezas bioantropológicas de exhibición coincide con la tomada por varios museos alrededor del mundo en fechas similares. Diferentes instituciones comenzaron a retirar las colecciones de restos humanos de sus vitrinas. Algunos de los casos más significativos han sido, por ejemplo, en el año 2023 cuando el

American Museum of Natural History (Nueva York, Estado Unidos) retiró todos los restos humanos que exhibían, argumentando que el pensamiento histórico en torno a ese tipo de exhibiciones era profundamente erróneo, según consigna el medio “The Guardian”. Un caso más cercano a Chile ocurrió en el año 2006 cuando el Museo de La Plata (Argentina) retiró de exhibición todos los restos humanos de origen americano con la intención de comenzar los procesos de restitución correspondientes a sus comunidades de origen.

Ante lo mencionado se desprende, por una parte, la necesidad de sistematizar la colección de antropología física del MSMB, y por otra, la motivación de generar información biológica de algunas piezas óseas con el propósito de adentrar al museo en las gestiones que se precisan para una futura restitución de restos humanos a sus descendientes con el fin de que puedan ser tratados como sus costumbres dictan. En conversaciones con el actual director del museo, Patricio Álvarez Rabié, antropólogo social, se ha manifestado la intención y deseo del museo por comenzar con las acciones necesarias para concretar la restitución de los restos humanos que sean posibles desde el museo a sus comunidades de origen. Sin embargo, esto se ha visto postergado debido al estado actual de la colección y la información asociada a ella.

En lo referente al orden de la colección de antropología física, se determina que no hay claridad del número de contenedores en los que se ha depositado la colección y tampoco se sabe específicamente que piezas óseas hay dentro de cada uno de ellos, además, esto implica que se desconoce el número total de piezas óseas humanas que conforman la colección. Por otra parte, se tiene que la información de los registros no contempla los mismos datos para todas las piezas descritas, en algunas de ellas no poseen ningún dato asociado, en otras faltan registros como ascendencia étnica y la fecha en que se descubrieron los restos junto con el lugar en que ocurrió.

Adicionalmente y pensando en la futura restitución de los restos humanos, es que se surge la necesidad de saber cuántas personas integran esta colección y si todas ellas fueron parte de un pueblo originario. Considerando que se desconoce la datación de los restos que conforman esta colección, así como la ascendencia étnica de muchos de ellos, cabe la posibilidad de que no fueran miembros de los pueblos Selk’nam, Kawésqar, Yagan o Tehuelche, siendo los primeros tres mencionados conocidos como pueblos fueguinos por

haber habitado Tierra del Fuego, y los Tehuelches o llamados Aonikenk en el extremo austral parte de los pueblos de Patagonia.

Se propone entonces la intervención de la colección de antropología física con el fin de generar una nueva sistematización que permita crear un inventario más detallado y mejores condiciones para conservarla. Esto debe conducir a la elaboración de nuevos contenedores, de acuerdo con los estándares técnicos requeridos para este tipo de muestras. Además, con el fin de apoyar en el ejercicio de restitución, se propone delimitar una muestra significativa de sujetos que podrían ser devueltos a sus comunidades de origen, la cual será estudiada desde la antropología molecular para definir si las personas de dicha muestra tienen relación genética con la zona conocida como Patagonia, la cual también comprende Tierra del Fuego.

Presentación de la investigación.

En la ciudad de Punta Arenas, región de Magallanes y de la Antártica Chilena, se encuentra el museo Salesiano Maggiorino Borgatello, el cual fue fundado en el año 1893 por los misioneros Salesianos, quienes tenían un gran interés en preservar la cultura, la historia de la región y el patrimonio de la Patagonia. En este museo, uno de los más importantes del Chile, se exhiben variadas colecciones de diferente índole (fauna, flora, paleontología, arqueología e historia de la Patagonia y Tierra del Fuego). El museo Maggiorino Borgatello (MSMB) también posee una colección de antropología física, la que por más de dos décadas se encuentra fuera de exhibición, almacenada y podría decirse que un tanto olvidada.

Cuando se consulta por los registros del museo en torno a la colección de antropología física se encuentra un libro de ingreso general para todas las piezas que integran las diferentes colecciones del museo. Este libro de registro está subdividido en secciones, siendo el apartado (D), tres páginas, las que contienen la información de la colección de antropología física. Es información valiosa pero incompleta, imprecisa y desordenada. Por ejemplo, se desconoce el número total de piezas óseas; en mucho de los casos se desconoce: la procedencia, antigüedad, ascendencia étnica, sexo, la persona que hizo el

registro de ingreso entre otras informaciones significativas que se esperaría encontrar. Salta a la vista la necesidad de inventariar y catalogar la colección. La situación se vuelve aún más preocupante, y desafiante a la vez, al conocer las condiciones de almacenamiento de los huesos, las que sin lugar a dudas son inapropiadas para la conservación del material óseo e indignas para el descanso de restos humanos lo cual también es un punto crítico por abordar.

Problema de investigación.

Según lo antes mencionado la valiosa colección antropológica del MSMB precisa ser sistematizada, considerando la totalidad de sus piezas óseas, y resguardada en contenedores apropiados que aseguren su conservación. Revisando algunos de estos contenedores es suficiente para percatarse que los rótulos externos están incompletos, es incierto asociar la información de rótulos e inscripciones con las osamentas o simplemente la información consignada en las cajas no se condice a las piezas óseas que contiene.

Analizando algunos de los restos esqueletizados, concretamente los cráneos de la colección, es notoria la diversidad morfológica lo cual da indicios de las posibles diferencias étnicas presentes en la colección, sin embargo y como se puede apreciar, varias de las piezas carecen de información complementaria acerca de su procedencia, ascendencia étnica, edad y sexo.

Paralelo a la problemática museológica de la colección de antropología física del MSMB se suma la cada vez más sonada voz de la restitución de los restos óseos humanos conservadas en museos, universidades y salas de exhibición a sus comunidades de origen para ser tratados según sus rituales y costumbres ancestrales, para ello es necesario hacer estudios científicos conducentes a recabar la mayor cantidad de información biológica, social y cultural que confirmen el origen étnico de estos restos humanos.

La investigación se justifica toda vez que, para el MSMB, a través de su director el antropólogo social Sr. Patricio Álvarez Rabié, es un objetivo inmediato ordenar las diferentes colecciones que integran el museo con un énfasis particular en la colección de antropología física. Así como se quiere dar inicio a las gestiones conducentes a mejorar

las condiciones de almacenamiento y conservación digna de las piezas óseas humanas que han sido retiradas de las salas de exhibición, muchas de las cuales descansarán al resguardo del museo y de las que en algún momento serán restituidas a sus comunidades de origen y/o descendientes. Para este último caso se acoge como prioritario iniciar con los estudios que den cuenta de si los restos humanos depositados en el museo corresponden a miembros de los pueblos originarios Selknam, Kawésqar, Yagan y Tehuelche. Por lo tanto, el (los) problema(s) de la colección antropológica del MSMB ofrece la oportunidad de un estudio holístico abordable desde el prisma museológico y el prisma antropológico. El seguimiento y concreción de este propósito sitúa al museo como pionero en la temática.

Pregunta de investigación e hipótesis.

¿Son los cráneos de la Colección de Antropología Física del Museo Salesiano Maggiorino Borgatello pertenecientes a los haplogrupos de ADN mitocondrial humano predominante de la zona geográfica comprendida como Patagonia?

Hipótesis.

Se ha descrito que los pueblos originarios de la Patagonia presentan los haplogrupos fundadores C y D en su ADN mitocondrial. Por otra parte, estudios realizados en población moderna de esta misma zona geográfica, muestran también la presencia de individuos del haplogrupo B (De la Fuente et al, 2015; 2018; Rothamer et al, 2017).

Ante esta situación, y considerando que no se conoce la verdadera antigüedad de estos restos óseos, se plantea la siguiente hipótesis de investigación:

Los haplogrupos de ADN mitocondrial de los cráneos que integran la colección de antropología física del Museo Salesiano Maggiorino Borgatello son del tipo B, C o D, lo que evidencia que podrían corresponder a personas que provenían de la zona geográfica comprendida como Patagonia.

Del mismo modo, nos planteamos como hipótesis alternativa que, los haplogrupos de ADN mitocondrial de los cráneos que integran la colección de antropología física del Museo Salesiano Maggiorino Borgatello presentan haplogrupos diferentes a B, C o D, lo que evidenciaría que no corresponden a personas que provenían de la zona geográfica comprendida como Patagonia.

Objetivos.

Objetivo general:

Iniciar la sistematización de la colección de antropología física del Museo salesiano Maggiorino Borgatello.

Objetivos específicos:

1. Elaborar un inventario de las piezas óseas que integran la colección de antropología física del MSMB.
2. Determinar el mínimo número de individuos (MNI) de la colección de antropología física del MSMB.
3. Registrar los cráneos depositados en la colección de antropología física del MSMB que serán utilizados en los estudios moleculares.
4. Identificar genéticamente el sexo de la muestra seleccionada desde la colección.
5. Determinar los haplogrupos de la muestra seleccionada desde la colección.

Antecedentes y contexto.

Como se señaló anteriormente, el MSMB, en sus 130 años de existencia ha incorporado importantes colecciones a su patrimonio, como las de flora y fauna de la Patagonia, artefactos históricos de la colonización de la región de Magallanes y la ya mencionada colección de restos humanos posiblemente correspondientes a miembros de los pueblos originarios de la zona.

Esta colección de restos humanos, que hace más de 20 años no se encuentra en exhibición, permanece almacenada en la bodega del museo, en contenedores inadecuados y algunos de ellos severamente deteriorados. No se tiene información respecto del número de individuos que contiene la colección, así como tampoco se sabe la cantidad exacta de restos humanos que hay en cada contenedor, ya que los escasos registros encontrados muestran evidentes inconsistencias. A modo de ejemplo, podemos señalar la existencia de una caja de madera, que en su rótulo indica contener un esqueleto completo, pero en su interior es posible visualizar restos óseos pertenecientes a más de un individuo. En otro caso, nos encontramos con cajas que almacenan varios cráneos juntos de forma desordenada (una con 4 y otra con 9 cráneos), sin información confiable de su origen, en los registros del museo. La figura N°1, refleja la situación indicada.

Figura N°1. Fotografía que evidencia el estado de almacenamiento de la colección de Antropología Física del Museo Salesiano Maggiorino Borgatello.



Como también lo indicamos anteriormente, dada la tendencia actual respecto de la exhibición de restos humanos en los museos, se tomó la decisión de contribuir con estudios que en algún momento serán necesarios para concretar la devolución de estos a sus pueblos originarios, con el fin de que puedan ser finalmente tratados de acuerdo con sus tradiciones y costumbres ancestrales.

Sobre la base de estos antecedentes, la presente propuesta de investigación se centrará en el análisis genético de los restos óseos de la colección, para intentar asociar cada uno de estos restos humanos, con alguna de las cuatro etnias que habitaron la región más austral de Sudamérica. No obstante, dado lo complejo y extenso que puede llegar a ser este tipo de análisis, nos centraremos en determinar el haplogrupo de ADN mitocondrial para cada uno de estos restos, como una primera aproximación que nos pueda llevar a establecer su origen étnico.

Sin embargo, cualquier diseño metodológico que se adopte para llevar a cabo esta investigación, requiere dar algunos pasos previos como:

1. Actualizar el inventario con del museo respecto de los restos, clasificándolos de manera sistemática y recopilando la información presente.
2. Realizar una propuesta de reemplazo de los antiguos contenedores por aquellos que cumplan con las recomendaciones técnicas para este tipo de elementos.
3. Realizar la limpieza de los restos óseos para proceder con la pulverización del hueso para obtener muestra biológica (polvo de hueso) a partir de la cual se extraerá ADN mitocondrial y posteriormente se realizarán los amplificadores y ensayos genéticos.
4. Clasificar los restos óseos sobre la base de la información genética obtenida.

Por otra parte, resulta relevante para el entendimiento del modelo metodológico propuesto, conocer los alcances de los análisis genéticos, así como también comprender por qué este tipo de estudios, relacionados al ADN mitocondrial, puede generar información que nos permita resolver la interrogante planteada. En esta línea, necesitaremos conocer cómo llegaron los seres humanos a la Patagonia y de qué forma las

variaciones del ADN mitocondrial pueden permitirnos establecer diferencias entre las distintas poblaciones.

El poblamiento americano.

Durante mucho tiempo se sostuvo como la teoría más aceptada para el poblamiento de América, el cruce de los paleoindios desde Asia hasta América, a través del estrecho de Bering hace 11.500 a 13.000 años. Estos individuos se constituyeron en antepasados de los actuales amerindios (Rothhammer & Dillehay, 2009). Esto es lo que se conoce como el modelo “Clovis” (propuesto por Ales Hrdlicka en 1973), que muestra la perspectiva que el poblamiento del nuevo mundo ocurrió hace aproximadamente 13.000 – 14.500 años antes del presente. Este modelo recibe el nombre de una localidad en Nuevo México, Estado Unidos, donde se encontraron por primera vez restos arqueológicos y antropológicos con la datación antes señalada.

Sin embargo, la evidencia arqueológica y antropológica cuentan una historia diferente. Los hallazgos, registros y dataciones realizados en diferentes puntos del continente, demuestran que los primeros colonizadores de América llegaron mucho antes de lo que el modelo Clovis plantea. De hecho, se han encontrado restos arqueológicos y antropológicos hasta de 15.000 años de antigüedad en lugares como las Cuevas de Paisley, Oregón; Schaefer y Hebior, Wisconsin, Monte Verde (Chile), entre otros (Halligan et al. 2016), lo que demuestra que hubo presencia humana en el nuevo mundo antes de Clovis. Page – Ladson fue el primer sitio pre – Clovis que se documenta en la porción sureste de Norteamérica y demuestra que las primeras personas que entraron en América del Norte estaban explorando la llanura costera del Golfo, al mismo tiempo que otras áreas del continente estaban siendo pobladas. La evidencia de los sedimentos de Page – Ladson, indica también que los seres humanos coexistieron con la megafauna en el Sureste Americano durante unos 2000 años antes de la extinción de los grandes mamíferos en la región, lo que ocurrió hace unos 12.600 años antes del presente. Esto indica que los seres humanos ya se encontraban en el continente americano hace unos 15.000 años (Waters y Stafford, 2014).

No obstante, un hecho muy especial lo constituye el asentamiento humano encontrado en Monte Verde, localidad ubicada en las cercanías de Puerto Montt, región de Los Lagos - Chile, ya que se ha reconocido su antigüedad en unos 14.500 años. Este hecho llama poderosamente la atención, ya que la ubicación del asentamiento lo sitúa en el inicio de la Patagonia chilena, distante a 9.190 km de Clovis. Con esta información es posible inferir que la entrada al continente por parte de estos antiguos habitantes de Monte Verde debió producirse mucho antes de lo que la teoría de Clovis plantea, lo que ha llevado a muchos entendidos a especular con fechas que van desde los 25.000 a los 45.000 años antes del presente. Esto considerando la distancia que debieron recorrer sus ancestros para llegar a Monte Verde, si es que en realidad cruzaron por el estrecho de Bering (Dillehay, 2016; Dillehay et al. 2008).

La Patagonia y su poblamiento.

Independientemente de la fecha en la que los primeros seres humanos provenientes de Asia cruzaron al estrecho de Bering, la evidencia nos muestra que se desplazaron paulatinamente hacia el sur del continente americano, dando origen a un gran número de comunidades que, adaptadas a diferentes ambientes, dieron origen a los pueblos amerindios que habitaron el continente americano e incluso siguen estando presentes hoy en día desde Alaska hasta la Patagonia (Waters & Stafford 2014).

Es así como los pueblos originarios de esta Patagonia deben descender de grupos que migraron desde el norte del continente americano, por lo menos, hace más de 15.000 años. Estas migraciones dieron origen a cuatro de las etnias más australes del planeta, las cuales son: Aonikenk o Tehuelches, Selk'nam u Onas, Kawésqar o Alacalufes y los Yaganes o Yámanas (De la Fuente et al. 2015; 2018)

Los primeros representantes de estos pueblos se enfrentaron al clima cambiante del último periodo glacial, en el que se registraron aumentos de temperatura y la recesión del hielo, que provocaron el aumento del nivel del mar y cambios en la flora y fauna (De la Fuente et al. 2015). Por otra parte, estos primeros habitantes arribaron a la zona cuando la isla de Tierra del Fuego se encontraba todavía conectada al continente, ya que el Estrecho de

Magallanes sólo se formó hace unos 8.000 años antes del presente (De la Fuente et al 2018). Cada uno de estos pueblos, se adaptó a una vida en un clima específico, ya sea en la estepa o en los canales y mares que bañan la Patagonia.

Desarrollaron una profunda conexión con su entorno y un amplio conocimiento de los animales y plantas de esta región. Estos cuatro pueblos mantenían una organización social nómada y desarrollaron sus vidas como cazadores recolectores ya fuese en la tierra o el mar.

El pueblo Aonikenk (Tehuelche).

Este pueblo se caracteriza por ser cazadores – recolectores terrestres que habitaban el territorio estepario ubicado entre el Estrecho de Magallanes y el Río Santa Cruz, el océano Atlántico y el pie del Monte Cordillerano (Martinic, 1955). Se postula que el contacto que mantenían con pueblos vecinos como los Mapuches del norte y Kawésqar por el oeste, así como con los europeos que ocuparon sus territorios, habría causado el rápido proceso de desintegración física y cultural (Aylwin, 1995).

Los Aonikenk corresponden al pueblo que da nombre a esta tierra, ya que por las grandes huellas que dejaban al pisar la nieve, los primeros europeos la llamaron “Tierra de los Patagones”. Uno de los posibles orígenes de este nombre se atribuye a Hernando de Magallanes, quien los habría llamado “pata gao”, que en portugués quiere decir “pie grande” (Kuzmanich, 2011). Aunque es también cierto que, a los primeros exploradores europeos, les llamó enormemente la atención la altura y la corpulencia de los habitantes de esta tierra. Fue Antonio Pigafetta, cronista de la expedición de Hernando de Magallanes, quien, al exagerar sus características físicas, dio origen a la leyenda del gigantismo de este pueblo.

El pueblo Selk´nam (Ona).

Los Selk´nam, también conocidos como Onas, nombre que le daban los Yamanas, corresponderían a un pueblo que habitaba Tierra del Fuego o Tierras de los Fuegos como

la llamó Magallanes en un inicio. Tenían un notable parentesco con los Aonikenk continentales (Kuzmanich, 2011). Sin embargo, aunque tenían características físicas y costumbres similares, poseían idiomas muy diferentes. Eran también cazadores – recolectores terrestres.

Son descritos como corpulentos tanto hombres como mujeres. Se caracterizaban por su alta estatura y su habilidad para la caza con arco. Se dice también que el color de su piel era difícil de establecer, ya que siempre tenían el cuerpo cubierto con polvo, pintura o grasa animal. Por último, existía una subdivisión dentro de los grupos Onas siendo unos conocidos como Selk'nam del norte y otros como Selk'nam del sur (Kuzmanich, 2011).

El pueblo Yámana (Yagán).

Los Yámanas o Yaganes. Tenían la diferencia con los pueblos antes descritos de también ser cazadores – recolectores, pero marinos. Ellos eran canoeros que recorrían los canales del sur de Tierra del Fuego. Además, los integrantes de este pueblo son considerados como los más australes del mundo.

A diferencia de los pueblos terrestres, los Yámanas eran de una estatura discreta (más bien pequeña) y voluminosos de cabeza. Poseían un tronco bien desarrollado, pero desproporcionado para sus pequeñas extremidades (Kuzmanich, 2011).

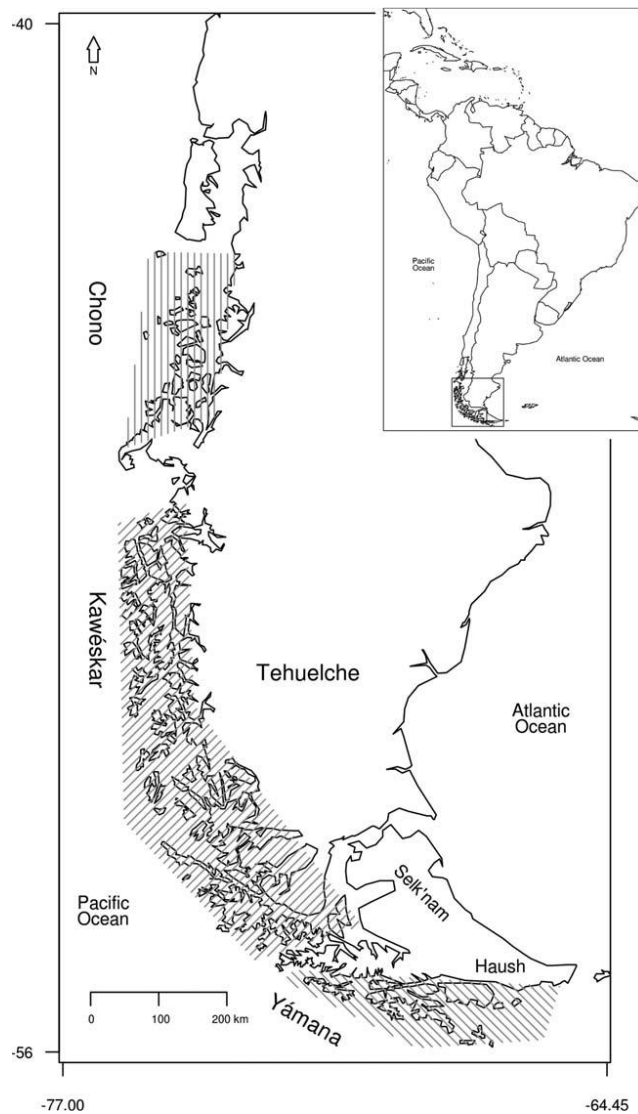
El pueblo Kawésqar (Alacalufe).

Este último pueblo de la Patagonia, los Kawésqar, compartían con el pueblo anteriormente mencionado ser nómadas del mar. Sus canoas no tan solo eran medios de transporte, sino que eran sus hogares directamente, ya que es el lugar donde más tiempo pasaban. Mantuvieron contacto con los otros tres pueblos descritos. Además, al igual que los Yaganes eran bajos y robustos, por otro lado, en algunas descripciones se menciona que tenían una piel pálida y delicada (Kuzmanich, 2011).

Impacto de la Colonización.

La llegada de los colonizadores europeos a la Patagonia tuvo un profundo impacto en los pueblos australes, llevándolos violentamente a su desaparición. Los aborígenes de la Patagonia fueron expuestos a enfermedades desconocidas para ellos, sus territorios les fueron arrebatados con violencia y fueron sometidos a una persecución y un genocidio que los llevó prácticamente a su desaparición. A pesar de que, los pueblos originarios de la Patagonia dejaron un legado invaluable, ellos ya no están. Los últimos y escasos descendientes de estas estirpes, han sido expuestos a décadas de mestizaje, que les han hecho perder gran parte de su identidad.

Figura N°2. Mapa que muestra los territorios habitados por los cuatro pueblos originarios de la Patagonia. Tomado de De la Fuente et al. 2015.



Marco teórico.

Desde los últimos años del siglo pasado, el mundo comenzó a experimentar cambios sociales y culturales tendientes a reconocer las libertades personales y la igualdad de derechos de todos los individuos, sin importar su género, etnia, religión, condición social, entre otros. Muchos de estos cambios silenciosos, tuvieron su origen en movimientos más violentos acaecidos a partir del siglo XVIII, como la revolución francesa, los movimientos independentistas en América y los movimientos sociales y sindicales en los primeros años del siglo XX.

Posteriormente, en las dos primeras décadas de este siglo, muchas sociedades, especialmente las de países latinoamericanos, han promovido y promulgado diversas leyes con el fin de reconocer las demandas antes mencionadas. En este sentido, nuestro país no ha estado ajeno a estas manifestaciones y desde hace ya unos años cuenta con cuerpos legales que atienden las necesidades de estas demandas teniendo instituciones que puedan velar, por ejemplo, por la igualdad de género, la fomentación de la inclusión y el reconocimiento de la memoria de los pueblos originarios.

En este sentido, el cambio en el paradigma cultural ha tenido como efecto, no solo el reconocimiento de la identidad y los derechos de los pueblos originario del país, sino también, la recuperación de la memoria histórica, que incluye el relato de hechos atroces que no deben ser olvidados para que no vuelvan a ocurrir. Muchos de estos acontecimientos hicieron que la región más austral del continente fuese conocida como la “Patagonia Trágica”, tal como nombra José María Borrero en su libro homónimo de 1967 (Borrero, 1967).

Bajo este contexto, ha sido ampliamente documentado el hecho que, desde fines del siglo XIX hasta los inicios del siglo XX, se cometieron serios atropellos en contra de los miembros de las etnias originarias de la Patagonia. Estos acontecimientos incluyeron crímenes como la esclavitud, el genocidio, el exterminio racial y el secuestro de muchos nativos patagónicos, para ser exhibidos en los que se conocieron como “zoológicos humanos” en el viejo mundo (Mason & Baez, 2006).

En su libro “Zoológicos humanos, Fotografías de fueguinos y mapuches en el Jardín d’Acclimatation de París, siglo XIX”, Mason y Baez (2006), relatan el caso de 11 miembros de la etnia Kawésqar y 14 Mapuches, que fueron trasladados forzosamente a Europa para ser exhibidos en el Jardín de Acclimatación de París. Apoyados en su generoso archivo fotográfico, los autores relatan como estos indígenas cautivos fueron obligados a realizar un verdadero tour por las capitales europeas, siendo exhibidos como si fueran exóticos especímenes de museos. Esta verdadera ignominia, incluía obligar a estos nativos a realizar actividades propias de su cultura frente a su asombrado público. Sin embargo, las actividades que sus captores les obligaban a realizar no eran las propias de su acervo ancestral, sino aquellas que creían serían más llamativas para el público europeo. De esta forma, se mostró a los miembros del pueblo Kawésqar como indígenas terrestres y no canoeros, así como también se exhibió a los 11 Selk’nam como si fuesen feroces caníbales. En la mayoría de los casos documentados, los indígenas secuestrados nunca pudieron volver a sus raíces, teniendo como destino final la muerte. Sin embargo, existe el registro histórico de cuatro sobrevivientes que lograron llegar a la “Misión Anglicana de Ushuaia” a fines de 1882, siendo fotografiados por una expedición francesa que se encontraba en la zona (Ríos, J, 2025).

Hoy existe una visión diferente. Además, de reconocer la identidad de las etnias, rescatar su cultura y velar por el desarrollo y ejercicio de sus derechos, como se indicó en párrafos anteriores, en muchos lugares del mundo los elementos, producto de hallazgos arqueológicos, ya no se llevan a museos para su exhibición y en algunos casos se muestran al público en la zona donde fueron encontrados, poniendo el énfasis en el contexto histórico más que en el objeto individual (Jaramillo-Morilla, 2010; Silva, 2009). En este sentido, también se ha generado la conciencia que los restos antropológicos y bioantropológicos, constituidos principalmente por restos óseos, ni siquiera deberían ser exhibidos al público, sino que almacenados adecuadamente para su conservación. Sin ir más lejos, muchos museos que mantenían antiguas colecciones de restos humanos han adoptado la política de devolverlos a sus pueblos de origen o sus descendientes para que sean tratados de acuerdo con sus costumbres ancestrales.

A modo de ejemplo, se puede también citar el caso de los descendientes de la cultura Atacameña, que solicitaron al Consejo de Monumentos Nacionales la repatriación de una momia chilena sacada del país en 1864 y que se encuentra en el museo Nacional de Antropología de Madrid, señalando que “no existen las momias en los museos, sólo existe un abuelo sin sepultura y si un familiar no ha sido despedido con los rituales que corresponde, nada bueno puede pasar” (Diario Las últimas Noticias, 2012).

Es aquí que, en este contexto, el Museo Salesiano Maggiorino Borgatello ha tomado la decisión de ordenar, catalogar y almacenar adecuadamente su colección de restos óseos, para realizar análisis antropométricos y genéticos, que junto con la escasa información existente respecto de su procedencia, permitan establecer en la mayor cantidad de casos posibles su origen étnico, para finalmente reintegrarlos a sus comunidades de origen y que sean tratados bajo sus costumbres, creencias y tradiciones.

Para ponernos en contexto y clarificar de qué forma los estudios genéticos nos puede ayudar a demostrar el origen étnico de estos restos óseos, nos hacemos la pregunta: ¿Por qué los restos óseos pueden constituirse en una importante fuente de información genética?

El hueso como fuente de información.

El hueso es el tejido que soporta a todos los organismos vertebrados. Su estructura corresponde a una matriz calcificada, que contiene células (osteocitos) y vasos sanguíneos (Suby & Latarjet, 1979). Dada su estructura, el hueso constituye una apreciable fuente de material genético y la posibilidad de utilizarlo para la obtención de ADN, ha significado un importante impulso para la aplicación de técnicas de biología molecular para diversos fines, entre los que son destacables los análisis forenses, arqueológicos y antropológicos (Del Valle et al. 2004).

Hoy en día encontramos que es cada vez más común el uso de material óseo para realizar estudios tendientes a dilucidar el origen y evolución de diversas poblaciones (animales y humanas), dado que, en muchos casos este material es el único que logra resistir el paso del tiempo. De hecho, hoy contamos con toda una rama de la biología molecular dedicada

a la extracción de ADN de restos de antigua data. El uso del ADN antiguo (ADNa), ha dado pie también a la formulación de métodos realmente novedoso para el aislamiento, purificación y análisis de este tipo de material genético. Estos nuevos métodos nos permiten obtener importante información aun considerando que el ADNa se encuentra en muy bajas cantidades, dañado, fragmentado (altamente degradado) y expuesto a contaminantes provenientes del ambiente que varían dependiendo de los distintos sitios de enterramiento y/o hallazgos (Mulligan, 2005; Mohandesan et al. 2004).

El aporte del ADN mitocondrial.

El ADN mitocondrial (ADNmt) fue descubierto en 1963 (Nass y Nass, 1963) y secuenciado en 1981 (Anderson et al, 1981). Se trata de una molécula de ADN circular, que se hereda por vía materna y presenta una alta tasa de mutación. Es precisamente esta alta tasa de mutación, la que genera una gran variabilidad en esta molécula, la que lo hace ideal para ser utilizada en diversas áreas de investigación tales como genética de poblaciones, análisis genético de restos antiguos, estudio de migraciones y análisis forense, entre otras (Rothhammer et al. 2017).

Como se señaló antes, este material genético se transmite por vía materna. Gracias a esta característica, se ha podido trazar la ascendencia matrilineal de nuestra especie hasta sus orígenes en África (Rothhammer et al. 2017). Se han encontrado variantes de este ADNmt humano que son características de algunas poblaciones. Estas variantes son llamadas haplogrupos y en términos prácticos, corresponden a un conjunto de personas que comparten una secuencia común de ADNmt y de las que podemos señalar que tienen un ancestro común.

Las poblaciones americanas poseen variantes de ADNmt que no se encuentran en el resto del mundo. Estas variantes se representan con letras y corresponden a los llamados haplogrupos A, B, C, D y X (Rothhammer et al. 2017; Torroni et al. 1993). La variación biológica de las poblaciones nativas de la Patagonia también ha sido descrita mediante esta metodología, tanto para poblaciones antiguas como modernas. Los estudios de la variación del ADNmt han identificado sólo dos linajes en las poblaciones antiguas de la

Patagonia, que corresponden a los haplogrupos C y D, señalando también una estrecha relación genética entre grupos históricos como Selk'nam, Kawésqar y Yámana (De la Fuente et al, 2015; 2018). Estos mismos estudios realizados en poblaciones modernas, revelan la predominancia de estos dos haplogrupos, a los que se incorpora en menor medida el haplogrupo B (De la Fuente et al, 2015; 2018).

Sobre la base de estos antecedentes, resulta inevitable concluir que la determinación de haplogrupos de ADN mitocondrial, en los restos óseos pertenecientes a la colección del MSMB es esencial para ayudarnos a asociar (aunque sea como una primera aproximación) cada uno de estos restos óseos a alguna de las cuatro etnias originarias de la Patagonia.

Sin duda alguna la información que se obtenga con este análisis genético no puede considerarse como concluyente, pero constituirá un primer paso para responder la pregunta de investigación propuesta. Del mismo modo, estos resultados ayudarán a establecer cuáles serán las siguientes actividades a realizar, con el objetivo de lograr que estos restos vuelvan a sus comunidades.

Metodología

El diseño metodológico concerniente a la elaboración de inventarios se basa en las recomendaciones señaladas por el Consejo de Monumentos Nacionales y el Museo Nacional de Historia Natural (CMN, 2018; Sepúlveda, 2020).

Elaboración de inventarios.

Con el fin de cumplir el objetivo de esta investigación se vuelve menester que el primer paso sea la realización de inventarios para la Colección de Antropología Física del Museo Salesiano Maggiorino Borgatello debido a que, como ya se pudo comprobar, existen más restos óseos de los que están oficialmente reconocidos en los registros del museo.

Se plantea entonces la realización de dos inventarios, siendo uno general (IG) y otro específico (IE). Cada uno cumple un fin concreto, el inventario general es una herramienta que responde a la necesidad museológica de saber cuántas piezas existen realmente y dónde están, realizando un registro rápido de todos los elementos de la colección y los contenedores en donde se encuentran, lo cual permite delimitar con seguridad la muestra que se va a estudiar evitando excluir algún elemento por desconocimiento. Por otro lado, el inventario específico también responde a la necesidad museológica antes mencionada, pero de una manera más precisa, ya que se encarga de registrar aquellos datos que actualmente el museo no posee sobre cada pieza o grupos de piezas, haciendo más profundo el conocimiento que se tiene de la colección.

Inventario General.

Para este inventario no se siguió un protocolo o guía tipo, ya que consistió en un trabajo de reconocimiento de la totalidad de las muestras que integran la colección. Se tabuló un registro del número de huesos por contenedor y se identificó cada una de las piezas o conjunto de piezas óseas.

Protocolo inventario general

Se trajeron los contenedores desde la bodega del museo a una sala que se adaptó como laboratorio dentro del mismo recinto. Allí se procedió, primero, a verificar la presencia de etiquetas o rótulos en el exterior de cada contenedor. En caso de existir se anotó el detalle de la etiqueta y toda la información que poseía. Lo más habitual fue encontrar cajas con rótulo de alguna pieza que se podría encontrar en su interior o una etiqueta que indicase que dentro había restos óseos, aun así, varios contenedores no poseían ningún señalamiento particular.

Posteriormente, se trabajó cada contenedor de manera individual. Se sacó, con delicadeza, cada resto óseo contenido en la caja y se fueron colocando sobre la superficie de la mesa

dispuesta para ello. Tras esto se fue identificando cada pieza y registrando en un archivo Excel piezas óseas y cantidades; presencia de rótulos, inscripciones. Terminado el análisis se devolvieron los huesos al contenedor, previa corroboración de que cada uno de ellos había sido registrado, se regresaba el contenedor a la bodega para proceder de igual forma con la siguiente caja. Terminado el análisis de cada contenedor se le asignó un nuevo rotulo de manera provisional a cada uno.

Inventario Específico.

El desarrollo del inventario específico se realizó siguiendo la metodología del libro “Estándares mínimos de registro y conservación preventiva de colecciones arqueológicas y paleontológicas” elaborado por la Dirección de Bibliotecas, Archivos y Museos y el Consejo de Monumentos Nacionales (CMN) en el año 2018.

En este se explican los campos generales y específicos que debe llevar el inventario de una colección para cumplir con los requerimientos de la DIBAM y el CMN. Este protocolo explica que es necesario realizar, primero, un barrido de datos generales que puede tener cualquier elemento independiente de su naturaleza y luego clasificarlo entre: a) artefacto / ecofacto b) bioantropológico c) paleontológico para, posteriormente, recoger la información más atinente a la clasificación elegida, siendo en el caso de este trabajo la bioantropológica.

A continuación, se exponen los campos generales o ítems, como se designan en el documento, que debe llevar el inventario y si la información solicitada es obligatoria u opcional

- a) Ítem administrativo
 - Institución responsable (obligatorio)
 - Procedencia del bien (obligatorio)
 - Nombre del proyecto o causa (obligatorio)
 - Responsable (obligatorio)

- N° de inventario (obligatorio)
- N° de caja (obligatorio)
- Nombre o ubicación del depósito (obligatorio)
- Documentación anexa (obligatorio)

b) Ítem identificación

- Clasificación: a) artefacto / ecofacto b) bioantropológico c) paleontológico (obligatorio)
- Temporalidad (opcional)
- Dimensiones (opcional)
- Descripción / Comentario (opcional)

c) Ítem fotográfico

- Registro visual o imagen (obligatorio)

d) Ítem geográfico

- Sitio, yacimiento o unidad de recuperación (opcional)
- Localidad (opcional)
- Región (opcional)
- Georreferencia (opcional)

e) Ítem conservación

- Estado de conservación (opcional)

A continuación, se presentan los campos o ítems específicos que se solicitan para un inventario donde la clasificación escogida haya sido bioantropológica:

- Condición: a) esqueletizado b) momificado c) otros
- Estado de completitud: a) individuo completo o semi – completo b) óseo asilado c) otros
- Número mínimo de individuos
- Sexo: a) masculino b) femenino c) indeterminado
- Edad: a) feto b) sub – adulto c) adulto

Materiales.

Al igual que para el inventario general se utilizaron elementos de protección personal como delantal, guantes y mascarilla para la manipulación de los restos óseos y para el registro se elaboró una ficha que contiene todos los campos mencionados anteriormente para ir rellenándose al igual que un Excel en donde se fueron registrando los nuevos rótulos para cada pieza o grupo de piezas de la colección.

Protocolo.

En esta ocasión, el protocolo consistió nuevamente en traer uno a uno los contenedores desde la bodega al área designada como laboratorio y sacar los restos óseos poniéndolos en la superficie disponible. Tras esto se agruparon las piezas de la siguiente manera:

- Huesos de las extremidades: húmeros, radios, cúbitos, fémures, tibias, fíbulas.
- Huesos de la columna vertebral: vértebras cervicales, vértebras torácicas, vértebras lumbares.
- Huesos anteriores y posteriores: escápulas y esternón.
- Huesos de la cadera: pelvis y sacro.
- Costillas.
- Otros y/o no identificados.

Se hizo de esta manera, ya que los huesos más grandes tuvieron su propio rótulo, mientras que grupos como las vértebras y las costillas fueron almacenados y puestos todos bajo un mismo rótulo y una misma ficha.

Con los grupos formados se comienza a completar la ficha de inventario específico elaborada con los ítems solicitados por el CMN y agregar los nuevos rótulos en el Excel indicando a qué hueso correspondía y el contenedor donde se ubica.

Una vez concluidos los registros del contenedor, los huesos fueron nuevamente guardados y devueltos a la bodega, repitiendo la misma dinámica con cada uno de los contenedores. Si bien existen esos apartados obligatorios el protocolo nos permite marcar los datos como no registrados (NR) a falta de presencia de un especialista en la materia o como no identificable (NI) en caso de que no se pueda precisar/contar con la información.

Para los campos específicos se entiende que podría no estar la información, por lo tanto, ninguno es marcado como obligatorio o indispensable e igualmente se insta a mencionar si el registro ya ha sido hecho o no, en este último caso marcando un NR y también mencionar la imposibilidad de obtener la información con un NI.

Elaboración de contenedores.

Atendiendo la necesidad de mejorar las condiciones de almacenaje en las que se encuentra la colección de antropología física del MSMB es que se ha decidió elaborar nuevos contenedores para este fin.

Se usó el “Protocolo de Embalaje de Cuerpos Momificados, Semimomificados y Esqueletizados” (Sepúlveda, 2020) elaborado por la conservadora y restauradora de bienes culturales Evelyn Sepúlveda para el Museo Nacional de Historia Natural. Concretamente el apartado del protocolo dedicado a cuerpos esqueletizados y las recomendaciones que entrega. Los materiales necesarios para la elaboración de los contenedores son:

1. Cajas de cartón corrugado doble de base y tapa.

2. Ethafoam 50 mm.
3. Tyvek.
4. Cinta doble contacto 3M.
5. Papel engomado.
6. Cinta de algodón de color natural sin teñir (0,5; 1 y 2 cm).
7. Napa sintética.
8. Adhesivo 3M Scotch Weld Hot Melt
9. Frascos acrílicos transparentes con tapa rosca.
10. Bolsa de polietileno para etiquetas.
11. Bolsas con cierre zip para objetos arqueológicos asociados no orgánicos.

Las medidas recomendadas para los contenedores son los siguientes:

1. Base: 280x280x240mm – Tapa: 290x290x 80mm
2. Base: 1100x400x350mm – Tapa: 1110x360x80mm

A continuación, se presentan el proceso de embalaje para cuerpos esqueléticos:

1. Se organizan los huesos por unidad anatómica y segmento
 - a) Bandeja inferior: cráneo y mandíbula por separado.
 - b) Bandeja inferior contigua: huesos largos de extremidad inferior (fémures, tibias y fibulas) y pelvis (también coxales y sacro).
 - c) Bandeja intermedia: vertebras, costillas, huesos largos de extremidad superior (húmeros, ulnas y radios)
 - d) Bandeja superior: huesos de manos, pies y otros huesos pequeños. Dientes sueltos o fragmentos de huesos se colocan en frascos de muestra transparente.
2. Se selecciona el tamaño de caja adecuado para cada cuerpo
3. Se arma la caja con adhesivos Hot Melt, se realizan agujeros de ventilación en todas sus caras y puerta abatible en una sola cara.

4. Se cubre con Tyvek toda la superficie interna de la caja, para evitar el contacto los bienes con la acidez del cartón, los bordes se cierran con papel engomado.
5. Se realizan soportes de cartón forrados en Tyvek y cinta de algodón para las bandejas.
6. Se elaboran bandejas de cartón y sobre esta otra bandeja de Ethafoam con calado, siguiendo la forma y tamaño de cada hueso.
7. Se cubre cada lado con Tyvek.
8. Una vez colocados los huesos se amarran con cinta de algodón de color natural, que va adherido a la bandeja.
9. Se disponen las bandejas en el orden antes mencionado.
10. A través de fotografía o un esquema indicar qué elementos óseos están presentes en cada bandeja, poner esta información en un sobre de polietileno adherido a la tapa.
11. Por último, la etiqueta de la identificación por dos de las caras del contenedor proporcionando la información pertinente a cada individuo o caso.

Figura N°3. Fotografía que muestra el tipo de contenedor propuestos, para la conservación de restos óseos humanos en el Museo Nacional de Historia Natural. Fotografía obtenida de Sepúlveda, E. (2022). Protocolo para el ingreso de material arqueológico al museo nacional de historia natural.



Muestras óseas.

Realizada la revisión de la colección de restos óseos del MSMB, se estableció la existencia de discrepancias entre los registros y la cantidad de restos almacenados. En atención a esta situación, se seleccionó para el trabajo genético, aquellos especímenes de manera inequívoca pertenecen a un único individuo, como son los cráneos. El detalle de los cráneos utilizados para el análisis se resume en la tabla N°1.

Tabla N1. Detalle de los restos óseos seleccionados para ser utilizados en el análisis genético. La columna “Contenedor” hace referencia al contenedor en el que se encontraba el resto óseo. Como se puede apreciar, algunos contenedores almacenaban restos correspondientes a más de un individuo. La columna “Rótulo nuevo” indica el número de muestra que se le asignó al espécimen para el análisis genético. La columna “Etnia asociada” señala dicha información, cuando esta existe en el registro del museo. La columna “Lugar del hallazgo” indica de forma general, la región geográfica donde fueron encontrados los restos. Finalmente, la columna “Fecha de hallazgo” indica precisamente la fecha en que fueron encontrados los restos. La fecha de hallazgo no tiene ninguna relación con la antigüedad de los restos.

Tabla N°1.

Información asociada a los restos óseos humanos utilizados para ensayos genéticos

Contenedor	Rótulo nuevo	Rótulo antiguo	Etnia asociada	Lugar de hallazgo	Fecha de hallazgo
C(D). 2	MMB_001	(D)R. 79. 6	Aonikenk	Santa Cruz (Argentina)	1915
C(D). 3	MMB_002	(D)R. 2003. 32	No registrado	No registrado	-

C(D). 3	MMB_003	(D)R. 79. 26	No registrado	No registrado	-
C(D). 3	MMB_004	No registrado	No registrado	No registrado	-
C(D). 3	MMB_005	(D)R. 1988. 31	No registrado	Isla Bertrand	1980
C(D). 3	MMB_006	(D)R. 79. ¿?	No registrado	No registrado	-
C(D). 4	MMB_007	No registrado	No registrado	No registrado	-
					Exhumado
C(D). 5	MMB_008	(D)R. 79.23	Kawésqar	Cementerio Punta Arenas	1953 Fallecido 1938
C(D). 7	MMB_009	(D)R. 79. 24	Yamana	Cementerio Punta Arenas	-
C(D). 10	MMB_010	(D)R. 79. 30 II	No registrado	No registrado	-
				Springhill	
C(D). 11	MMB_011	(D)R. 79. 10	Selk'nam	(Tierra del Fuego)	1943
				Springhill	
C(D). 11	MMB_012	(D)R. 79. 9	Selk'nam	(Tierra del Fuego)	1943
C(D). 11	MMB_013	(D)R. 79. 13	No registrado	No registrado	-
				Cabo Sunday	
C(D). 12	MMB_016	(D)R. 79. 8	Selk'nam	(Tierra del Fuego)	1902

C(D). 12	MMB_017	(D)R. 79. 11	No registrado	No registrado	-
C(D). 12	MMB_018	(D)R. 79. 12	No registrado	No registrado	-
C(D). 12	MMB_019	(D)R. 79. 5	Selk'nam	Atlántico	-
C(D). 12	MMB_020	(D)R. 79. 3	Selk'nam	Tierra del Fuego	-
C(D). 12	MMB_021	(D)R. 79. 4	Selk'nam	Tierra del Fuego	-
C(D). 12	MMB_022	(D)R. 79. 2	Yamana	Isla Hoste (Chile)	-
C(D). 12	MMB_023	(D)R. 79. 1	No registrado	No registrado	-
C(D). 13	MMB_024	(D)R. 79. 22	Kawésqar	Cementerio de Punta Arenas	Exhumado 1953 Fallecido 1938
C(D). 14	MMB_025	(D)R. 79.28	No registrado	No registrado	-

Notas: Se omitieron los rótulos MMB_014 y MMB_015, ya que sus cráneos no fueron utilizables para este estudio.

Estudios genéticos.

El estudio genético se realizó en el laboratorio de genética y genómica del Centro Científico Regional CEQUA, en Punta Arenas. Los ensayos genéticos propuestos incluyeron una serie de actividades relacionadas con la obtención de material genético de los restos óseos, su purificación y amplificación mediante la técnica de la Reacción en

Cadena de la Polimerasa (PCR), resolución de fragmentos mediante electroforesis en geles de agarosa.

Para los exámenes genéticos, se requerirán los reactivos, soluciones, materiales y protocolos que a continuación se detallan:

Soluciones.

Solución de lisis.

La solución de lisis contenía Isotiocianato de Guanidina 4,6 M; TRIS-HCl 46 mM, pH 7,6; EDTA 20 mM pH 8,0 y Tritón X-100 1,2% V/V). Para preparar 100 mL de solución, se agregan 54,3 g de Isotiocianato de Guanidina a un frasco estéril y se le adicionan 80 ml de agua ultrapura estéril (se disuelve por agitación y calor suave). Luego se agregan 4,6 ml de solución TRIS-HCl 1 M, pH 7,6, posteriormente 4 ml de solución EDTA 0,5 M pH 8,0 y finalmente 1,2 ml de Tritón X-100. La mezcla se lleva a un volumen final de 100 ml, ultrapura estéril. Esta solución se almacena a temperatura ambiente.

Solución de lavado.

La solución de lavado contenía Isotiocianato de Guanidina 4,6 M y TRIS-HCl 46 mM pH 7,6). Para preparar 100 mL de esta solución, se disuelven 54,3 g de Isotiocianato de Guanidina en 80 ml de agua ultrapura (por agitación y calor), en un frasco estéril. Luego se agregan 4,6 ml de solución TRIS-HCl 1 M, pH= 7,6. Finalmente se completa un volumen de 100 mL con agua ultrapura estéril. Esta solución se almacena a temperatura ambiente.

Suspensión de sílica activada.

Para la preparación de esta solución, se agregan pesan 3 g de sílica a una probeta de 25 mL y se suspenden en 25 mL de agua ultrapura. Esta suspensión se deja sedimentar

durante 24 horas. Transcurridas las 24 hora, se retiran 22 mL de sobrenadante, sin perturbar el pellet. Seguidamente se agrega agua ultrapura hasta completar nuevamente un volumen de 25 mL. Esta resuspensión se agita mediante inversión o vórtex y se deja sedimentar durante al menos 5 horas. Luego de las 5 horas, se retiran cuidadosamente 22 mL de sobrenadante. A los 3 mL restantes (silica), se le agregan 30 μ L de HCl concentrado y se homogeniza por inversión. La solución resultante se traspasa a un tubo Falcon de 15 mL y se esteriliza en autoclave a 121°C por 20 minutos. Finalmente se envuelve en papel aluminio para proteger de la luz y se guarda a 4°C.

Etanol 70%

Para preparar etanol 70, se agregan 70 mL de etanol absoluto a una probeta de 100 mL y se agregar 30 mL de agua ultrapura estéril, se agita por inversión y se traspasa a un contenedor adecuado (el volumen final es inferior a 100 mL). Esta solución se guarda a 20°C.

Extracción de ADN.

Procedimiento previo.

Tras haber seleccionado los huesos que serían usados en el análisis genético se trató individualmente cada uno de ellos limpiando la zona que se iba a perforar. Finalmente se realizó la toma de muestra perforando la pieza con un taladro de bajas revoluciones y una broca de 3 mm previamente esterilizada. Se colectaron aproximadamente 300 mg de polvo de hueso por pieza. El polvo de hueso obtenido fue almacenado en tubos tipo Falcon de 15 mL, hasta realizar el proceso de extracción

Desmineralización y extracción de ADN.

La extracción de ADN se realizó con una modificación del método descrito por Rohland (Roland & Hofreiter 2007), para extracción con tiocianato de guanidina. Para el efecto, 100 mg de hueso pulverizado se desmineralizaron y digirieron con 600 μ L de solución que contenía EDTA 0,5 M pH= 8,0, N-Laurylsarcosina 0,5%, durante 16-24 horas a 42°C, en un tubo Eppendorf de 1,5 mL. Posteriormente se agregaron 2 mg de Proteinasa K a cada muestra y se volvieron a incubar a 42°C por al menos 4 horas más. Posteriormente las muestras se centrifugaron a 10.000-14.000 rpm a temperatura ambiente (Torres et al, 2009).

A continuación, 300 μ L del sobrenadante de la desmineralización, se traspasaron a un nuevo tubo Eppendorf de 1,5 mL se utilizaron para extracción de ADN con 500 μ L de solución de lisitiocianato de guanidina (GuSCN 6M, Tris-HCl 100 mM pH= 8,0, Triton X-100 3%), incubando 24°C durante al menos una hora con agitación permanente. Luego se agregaron 50 μ L de solución de silica activada y se lavaron con solución de tiocianato de guanidina (GuSCN 5M, Tris-HCl 100 mM pH=8,0). Después de esto, la silica se sometió a un lavado con etanol 70% y se recuperó el ADN extraído mediante centrifugación y elución en 50 μ L de buffer TE-4.

Finalmente, los 50 μ L fueron purificados con el kit DNA IQ Casework Pro for Maxwell 16 de acuerdo con las recomendaciones del fabricante y el ADN extraído se cuantificó en un equipo nanodrop.

Determinación de haplogrupos de ADNmt.

La determinación de los haplogrupos de ADN mitocondrial se realizó de acuerdo a la metodología propuesta por Toroni et al., 1993. Para el efecto se utilizaron los partidores

y enzimas de restricción señalados por De la Fuente et al., 2015, que corresponden a los siguientes:

Nombre Primer	Secuencia
HgA_f	GTAGCTTACCTCCTCAAAGCAA
HgA_r	AGGGTGAACCTCACTGGAACG
HgB_f	CACAGTTTCATGCCCATCGT
HgB_r	ATGCTAAGTTAGCTTTACAGTGG
HgC_f	AATCGTAGCCTTCTCCACTTCA
HgC_r	GGAGCACATAAATAGTATGGC
HgD_f	CCTAACTACTACCGCATTCCTA
HgD_r	GGGTGGATGGAATTAAGGGTGT

La amplificación se realizó en un volumen de 25 μ L, en un termociclador convencional marca Biorrad. Cada tubo de amplificación contenía 3 μ L de templado (5-10 ng de ADN genómico aproximadamente), 0,2 mM dNTP, 2 mM MgCl₂, 1X buffer GoTaq, 1 μ M de cada partidor y 1U de GoTaq DNA Polimerasa (Promega).

Las condiciones de amplificación corresponden a una denaturación inicial de 95°C durante 1 min, seguida de 45 ciclos de amplificación con el siguiente programa: un ciclo de denaturación inicial a 95°C por un minuto. Luego 45 ciclos con denaturación a 95 °C por 1 minuto, alineamiento a 55°C por 1 minuto y extensión a 72°C durante 1 minuto. Finalmente se realizó una extensión final a 72°C por 5 minutos, para finalizar con mantención a 4°C.

Los haplogrupos fueron clasificados de acuerdo con la metodología de Torroni et al. 1993, es decir, las muestras con haplogrupo B fueron identificadas por visualización de los productos de PCR posterior a una electroforesis en geles de agarosa al 3%, dado que los individuos de este haplogrupo presentan una delección de 9 pares de bases en el producto de amplificación obtenidos con los partidores HgB_f y HgB_r. Los restantes haplogrupos,

se identificaron por electroforesis en gel de agarosa 3% después de digerir los productos de PCR con la enzima de restricción apropiada, Hae III, HinC II y Alu I, para los haplogrupos A, C y D respectivamente (de acuerdo con las condiciones óptimas para cada enzima).

Digestión con enzimas de restricción.

5 μ L de cada producto de PCR fue digerido con 10 U de la enzima de restricción apropiada, en el buffer recomendado para cada enzima. Las reacciones se realizaron en tubos de 0,2 mL, incubando a 37°C en un termociclador.

Determinación molecular de sexo.

La amplificación de ADN para la determinación de sexo se realizó de acuerdo con la técnica descrita por Boutin-Ganache en el año 2001. El volumen de amplificación fue de 25 μ L y la reacción se realizó en un termociclador convencional marca Biorrad. Cada tubo de amplificación contenía 3 μ L de templado (5-10 ng de ADN genómico), 0,2 mM dNTP, 2 mM MgCl₂, 1X buffer GoTaq, 0,2 μ M de cada partidor y 1U de GoTaq DNA Polimerasa (Promega).

Las condiciones de amplificación corresponden a una denaturación inicial de 95°C durante 10 min, seguida de 10 ciclos de amplificación con el siguiente programa: denaturación a 95°C por 30 segundos, alineamiento a 65°C por 45 segundos y extensión a 72°C durante 1,5 minutos. En seguida 30 ciclos de denaturación a 95°C durante 30 segundos, alineamiento a 58°C durante 45 segundos. Finalmente se realizó una extensión final a 72°C por 5 minutos, para finalizar con mantención a 95°C durante 30 segundos, alineamiento a 72°C durante 1,5 minutos.

Los productos de amplificación fueron discriminados mediante electroforesis en gel de agarosa al 3%.

Electroforesis en gel de agarosa.

La visualización de los productos amplificados para determinación de sexo y los digeridos con enzimas de restricción para determinación de haplogrupos de ADN mitocondrial, se realizó mediante electroforesis en gel de agarosa 3%. La identificación de los productos amplificados se realizó por comparación visual con un estándar de peso molecular (BrenchTop 100bp DNA Ladder, Promega), obteniéndose fragmentos de tamaños que fluctúan entre 113 y 145 pb para los diferentes haplogrupos de ADN mitocondrial. Para la determinación de sexo, se detecta la presencia de dos productos de amplificación, uno de 475 pb que corresponde a cromosoma X y uno de 231 pb correspondiente a cromosoma Y. La electroforesis se realizó en una cámara marca Max Fill, utilizando una fuente de poder marca AA Hoefler, modelo PS300-B, a una tensión de 100 Volt durante 60 minutos, utilizando Sybr green como colorante.

Resultados.

Arista Museológica:

Tras la realización del inventario para la colección de antropología física del MSMB se obtuvo información inédita en torno a ella. Por un lado, se pudo corroborar que son catorce (14) los contenedores que almacenan la colección y que previo a este estudio no poseían ningún rótulo característico y consecutivo para su identificación. Se creó un código alfanúmero “C(D). N°” el cual significa C = Colección; (D) = Antropología Física (dentro del registro del museo la sección de antropología física está señalada con una “D” mayúscula y entre paréntesis) N° que va del 1 al 14. Cuatro de los contenedores son de madera y los otros diez son cajas de cartón reutilizadas, del tipo que contienen artículos de oficina, por ejemplo: papel. Este es un dato fehaciente del estado de almacenamiento de la colección a la fecha en que inicio este estudio de tesis.

Figura N°4. Fotografía que muestra los contenedores utilizados para el almacenamiento de la colección osteológica del Museo Salesiano Maggiorino Borgatello.



Con los 14 contenedores a la vista, la estrategia de estudio fue abrirlos para una inspección visual y determinar si los rótulos e inscripciones individuales que tenían algunas cajas hacían sentido con el contenido de la misma.

Posteriormente se decidió el orden en el cual se revisaría el contenido de cada una de ellas, dando inicio al nuevo inventario de la colección de antropología física del (MSMB). Se determinó el número de piezas almacenadas en cada contenedor, lo cual permitió conocer la cantidad total de restos óseos humanos que conforman la colección de

antropología física resultando en total 1183 elementos. Esta información se encuentra tabulada en la tabla N°2.

Tabla N°2

Cantidad de restos óseos por contenedor

Rótulo	N° total de restos óseos humanos en su interior	Tipo de contenedor
C(D). 1	110	Caja de cartón
C(D). 2	1	Caja de cartón
C(D). 3	6	Caja de cartón
C(D). 4	89	Caja de madera
C(D). 5	131	Caja de madera
C(D). 6	218	Caja de cartón
C(D). 7	112	Caja de madera
C(D). 8	99	Caja de cartón
C(D). 9	24	Caja de cartón
C(D). 10	211	Caja de cartón
C(D). 11	10	Caja de cartón
C(D). 12	9	Caja de cartón
C(D). 13	118	Caja de madera
C(D). 14	45	Caja de cartón
Total	1.183	

Una vez contabilizados los huesos presentes en cada contenedor fue posible determinar el mínimo número de individuos (MNI) utilizando el método de (Suby, J, Guichón, R. 2010). Derivado de la observación y el recuento de piezas realizado (datos de la Tabla N°2) es posible pensar que la colección de antropología física incluye a veintiséis (26) personas, considerando los cinco esqueletos completos más los dieciocho cráneos sin esqueleto

poscraneal y las tres calotas craneanas, ya que cada una de estas piezas es impar dentro del esqueleto y única para cada individuo, sin embargo, el cálculo del NMI estima que para colección puede haber un total de treinta y ocho (38) personas. A continuación, se presenta el contenedor, el NMI que contiene y los elementos utilizados para su determinación.

La tabla N°3 muestra el Mínimo Número de Individuos determinado para la colección de Antropología Física del Museo Maggiorino Borgatello.

Tabla 3

Mínimo Número de Individuos para la colección de antropología física

Contenedor	MNI	Elementos utilizados para su determinación
C(D). 1	1	Huesos largos derechos
C(D). 2	1	Cráneos
C(D). 3	6	Cráneos
C(D). 4	2	Huesos largos derechos
C(D). 5	1	Huesos largos izquierdos
C(D). 6	1	Huesos largos izquierdos
C(D). 7	1	Huesos largos izquierdos
C(D). 8	-	No pudo determinarse
C(D). 9	2	Huesos largos izquierdos
C(D). 10	2	Atisbo de duda. Se usaron huesos largos en general
C(D). 11	7	Cráneos
C(D). 12	12	Cráneos
C(D). 13	1	(Cuestionable)
C(D). 14	1	Huesos largos izquierdos

A continuación, se presentan tabulaciones individuales para cada contenedor con el detalle de su contenido y la suma total de restos óseos humanos.

Tabla 4

Detalle de piezas óseas en el contenedor C(D). 1

Restos óseos humanos	Cantidad
Vértebras cervicales	7
Vértebras torácicas	12
Vértebras lumbares	5
Sacro	1
Escápula derecha	1
Escápula izquierda	1
Clavícula derecha	1
Clavícula izquierda	1
Esternón	1
Costillas	24
Pelvis derecha	1
Pelvis izquierda	1
Húmero derecho	1
Húmero izquierdo	1
Radio derecho	1
Radio izquierdo	1
Ulna derecha	1
Ulna izquierda	1
Huesos de las manos	17

Fémur derecho	1
Fémur izquierdo	1
Patela derecha	1
Patela izquierda	1
Tibia derecha	1
Tibia izquierda	1
Fíbula derecha	1
Fíbula izquierda	1
Huesos de los pies	18
Huesos / Fragmentos sin identificar	5
Total	110

Nota: Tanto en este como en los demás contenedores se anotó la cantidad de restos asociables a costillas independiente de su estado de conservación.

Tabla 5

Detalle de piezas óseas en el contenedor C(D). 2

Restos óseos humanos	Cantidad
Cráneo	1
Total	1

Tabla 6

Detalle de piezas óseas en el contenedor C(D). 3

Restos óseos humanos	Cantidad
Cráneos con mandíbula	2
Cráneos sin mandíbula	3
Calotas craneanas	1

Total	6
-------	---

Tabla 7

Detalle de piezas óseas en el contenedor C(D). 4

Restos óseos humanos	Cantidad
Cráneo sin mandíbula	1
Mandíbula	1
Vértebras cervicales	5
Vértebras torácicas	2
Vértebras lumbares	5
Sacro	1
Escápula derecha	1
Escápula izquierda	1
Clavícula derecha	1
Clavícula izquierda	1
Costillas	15
Pelvis derecha	1
Pelvis izquierda	1
Húmero derecho	2
Húmero izquierdo	1
Radio derecho	2
Radio izquierdo	1
Ulna derecha	2

Ulna izquierda	1
Huesos de las manos	16
Fémur derecho	2
Fémur izquierdo	1
Tibia izquierda	1
Fíbula derecha	1
Fíbula izquierda	1
Huesos de los pies	4
Hueso temporal	1
Huesos / Fragmentos sin identificar	16
Total	88

Tabla 8

Detalles de piezas óseas en el contenedor C(D). 5

Restos óseos humanos	Cantidad
Pelvis derecha	1
Pelvis izquierda	1
Sacro	1
Escápula derecha	1
Escápula izquierda	1
Cráneo con mandíbula	1
Costillas	36
Radio derecho	1
Radio izquierdo	1
Ulna derecha	1
Ulna izquierda	1

Húmero derecho	1
Húmero izquierdo	1
Tibia derecha	1
Tibia izquierda	1
Fíbula derecha	1
Fíbula izquierda	1
Fémur derecho	1
Fémur izquierdo	1
Vértebras cervicales	7
Vértebras torácicas	12
Vértebras lumbares	5
Clavícula derecha	1
Clavícula izquierda	1
Esternón	1
Patela derecha	1
Huesos de los pies	34
Huesos de las manos	15
Total	131

Nota: Se anotó la cantidad total de restos relacionados a costillas independiente a su estado de conservación.

Tabla 9

Detalle de las piezas óseas del contenedor C(D). 6

Restos óseos humanos	Cantidad
Escápula derecha	1
Escápula izquierda	1
Fémur derecho	1

Fémur izquierdo	1
Fíbula derecha	1
Fíbula izquierda	1
Húmero derecho	1
Húmero izquierdo	1
Tibia derecha	1
Tibia izquierda	1
Ulna derecha	1
Ulna izquierda	1
Radio derecho	1
Radio izquierdo	1
Sacro	1
Patela derecha	1
Patela izquierda	1
Pelvis derecha	1
Pelvis izquierda	1
Clavícula derecha	1
Clavícula izquierda	1
Vértebras cervicales	7
Vértebras torácicas	12
Vértebras lumbares	5
Esternón	1
Mandíbula	1
Costillas	25
Fragmentos sin identificar	146
Total	218

Tabla 10

Detalle de las piezas óseas del contenedor C(D). 7

Restos óseos humanos	Cantidad
Pelvis derecha	1
Pelvis izquierda	1
Escápula derecha	1
Escápula izquierda	1
Costillas	23
Sacro	1
Cráneo con mandíbula	1
Vértebra cervical	4
Vértebra torácica	12
Vértebra lumbar	5
Fémur derecho	1
Fémur izquierdo	1
Tibia derecha	1
Tibia izquierda	1
Fíbula derecha	1
Fíbula izquierda	1
Húmero derecho	1
Húmero izquierdo	1
Radio derecho	1
Radio izquierdo	1
Ulna derecha	1
Ulna izquierda	1
Clavícula derecha	1

Clavícula izquierda	1
Patela derecha	1
Patela izquierda	1
Esternón	1
Sin identificar	45
Total	112

Tabla 11

Detalles de las piezas óseas del contenedor C(D). 8

Restos óseos humanos	Cantidad
Costillas	67
Vértebras cervicales	8
Vértebras torácicas	18
Vértebras lumbres	5
Esternón	1
Total	99

Notas: No fue posible estimar el número mínimo de individuos (MNI) para este contenedor.

Tabla 14

Detalles de las piezas óseas del contenedor C(D). 9

Restos óseos humanos	Cantidad
Fémur derecho	1
Fémur izquierdo	2
Tibia derecha	1
Tibia izquierda	2

Húmero derecho	1
Húmero izquierdo	2
Clavícula derecha	1
Clavícula izquierda	1
Fíbula derecha	2
Fíbula izquierda	2
Radio derecho	1
Ulna derecha	1
Escápula derecha	1
Sacro	2
Pelvis derecha	2
Pelvis izquierda	2
Total	24

Tabla 13

Detalle de las piezas óseas del contenedor C(D). 10

Restos óseos humanos	Cantidad
Fémur derecho	1
Fémur izquierdo	1
Húmero derecho	2
Húmero izquierdo	2
Tibia derecha	2
Tibia izquierda	1
Clavícula derecha	2
Clavícula izquierda	2
Radio derecho	2

Radio izquierdo	2
Mandíbula	1
Cráneo	1
Huesos del pie	4
Vértebras torácicas	11
Vértebras lumbares	5
Pelvis derecha	1
Pelvis izquierda	1
Escápula derecha	2
Escápula izquierda	2
Vértebras cervicales	6
Ulna derecha	1
Ulna izquierda	1
Fíbula derecha	1
Costillas	17
Patela derecha	1
Esternón	1
Hioides	2
Fragmentos sin identificar	136
Total	211

Tabla 14

Detalle de las piezas óseas del contenedor C(D). 11

Restos óseos humanos	Cantidad
Cráneos con mandíbula	3
Cráneos sin mandíbula	1

Calotas craneanas	3
Mandíbula	1
Fémur derecho	1
Fémur izquierdo	1
Total	10

Tabla 15

Detalle de las piezas óseas del contenedor C(D). 12

Restos óseos humanos	Cantidad
Cráneos con mandíbula	7
Cráneos sin mandíbula	2
Total	9

Tabla 13

Detalle de las piezas óseas del contenedor C(D). 13

Restos óseos humanos	Cantidad
Diáfisis de huesos largos	10
Fémur derecho	1
Fémur izquierdo	1
Tibia derecha	1
Tibia izquierda	1
Fíbula derecha	1
Fíbula izquierda	1
Húmero derecho	1
Húmero izquierdo	1
Radio derecho	1
Radio izquierdo	1

Ulna derecha	1
Ulna izquierda	1
Sacro	1
Clavícula derecha	1
Clavícula izquierda	1
Cráneo con mandíbula	1
Escápula derecha	1
Escápula izquierda	1
Pelvis derecha	1
Pelvis izquierda	1
Vértebras cervicales	7
Vértebras torácicas	12
Vértebras lumbares	5
Huesos de las manos	9
Huesos de los pies	24
Costillas	24
Fragmentos sin identificar	7
Total	118

Tabla 16

Detalle de las piezas óseas del contenedor C(D). 14

Restos óseos humanos	Cantidad
Pelvis derecha	1
Pelvis izquierda	1
Escápula derecha	1
Escápula izquierda	1
Cráneo con mandíbula	1

Fémur derecho	1
Fémur izquierdo	1
Tibia derecha	1
Tibia izquierda	1
Fíbula derecha	1
Fíbula izquierda	1
Húmero derecho	1
Húmero izquierdo	1
Radio derecho	1
Radio izquierdo	1
Ulna derecha	1
Ulna izquierda	1
Vértabras cervicales	5
Vertebras torácicas	10
Vertebras lumbares	5
Patela derecha	1
Esternón	1
Clavícula derecha	1
Clavícula izquierda	1
Sacro	1
Fragmentos sin identificar	3
Total	45

Evaluación de la extracción de ADN.

El rendimiento de las extracciones de ADN a partir de los restos óseos se evaluó inicialmente determinando la concentración de ADN por espectrofotometría, en un equipo Nanodrop. Se midió la absorbancia a 260 nm con el fin de establecer la concentración de ADN de cada muestra. También se midió la relación de absorbancia 260/230 nm, para evaluar la pureza de las muestras.

Las mediciones realizadas entregaron concentraciones de ADN que fluctúan entre 4,2 y 62,5 ng/ μ L para las muestras correspondientes a los restos óseos y valores entre 8,9 y 17,2 ng/ μ L para las muestras control. Sin embargo, la relación de absorbancia 260/230 nm, entregó valores que fluctúan entre 0,1 y 0,4.

Estos resultados permiten establecer que, aun cuando se ha obtenido ADN en el proceso de extracción, la razón de absorbancia 260/230 nm muestra la presencia de contaminantes que absorben a 260 nm. Debido a esto, las concentraciones de ADN establecidas para cada muestra pueden ser menores que las señaladas por el instrumento. Esta situación es esperable debido a las características del proceso de extracción de ADN que, como se señaló en el apartado de Metodología, utiliza tiocianato de guanidina (agente caotrópico) para realizar la ruptura de las células. Sin embargo, cabe hacer presente que la presencia de este tiocianato de guanidina no afecta los posteriores procesos de amplificación de ADN mediante la técnica de PCR. La concentración de ADN determinada para cada una de las muestras se muestra en la tabla N°17.

En atención a esto, se procedió a reevaluar la extracción de ADN, realizando de manera exploratoria la amplificación de todas las muestras con algunos de los partidores de PCR que se utilizarán en el presente estudio. Los resultados de esta exploración permitieron seleccionar las muestras MMB_003, MMB_004, MMB_005, MMB_006, MMB_008, MMB_013, MMB_018, MMB_020, MMB_022, MMB_023 y MMB_024.

Tabla 17

*Concentración de ADN determinada por espectrofotometría
para las muestras en estudio*

Número de muestra	Concentración ADN ($\mu\text{g}/\mu\text{L}$)
MMB_001	31,8
MMB_002	20,6
MMB_003	10,3
MMB_004	10,6
MMB_005	62,5
MMB_006	8,2
MMB_007	15,4
MMB_008	9,6
MMB_009	6,1
MMB_010	4,2
MMB_011	71,5
MMB_012	46,9
MMB_013	5,65
MMB_016	5,1
MMB_017	16,9
MMB_018	7,7
MMB_019	53,8
MMB_020	6,9
MMB_021	5,2
MMB_022	8,8
MMB_023	5,2
MMB_024	34,1
MMB_025	4,8

PA	8,9
JR	15
RS	17,2

Amplificación de ADN.

De acuerdo con la metodología propuesta, se procedió a amplificar cada una de las muestras seleccionadas para determinar su haplogrupo y el sexo de ellas.

Análisis del haplogrupo A.

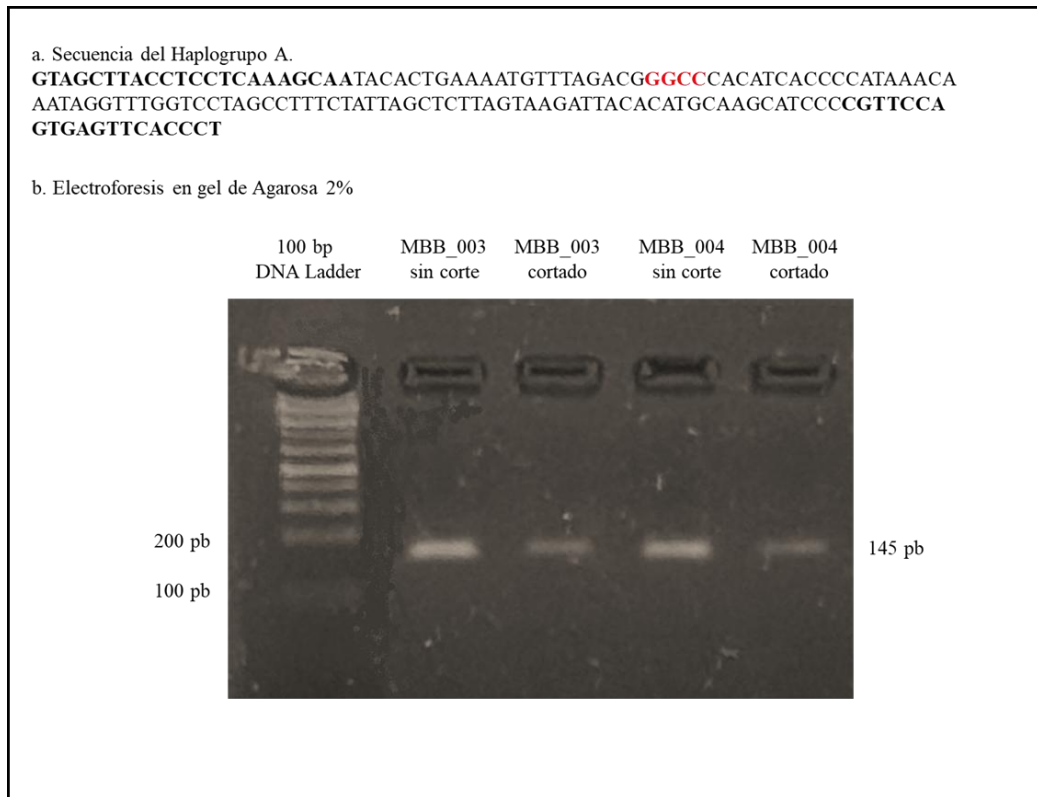
En lo que respecta al haplogrupo A, la reacción de PCR se realiza utilizando los partidores HgA_f y HgA_r. El partidor HgA_f se aparea entre las bases 584-606 del genoma mitocondrial, mientras que el partidor HgA_r lo hace entre las bases 709-729, lo que genera un fragmento de 145 pb en el proceso de amplificación. Por otra parte, el fragmento amplificado presenta un único sitio de reconocimiento para la enzima de restricción Hae III. De esta forma, la presencia del haplogrupo A se establece detectando el corte de la enzima de restricción en un gel de agarosa. Si la muestra corresponde al haplogrupo A, el corte de la enzima de restricción generará dos fragmentos de ADN, uno de aproximadamente 100 pb y otro de aproximadamente 45 pb. La figura N°5, muestra un esquema en el que se indica la secuencia del fragmento de ADN amplificado, los partidores y el sitio de corte de la enzima de restricción.

En ninguna de las muestras analizadas se detectó ADN mitocondrial correspondiente al haplogrupo A. La figura N°5 muestra el fragmento amplificado en un gel de agarosa y la ausencia de corte de la enzima de restricción.

Figura N°5.

a. Se muestra la secuencia de ADN de la región de ADN mitocondrial correspondiente al haplogrupo A. En negrita se indica la secuencia de los partidores de la PCR y en rojo el sitio de corte de la enzima Hae III.

b. Gel de agarosa al 2% en el que se muestra la amplificación del fragmento de ADN con los partidores HgA_f y HgA_r.



Análisis del haplogrupo B.

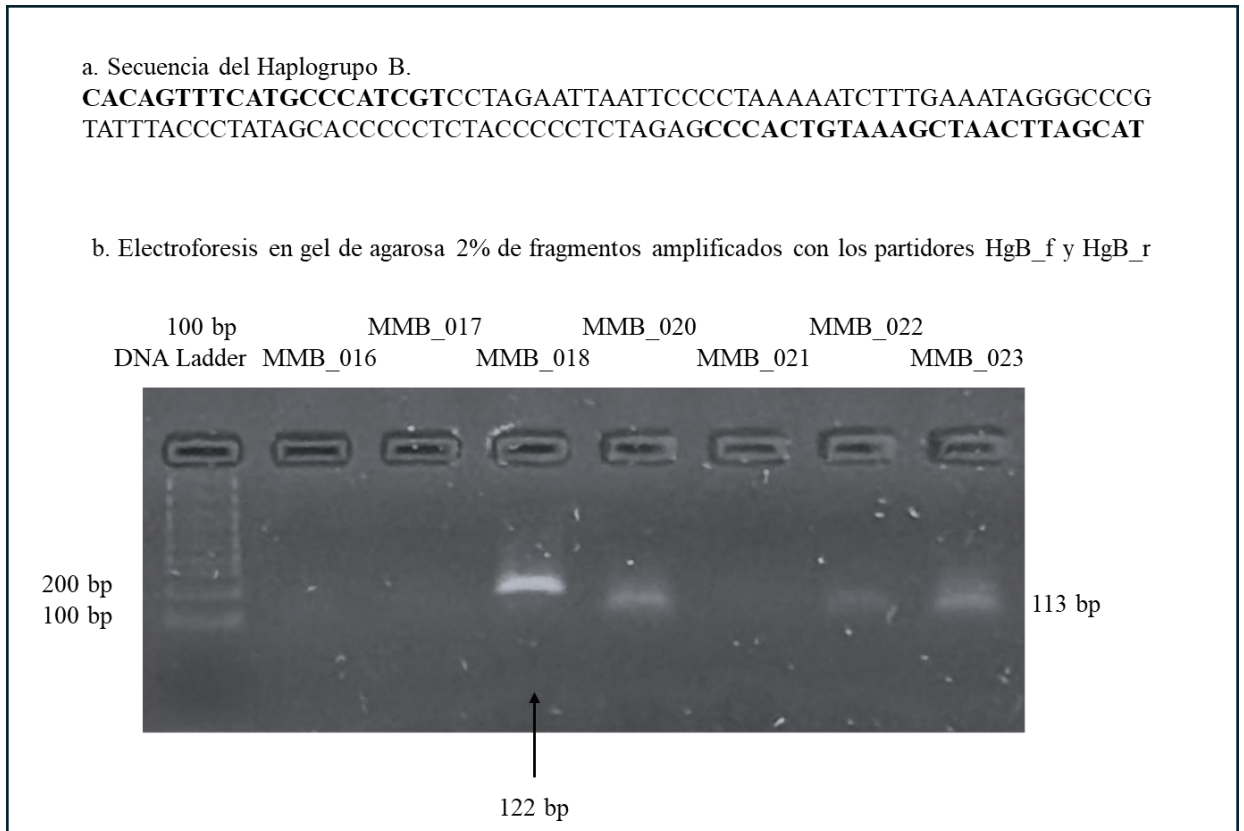
Para el haplogrupo B, la reacción de PCR se realiza utilizando los partidores HgB_f y HgB_r. El partidor HgB_f se aparea entre las bases 8.195-8.214 del genoma mitocondrial, mientras que el partidor HgB_r lo hace entre las bases 8.294-8.316, lo que genera un fragmento de 122 pb en el proceso de amplificación. Los individuos que tienen este haplogrupo B, presentan una deleción de 9 pares de bases en la secuencia del ADN mitocondrial, por lo que el fragmento amplificado resulta ser de 113 pb en lugar de 122 pb. En este caso no se utilizan enzimas de restricción, sino la inspección visual en el gel de agarosa. Es así como para los individuos correspondientes al haplogrupo B presentan un producto de amplificación de 113 pb, mientras que aquellos que no pertenecen a este haplogrupo mostrarán un fragmento de 122 pb en el gel de agarosa. La Figura N°6, muestra un esquema en el que se indica la secuencia del fragmento de ADN amplificado para el haplogrupo B.

Mediante esta metodología, de identificaron 3 muestras como pertenecientes al haplogrupo B, las que corresponden a las muestras MMB_020, MMB_022 y MMB_023. La figura N°6 muestra el fragmento amplificado en un gel de agarosa, apreciándose la leve diferencia de tamaño existente entre las muestras pertenecientes al haplogrupo B y las que no lo son.

Figura N°6.

a. Se muestra la secuencia de ADN de la región de ADN mitocondrial correspondiente al haplogrupo B. En negrita se indica la secuencia de los partidores de la PCR.

b. Gel de agarosa al 2% en el que se muestra la amplificación del fragmento de ADN con los partidores HgB_f y HgB_r, para tres muestras con haplogrupo B y una muestra que no lo es.



Análisis del haplogrupo C.

La reacción de PCR para el haplogrupo C se realiza utilizando los partidores HgC_f y HgC_r. El partidor HgC_f se aparea entre las bases 13.236-13.257 del genoma mitocondrial, mientras que el partidor HgC_r lo hace entre las bases 13.345-13.365, lo que genera un fragmento de 130 pb en el proceso de amplificación. Por otra parte, el fragmento amplificado presenta un único sitio de reconocimiento para la enzima de restricción HincII. De esta forma, la presencia del haplogrupo A se establece detectando el corte de la enzima de restricción en un gel de agarosa. Si la muestra corresponde al haplogrupo A, el corte de la enzima de restricción generará dos fragmentos de ADN, uno de aproximadamente 89 pb y otro de aproximadamente 34 pb. Figura N°7, muestra un esquema en el que se indica la secuencia del fragmento de ADN amplificado, los partidores y el sitio de corte de la enzima de restricción HincII.

En ninguna de las muestras analizadas se detectó ADN mitocondrial correspondiente al haplogrupo C. Figura N°7 muestra el fragmento amplificado en un gel de agarosa y la ausencia de corte de la enzima de restricción.

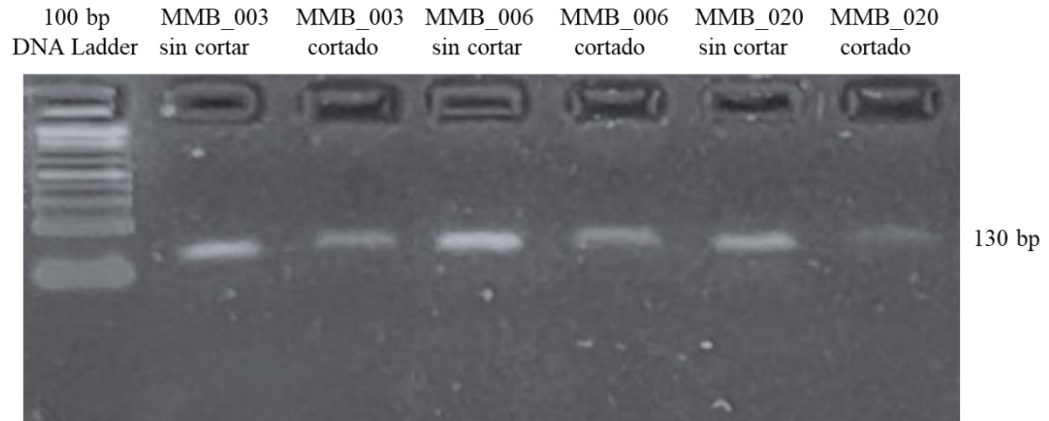
Figura N°7.

- a. Se muestra la secuencia de ADN de la región de ADN mitocondrial correspondiente al haplogrupo C. En negrita se indica la secuencia de los partidores de la PCR y en rojo el sitio de corte de la enzima HincII.
- b. Gel de agarosa al 2% en el que se muestra la amplificación del fragmento de ADN con los partidores HgC_f y HgC_r y la ausencia de corte con HincII.

a. Secuencia del Haplogrupo C.

CCTAACTACTACCGCATTCTACTACTCAACTTAAACTCCAGCACCACGACCCTACTACTA
TCTCGCACCTGAAACAAGCTAACATGACTAACACCCTTAATTCCATCCACCC

b. Electroforesis en gel de agarosa 2%



Análisis del haplogrupo D.

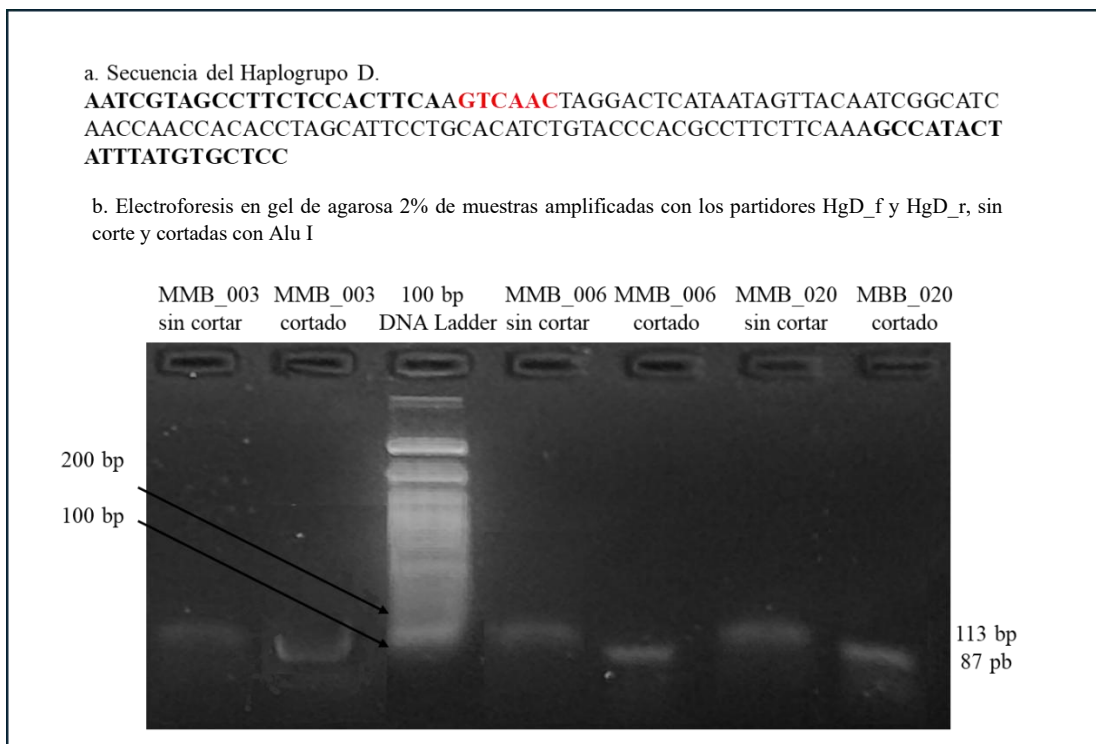
Para el haplogrupo D, la reacción de PCR se realiza utilizando los partidores HgD_f y HgD_r. El partidor HgD_f se aparea entre las bases 5.099-5.120 del genoma mitocondrial, mientras que el partidor HgD_r lo hace entre las bases 5.190-5.211, lo que genera un fragmento de 113 pb en el proceso de amplificación. Por otra parte, el fragmento amplificado presenta un único sitio de reconocimiento para la enzima de restricción AluI. De esta forma, la presencia del haplogrupo D se establece detectando el corte de la enzima de restricción en un gel de agarosa. Si la muestra corresponde al haplogrupo A, el corte de la enzima de restricción generará dos fragmentos de ADN, uno de aproximadamente 87 pb y otro de aproximadamente 26 pb. La figura N°8 muestra un esquema en el que se indica la secuencia del fragmento de ADN amplificado, los partidores y el sitio de corte de la enzima de restricción Alu I.

Este haplogrupo se detectó en 7 muestras, las que corresponden a las rotuladas como MMB_003, MMB_004, MMB_006, MMB_008, MMB_013 y MMB_018. figura N°8 muestra el fragmento amplificado en un gel de agarosa y el corte con la enzima de restricción indicada.

Figura N°8.

a. Se muestra la secuencia de ADN de la región de ADN mitocondrial correspondiente al haplogrupo D. En negrita se indica la secuencia de los partidores de la PCR y en rojo el sitio de corte de la enzima Alu I.

b. Gel de agarosa al 2% en el que se muestra la amplificación del fragmento de ADN con los partidores HgD_f y HgD_r y la presencia de corte con AluI en las tres muestras presentadas.

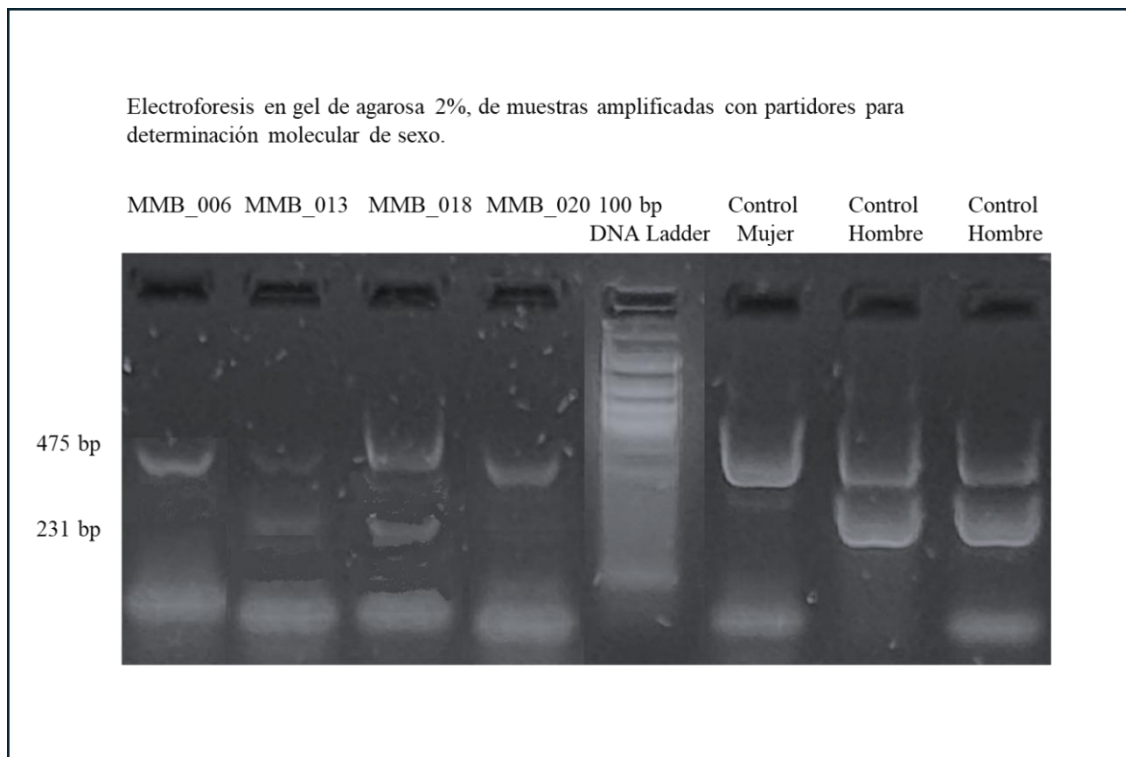


Determinación molecular de sexo.

La determinación molecular de sexo se realizó mediante un PCR multiplex, en el que se amplifica las muestras con los partidores SRY344F y SRY574R, los que generan un fragmento de 231 pb del cromosoma Y, además de los partidores ALD1F y ALD2R que generan un fragmento de 475 pb del cromosoma X. Estos partidores fueron descritos por Boutin-Ganache et al, 2001 y fueron diseñados para la amplificación de DNA humano. De esta forma, el sexo se determina visualizando la amplificación del fragmento de 475 pb en las mujeres y la presencia conjunta de los fragmentos de 475 y 231 pb en el caso de los hombres.

El análisis de detección molecular de sexo realizado en el presente estudio dio resultado solo en cuatro muestras de restos óseos analizadas, las muestras MMB_006 (mujer), MMB_013 (hombre), MMB_018 (hombre) y MMB_020 (mujer).

La figura N°9 muestra un gel de agarosa 2% en el que realiza la determinación molecular de sexo en muestras de restos óseos, así como en las muestras control utilizadas.



Finalmente, la tabla N°18 muestra el resumen general de los resultados obtenidos

Tabla N°18

Síntesis de información existe y obtenida					
N° de inventario para tesis	Tipo de pieza	N° de contenedor	Sexo	Haplogrupo	Obtención de ADN en laboratorio
MMB_001	Cráneo	C(D).2			No
MMB_002	Cráneo	C(D).3	Masculino Según registros del museo		No
MMB_003	Cráneo	C(D).3		D	Sí
MMB_004	Cráneo	C(D).3		D	Sí
MMB_005	Cráneo	C(D).3			Sí
MMB_006	Cráneo	C(D).3	Femenino Determinado genéticamente en esta investigación	D	Sí
MMB_007	Cráneo	C(D).4			No
MMB_008	Cráneo	C(D).5	Masculino Según registros del museo	D	Sí
MMB_009	Fémur	C(D).7	Masculino Según registros del museo		
MMB_010	Cráneo	C(D).10			Sí
MMB_011	Cráneo	C(D).11			Sí
MMB_012	Cráneo	C(D).11			Sí
MMB_013	Mandíbula	C(D).11	Masculino Determinado genéticamente en esta investigación	D	Sí

MMB_014	Cráneo	C(D).11		No
MMB_015	Cráneo	C(D).12		No
MMB_016	Cráneo	C(D).12		Sí
MMB_017	Cráneo	C(D).12		Sí
MMB_018	Cráneo	C(D).12	Masculino Determinado genéticamente D en esta investigación	Sí
MMB_019	Cráneo	C(D).12		No
MMB_020	Cráneo	C(D).12	Femenino Determinado genéticamente en esta investigación	Sí
MMB_021	Cráneo	C(D).12	Femenino Determinado por Turbo et al, 2017	Sí
MMB_022	Cráneo	C(D).12		Sí
MMB_023	Cráneo	C(D).12		Sí
MMB_024	Cráneo	C(D).13	Masculino Según registros del museo	Sí
MMB_025	Cráneo	C(D).14		

Discusión.

El presente trabajo de tesis cumple con el objetivo general de elaborar un nuevo inventario para la colección de antropología física del Museo Salesiano Maggiorino Borgatello en el que se incluya la totalidad de los restos óseos que la integran. La conformación de un catálogo responde a las exigencias establecidas en el artículo 37° de la Ley 17258.

El análisis molecular de las muestras tomadas desde los 23 restos óseos pertenecientes a la colección antropológica del Museo Salesiano Maggiorino Borgatello, entregó resultados que se encuentran dentro de lo esperado, considerando el contexto histórico y el estado de la colección. La extracción de ADN de estos restos se realizó utilizando protocolos descritos y probados para este tipo de muestras (restos arqueológico), cuyas modificaciones habían sido también probadas exitosamente en otros restos similares analizados en esta misma región (Torres et al, 2009).

De acuerdo con las mediciones realizadas mediante espectrofotometría (equipo Nanodrop), en todas las muestras procesadas se obtuvo ADN, en concentraciones que varían entre 4,2 y 62,5 ng/μL, con un promedio de 15,88 ng/μL y una desviación estándar de 16,4. Sin embargo, es conocido y ha sido ampliamente descrito que métodos de extracción que utilizan agentes caotrópicos, como es el caso del tiocianato de guanidina, generan valores erróneos en la cuantificación de ADN por espectrofotometría, dado que estos agentes presentan absorción en el espectro UV de 260 nm (Santos et al, 2018). Por esta razón se resolvió realizar una exploración mediante la técnica de la PCR, para establecer independientemente de la cantidad de ADN obtenida por espectrofotometría, cuales muestras presentaban el mejor potencial para ser utilizadas con esta técnica, lo que se concretó amplificándolas con los sets de partidores para determinación de haplogrupos. De esta manera, se seleccionaron 17 de las 23 muestras problema.

Estas 17 muestras fueron sometidas a análisis para la determinar a que haplogrupo pertenecen, como una primera exploración para establecer su etnia originaria. Es así como

el análisis de haplogrupos dio resultados en 9 de las 17 muestras analizadas, estableciéndose que 6 (66,7%) de ellas pertenecen al haplogrupo D y 3 (33,3%) al haplogrupo B. Estos resultados están en correlación con los estudios realizados previamente por numerosos investigadores, los cuales por una parte señalan que los haplogrupos C y D son los prevalentes en la población originaria de la Patagonia (De la Fuente et al, 2015. De la Fuente et al, 2018, Rothhamer et al, 2017), describiéndolos como haplogrupos fundadores. Por otra parte, está también establecido en estas mismas referencias, que el haplogrupo B se encuentra presente también (aunque en menor medida) en las poblaciones modernas de amerindios sur andinos de la Patagonia. Es en este sentido, que el resultado obtenido se encuentra dentro de lo esperado y avala la hipótesis de investigación planteada.

Por otra parte, la determinación molecular de sexo solo produjo resultados en 4 de las 17 muestras analizadas (23,5%). Esto puede deberse a una posible degradación del ADN obtenido, así como a la necesidad de realizar ajustes en la técnica de amplificación. Los resultados obtenidos, además de estar en correlación con lo descrito en la bibliografía, genera grandes expectativas, por cuanto nos plantean varios desafíos.

En primer lugar, inicialmente se tomó una muestra de 23 individuos para analizar, dado que el trabajo con cráneos, piezas únicas e inequívocas de especificidad. Sin embargo, el inventario general nos permite estimar que el número de individuos existente en la colección deberían ser de alrededor de 35. Esto además de ampliar el número de muestras, permite dar un mayor respaldo estadístico a los resultados.

En segundo lugar, en atención al tiempo que se debe invertir y el costo que tienen los análisis de biología molecular, lo más recomendado para realizar la cuantificación de ADN posterior al proceso de extracción, sería utilizar kits comerciales tales como Quantifiler y/o Quantifiler duo (Thermo Fisher) o Plexor (Promega), que se utilizan para la cuantificación específica de ADN humano. Estos kits se utilizan rutinariamente en

laboratorios forenses de todo el mundo, para cuantificar ADN humano obtenido de muestras degradadas y de escasa cantidad.

Poder contar con estos kits solucionaría prácticamente todos los problemas asociados a la Cuantificación de ADN de este tipo de muestras, por cuanto, como se señaló anteriormente, la técnica se encuentra desarrollada y validada para la cuantificación específica de ADN humano, además de contar con la ventaja que utiliza la misma técnica que se aplica para la amplificación por PCR, en la que los restos de reactivos caotrópicos residuales de las muestras no interfieren.

La tercera perspectiva posible que pudiese generar esta investigación, es que para poder concretar propuesta del MSMB de devolver los restos humanos de su colección a sus pueblos originarios, es necesario establecer previamente de cuantos individuos diferentes provienen estos restos humanos. Esto también puede resolverse con kits de análisis utilizados en el campo forense, tales como Identifiler o Minifiler (Thermo Fisher) o Powerplex 16, Powerplex 21 (Promega), los que en buenas cuentas permiten establecer si dos muestras diferentes provienen de un mismo individuo.

Por último, cuando se trata de restos antiguos, las posibilidades de obtener resultados satisfactorios aumentan considerablemente si se analiza ADN mitocondrial, dado que es el tipo de ADN más abundante en las células (entre 100 y 1000 copias, comparadas con las dos copias de cada gen en el DNA genómico). En consideración a esto, sería interesante realizar la secuenciación del ADN mitocondrial completo, utilizando tecnologías de secuenciación de última generación (NGS).

Como ya se mencionó previamente, una investigación basada en estudios de biología molecular (especialmente relacionada con herramientas de uso forense), implica la obtención de una importante cantidad de recursos. Esto nos plantea como desafío futuro, la generación de iniciativas de inversión que permitan obtenerlos para conseguir concretar estas propuestas.

Conclusiones:

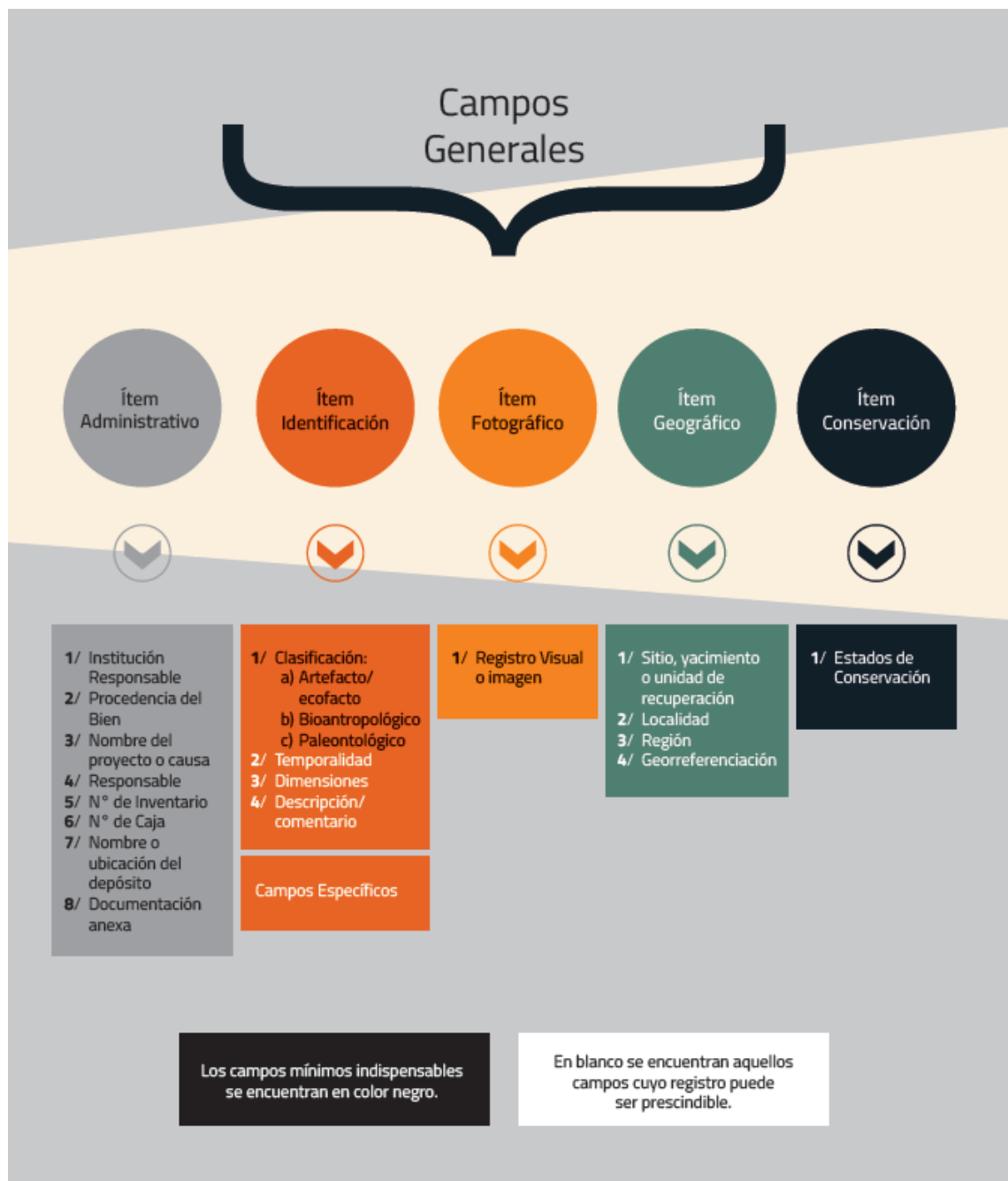
- La colección de antropología física del Museo Salesiano Maggiorino Borgatello está conformada por 1183 piezas óseas contenidas en 14 contenedores que conforman un mínimo de 26 personas (a partir de conteo directo de piezas únicas como es el cráneo) y de 38 personas a través del cálculo de MNI.
- El presente trabajo de tesis otorga una nueva sistematización y protocolos de conservación de la colección de antropología física del MSMB.
- Se extrajo ADN mitocondrial de 23 cráneos que integran la colección siendo exitoso el procedimiento para 17 muestras es decir el 74% de ellas.
- A través de ensayo genético se determinó el sexo para 4 de las 17 muestras, es decir para el 24% de las muestras que se logró extraer ADN
- Se determinó Haplogrupo de ADN mitocondrial en 9 de las muestras analizadas. De Estas muestras 6 corresponden al haplogrupo D lo que equivale al 66,7 % de las muestras con haplogrupos determinados. Por otra parte 3 presentan el haplogrupo B, lo que equivale al 33,3% de las muestras para las que se determinó haplogrupo.
- Para cuatro muestras se determinó el sexo y el haplogrupo, es decir para el 23,5% de las muestras analizadas.
- De las 23 muestras iniciales 2 evidenciaban haber sido barnizadas en su superficie y otras dos tenían aspecto de haber sido hervidas en cal (para la eliminación de tejido blando). Información relevante para su conservación y posterior análisis en materia de antropología molecular.
- A partir de este estudio el MSMB ha priorizado la confección de contenedores apropiados para la conservación de restos que integran a la valiosa colección de antropología física cuidando así no solo el elemento material que son los huesos, sino que también la dignidad de las personas a las que pertenecen.
- Este estudio ha impulsado el establecimiento de protocolos para el uso y movilidad de las piezas óseas de la colección de antropología física del MSMB.

Proyecciones de la investigación.

- Proponer al Museo Salesiano Maggiorino Borgatello crear el área de investigación en Antropología Molecular y adquirir nuevos conocimientos para impulsar desde esta perspectiva el conocimiento del poblamiento del extremo sur de Chile y particularmente generar evidencia que fundamente la restitución de restos humanos a sus comunidades o descendientes. Aportar decididamente al mantenimiento y conservación de las colecciones de antropología física y a la dignidad de los restos humanos que descansan en ellas.

ANEXOS.

Anexo 1.



Anexo 2.

Campos Específicos

Monumentos Arqueológicos Muebles

Artefacto/
Ecofacto

Bioantropológico

Paleontológico

- 1/ Tipo de Material
- 2/ Categoría de clasificación de los bienes
 - a) Artefacto identificable
 - b) Fragmento o conjunto de fragmentos
 - c) Muestras

- 1/ Condición
 - a) Esqueletizado
 - b) Momificado
 - c) Otros
- 2/ Estado de Completitud
 - a) Individuo completo o semi-completo
 - b) Individuo incompleto
 - c) Óseo aislado
 - d) Otros
- 3/ Número Mínimo de Individuos
- 4/ Sexo
 - a) Masculino
 - b) Femenino
 - c) Indeterminado
- 5/ Edad
 - a) Feto-RN
 - b) Sub-adulto
 - c) Adulto

- 1/ Tipo de fósil
- 2/ Categoría de clasificación de los bienes:
 - a) Categoría Taxonómica
 - b) Fragmentos no identificables
 - c) Muestra de sedimentos

- Los campos mínimos indispensables se encuentran en color negro.
- En blanco se encuentran aquellos campos que podrían no estar.

Referencias bibliográficas

- Anderson, S., Bankier, A. T., Barrell, B. G., de Bruijn, M. H., Coulson, A. R., Drouin, J. & Young, I. G. (1981). Sequence and organization of the human mitochondrial genome. *Nature*, 290(5806), 457-465.

- Aylwin O., José. Comunidades Indígenas de los Canales Australes. Corporación Nacional de Desarrollo Indígena. CONADI. Temuco. 1995.

- Borrero, J. M. (1967). *La Patagonia trágica*.

- Consejo de Monumentos Nacional. Dirección de Bibliotecas, Archivos y Museos. (2018). Estándares mínimos de registro y conservación preventiva de colecciones arqueológicas y paleontológicas.

- De la Fuente, C., Ávila-Arcos, M. C., Galimany, J., Carpenter, M. L., Homburger, J. R., Blanco, A., ... & Moraga, M. (2018). Genomic insights into the origin and diversification of late maritime hunter-gatherers from the Chilean Patagonia. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 115(17), E4006-E4012.

- De la Fuente, C., Galimany, J., Kemp, B. M., Judd, K., Reyes, O., & Moraga, M. (2015). Ancient marine hunter-gatherers from Patagonia and Tierra Del Fuego: Diversity and differentiation using uniparentally inherited genetic markers. *American Journal of Physical Anthropology*, 158(4), 719-729.

- Del Valle, C., Rodríguez, A., & Espinoza, M. (2004). Comparación de tres métodos de extracción de ADN a partir de restos óseos. *Revista de biología tropical*, 52(3), 717-725.

- Diario Las Últimas Noticias. 2012. Atacameños molestos. Jueves 19 de Julio de 2012.

- Dillehay, T. D. (2016). Monte Verde: Un asentamiento humano del pleistoceno tardío en el sur de Chile. 2da Edición. LOM Ediciones. Santiago, Chile.

- Dillehay, T. D. Ramirez, C. Pino, M. Collins, M. B. Rossen, J. Pino-Navarro, J. D. (2008). Monte Verde: seaweed, food, medicina, and the peopling of South America. *Science*, 320(5877), 784-786.

- Halligan, J. J., Waters, M. R., Perrotti, A., Owens, I. J., Feinberg, J. M., Bourne, M. D., ... & Dunbar, J. S. (2016). Pre-Clovis occupation 14,550 years ago at the Page-Ladson site, Florida, and the peopling of the Americas. *Science advances*, 2(5), e1600375.

- Jaramillo-Morilla, A., Mascort-Albea, E. J., Ruiz-Jaramillo, J., Castro Gómez, C., Vargas Neumann, J., & Torrealva Dávila, D. (2010). Técnicas de protección del patrimonio arqueológico excavado.

- Kuzmanich Buvinić, S. (2011). Cuatro pueblos y un destino. Segunda Edición. Vía Activa. Punta Arenas, Chile.

- Martinic, M. (1955). Los aonikenks (tehuelches), cazadores terrestres de la Patagonia austral. *Etnografía sociedades indígenas contemporáneas y su ideología*.

- Mason, P., & BaeZ, C. (2006). Zoológicos humanos. Fotografías de fueguinos y mapuches en el Jardín.

- Mohandesan, E., Mowla, S. J., Hojabri Noobari, A., Yaghoobi, M. M., & Mesbah-Namin, S. A. (2004). Extraction and analysis of ancient DNA from human remains of Masjede Kabood burial site. *Iranian Journal of Biotechnology*, 2(4), 236-242.

- Mulligan, C. J. (2005). Isolation and analysis of DNA from archaeological, clinical, and natural history specimens. In *Methods in enzymology* (Vol. 395, pp. 87-103). Academic Press.

- Museo Regional de Magallanes: <https://www.museodemagallanes.gob.cl/multimedia/audioguia-no10-primeros-habitantes>.

- Nass, M. M., & Nass, S. (1963). Intramitochondrial fibers with DNA characteristics I. Fixation and electron staining reactions. *Journal of Cell Biology*, 19(3), 593-611.

- Ríos, J. (2025). Comunicación personal.

- Rohland, N., & Hofreiter, M. (2007). Comparison and optimization of ancient DNA extraction. *Biotechniques*, 42(3), 343-352.

- 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., Puddu, G., & Fuentes-Guajardo, M. (2017). ¿Puede el ADN mitocondrial proporcionar información sobre la etnogénesis de los pueblos originarios chilenos? *Chungará (Arica)*, 49(4), 635-642.

- Santos, A. L. F., Oliveira, C. Q., Arruda, G. N. P., & Martins, J. K. (2018). Comparison of DNA extraction using proteinase K and extraction kit: analysis of the quality of the genetic material. *Jornal Brasileiro de Patologia e Medicina Laboratorial*, 54(2), 70-75.

- Sepúlveda, E. Museo Nacional de Historia Natural. (2020). Protocolo para el ingreso de material arqueológico al Museo Nacional de Historia Natural.

- Sepúlveda, E. (2022). Protocolo para el ingreso de material arqueológico al Museo Nacional de Historia Natural.

- Silva, M. (2009). Las momias Chinchorro reviven a los pies del Morro. *El Mercurio*, Santiago de Chile. Domingo 3 de agosto de 2009.

- Suby, J, Guichón, R. (2010). Los restos óseos humanos de la colección de la misión salesiana "La Candelaria" (Río Grande, Argentina). *Magallania* Vol. 38, p. 151 - 164.

- Testut, L., & Latarjet, A. (1979). *Compendio de anatomía descriptiva*. Salvat Editores.

- Torres, F., Moraga, M., & Ríos, J. (2009). Characterization of genetic markers of a Kawésqar body and the last descendants of the same ethnic group. *Profiles in DNA*, 12(1), 3-5.

- Torroni, 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.

- Waters, M. R., & Stafford, T. W. (2014). The First Americans: A Review of the Evidence for the Late-Pleistocene Peopling of the Americas. *Science*, 365(6190), 1113-1119.