

Los ancestros del fin del mundo: primeras perspectivas sobre la diversidad mitocondrial en la provincia de Tierra del Fuego, Argentina

The ancestors of the end of the world: first
insights on mitochondrial diversity in Tierra
del Fuego province, Argentina

 Irina Florencia Velázquez^{1*} |  Camila Tamburrini¹ |  Michelle de Saint Pierre² |  Luciano Esteban Real¹ |  Néstor Guillermo Basso¹ |  Eliana Aquilano³ |  José Luis Lanata⁴ | Laura Daniela Lamuedra González¹ | Claudio Galli⁵ | Andrea del Carmen González⁶ | Ariana Gamulin⁷ | Romina Saldutti⁸ |  Claudio Marcelo Bravi³ |  María Laura Parolín¹

REVISTA ARGENTINA DE ANTROPOLOGÍA BIOLÓGICA

Volumen 26, Número 1, Artículo 71
Enero-Junio 2024

Financiamiento: PUE
22920180100012CO, PICT-2019-2019-
02167 y PICT 2015-2167.

*Correspondencia a: Irina Florencia
Velázquez. IDEAus-CONICET. Bvd. Brown
2915, U9120ACD. Puerto Madryn,
Chubut, Argentina. E-mail:
ivelazquez@cenpat-conicet.gob.ar

RECIBIDO: 28 de Mayo de 2023

ACEPTADO: 3 de Octubre de 2023

PUBLICADO: 8 de Febrero de 2024

<https://doi.org/10.24215/18536387e071>

e-ISSN 1853-6387

<https://revistas.unlp.edu.ar/raab>

Entidad Editora
Asociación de Antropología Biológica
Argentina

1) Instituto de Diversidad y Evolución Austral (IDEAus-CONICET). Puerto Madryn. Chubut. Argentina. **2)** Departamento de Antropología. Facultad de Ciencias Sociales. Universidad de Chile, Santiago. Chile. **3)** Laboratorio de Genética Molecular Poblacional. IMBICE (CONICET-CIC-UNLP). La Plata. Argentina. **4)** Instituto de Investigaciones en Diversidad Cultural y Procesos de Cambio (IIDyPCa). CONICET-UNRN. San Carlos de Bariloche. Argentina. **5)** Servicio de Hemoterapia. Hospital Regional de Río Grande. Río Grande. Tierra del Fuego. Argentina. **6)** Servicio de Hemoterapia. CEMEP. Río Grande. Tierra del Fuego. Argentina. **7)** Servicio de Hemoterapia. Hospital Regional de Ushuaia. Ushuaia. Tierra del Fuego. Argentina. **8)** Servicio de Hemoterapia. Clínica San Jorge. Ushuaia. Tierra del Fuego. Argentina

Resumen

En este trabajo se presentan los primeros resultados sobre el origen continental materno de las principales localidades de la provincia de Tierra del Fuego (TDF): Río Grande (RG) y Ushuaia (USH), mediante la tipificación de haplogrupos mitocondriales (Hg) de 333 participantes. La estimación de los Hg se realizó mediante PCR-APLP y secuenciación de la región HV1, evidenciando una significativa frecuencia de Hg maternos de origen americano a nivel provincial (64,9%). A nivel local, se observó una mayor proporción de linajes autóctonos en RG (75,1%) respecto de USH (57,5%). A partir de la información genealógica de los participantes, se evidenció que el origen geográfico más frecuente tanto de los participantes como de los ancestros, es la región Centro de Argentina. Las diferencias observadas entre dos localidades que distan a sólo 200 km, en una provincia de baja densidad demográfica, ponen en evidencia una

vez más la importancia de conocer la información genealógica de los participantes, así como la historia fundacional y las actividades económicas de cada localidad que han motivado la llegada de migrantes, para una adecuada contextualización y comprensión de la actual composición genética de la provincia de TDF. *Rev Arg Antrop Biol* 26(1), 071, 2024. <https://doi.org/10.24215/18536387e071>

Palabras Clave: Patagonia sur; ADN mitocondrial; migraciones

Abstract

This paper presents the first results on the maternal continental origin of the main localities in the province of Tierra del Fuego (TDF): Río Grande (RG) and Ushuaia (USH), by typing of mitochondrial haplogroups (Hg) in 333 participants. The estimation of Hg was carried out using PCR-APLP and sequencing of the HV1 region, evidencing a significant frequency of maternal Hg of American origin at the provincial level (64.9%). At the local level, a higher proportion of autochthonous lineages was observed in RG (75.1%) compared to USH (57.5%). From the genealogical information of the participants, it was verified that the most frequent geographical origin of both participants and ancestors is the Central region of Argentina. The differences observed between the two localities, which are only 200 km away, in a province with low demographic density, once again highlight the importance of knowing the genealogical information of the participants, as well as the founding history and economic activities of each locality that have motivated the arrival of migrants, to achieve a better contextualization and understanding of the current genetic composition of the province of TDF. *Rev Arg Antrop Biol* 26(1), 071, 2024. <https://doi.org/10.24215/18536387e071>

Keywords: Southern Patagonia; mitochondrial DNA; migrations

La provincia de Tierra del Fuego (TDF) se ubica en el extremo sur de la Patagonia argentina ($54^{\circ}30' S$ y $67^{\circ}0' O$; Fig.1) abarcando una extensión territorial que comprende el sector oriental de la Isla Grande e islas adyacentes, las islas argentinas del Atlántico Sur y la Antártida argentina (McEwan *et al.*, 1998). La Isla Grande de TDF se encuentra delimitada al norte por el Estrecho de Magallanes, en la región sur por el Canal del Beagle y al este por el Mar Argentino (Fig.1). Presenta una superficie total de 21.571 km² y una densidad poblacional de 5,9 hab/km² (Censo 2010; INDEC).

Los primeros registros de actividad humana en TDF se remontan a 10.685-9.960 años antes del presente (AP) con la presencia de un único sitio del Pleistoceno Final, el alero Tres Arroyos 1 en el Cerro de los Onas (Vázquez y Borrero, 2021), de antigüedad similar a la de los sitios arqueológicos Cueva de Fell (10.000-11.000 AP; Bird, 1988), Cueva del Medio (12.390-9.500 AP; Martin *et al.*, 2015) y Cueva Lago Sofía 1 (12.000-9.000 AP, Mas-sone, 2002), localizados en la Patagonia sur continental (Fig.1). Los primeros pobladores fueguinos habrían cruzado el ahora Estrecho de Magallanes, por entonces emergido. Hacia fines del Último Máximo Glaciar, aproximadamente 7.500 AP, el nivel del mar sufre un incremento progresivo, causando la inundación de la artesa glaciar que actualmente ocupa el Estrecho de Magallanes y la desaparición completa del puente terrestre. Hacia los 4.500-4.000 AP el Estrecho de Magallanes adquiere su nivel actual (Vázquez y Borrero,

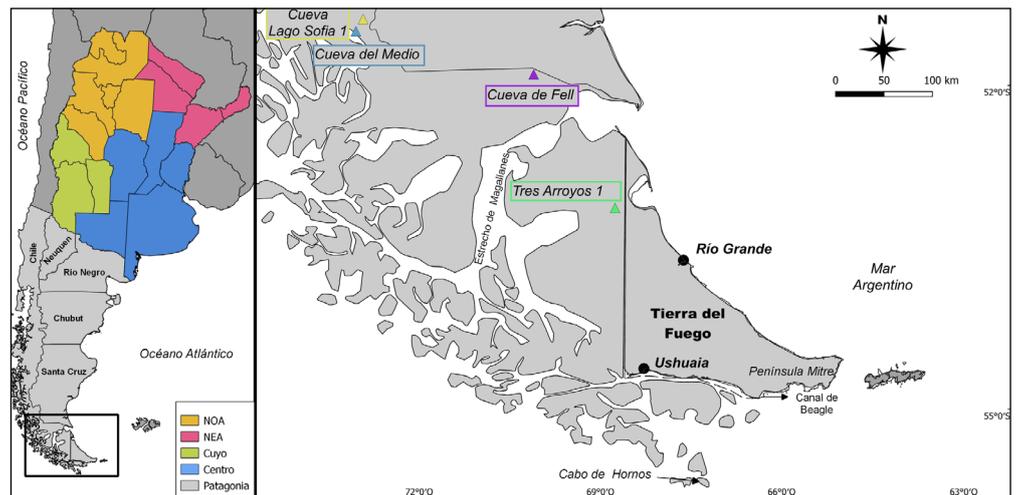


FIGURA 1. Mapa de Argentina indicando en color las cinco regiones del país utilizadas en los análisis de genealogía materna (izquierda) y la ubicación geográfica de la provincia de Tierra del Fuego (TDF), de las localidades de Río Grande (RG), Ushuaia (USH) y de los sitios arqueológicos mencionados en el texto (zoom derecho).

2021) creando una barrera natural que aisló a los pobladores en las nuevas islas formadas. Según el registro histórico y etnográfico, entre los siglos XV y XIX se distinguen al menos cuatro grupos poblacionales fueguinos (Gusinde, 1990). Los grupos cazadores-recolectores Selk'nam y Haush, también mencionados en la literatura etnográfica y científica como "Onas" (término asignado por los Yaganes) (Bandieri, 2005), y "Manekenk" (Lehmann-Nitsche, 1913), habitaban, respectivamente, la región norte y el sector sudeste de la Isla Grande incluida la Península Mitre (Saletta, 2014). Los grupos canoeros nómades Kawesqar y Yagán, cuyos etnónimos comúnmente empleados en la literatura son Alacalufes y Yámanas (Piana, 2009), habitaban en TDF, respectivamente, el Estrecho de Magallanes (Fig.1) y desde la costa norte del Canal del Beagle hasta el Cabo de Hornos (Fig.1; Saletta, 2014). Los etnónimos asignados a las poblaciones originarias fueguinas han cambiado a lo largo del tiempo y los términos empleados, los cuales generalmente no reflejan la autoadcripción, varían según la bibliografía consultada. Cabe destacar que según el último relevamiento territorial (INAI, 2022), actualmente la provincia de TDF posee dos comunidades originarias reconocidas por el Estado nacional, la comunidad originaria Yagán *Paiakoala* de Ushuaia (USH), perteneciente al pueblo autoadscripto Yagán y la comunidad Rafaela Ishton de Río Grande (RG) perteneciente al pueblo autoadscripto Selk'nam-Haush.

Desde el descubrimiento europeo del Estrecho de Magallanes, en el año 1520, y durante más de 300 años se llevaron a cabo numerosas expediciones en TDF, pero el establecimiento definitivo de los primeros pobladores foráneos recién ocurrirá a mediados del siglo XIX (van Aert, 2013). En el año 1869 se establece sobre territorio Yagán, en la costa norte del Canal del Beagle, la misión anglicana dirigida por el reverendo inglés Thomas Bridges, dando comienzo a la colonización europea en la región sur de la Isla Grande (Bridges, 2000). En el año 1881 se firma el Tratado de Límites entre Chile y Argentina. En el año 1884 la presencia estatal se inicia con el establecimiento de una subprefectura en la costa del Canal de Beagle (van Aert, 2013), suceso que dará fundación oficial a la ciudad de USH (Fig.1), actual capital de la provincia. Según el análisis censal del año 1895 realizado por van Aert (2013), la población de USH alcanzaba tan solo 315 habitantes. Cabe destacar que en el censo del año 1895 no se consideró a la población originaria en el conteo censal, solo se hace mención de una cifra aproximada de "30.000 indios" como parte de la población originaria en todo el territorio nacional (Nacach, 2013). Para fomentar el

crecimiento poblacional, en el año 1904 se establece el penal denominado “Cárcel del fin del mundo” que fue el primer impulso de crecimiento demográfico en esta localidad (Horlent, 2018).

En el norte de la Isla Grande el proceso de colonización tuvo sus inicios en la búsqueda de oro y en la actividad pastoril. La “fiebre del oro” se desarrolló en el tercer cuarto del siglo XIX y fue uno de los primeros hitos en la colonización de TDF. Sin embargo, esta actividad económica no fue rentable debido a la escasez del metal, llegando a su fin al poco tiempo (Orfali Fabre y Vallega, 2001). Con el propósito de colonizar rápidamente el territorio luego de la firma del tratado de límites en 1881, el estado argentino realiza grandes concesiones fundiarias para el desarrollo de la actividad ganadera ovina en TDF (Bandieri, 2005). Esta etapa del proceso de colonización se caracteriza por la extrema violencia que desplegaron los colonizadores hacia la población originaria. Ante esta situación en el año 1893 se establece en la desembocadura del Río Grande, la misión salesiana “Nuestra Señora de la Candelaria” con el objetivo de resguardar y auxiliar a las comunidades originarias. Pero al igual que lo ocurrido en la misión anglicana, el cambio cultural y el contacto con las enfermedades occidentales causan la muerte de gran parte de la población originaria (Rodríguez y Horlent, 2016).

La actual ciudad de RG, ubicada en la costa noreste de la Isla Grande (Fig.1), fue oficialmente fundada en el año 1921 como colonia agrícola-pastoril. En su comienzo fue un pequeño poblado establecido alrededor de la Misión Salesiana que fue creciendo por la llegada de los buscadores de oro y por el establecimiento de las estancias ganaderas (Orfali Fabre y Vallega, 2001). En el año 1916 se establece el servicio de correo y se instala un frigorífico; en el año 1922 se crean dos escuelas y el hospital y de esta forma comienza a desarrollarse la incipiente población. El segundo hito en el crecimiento poblacional y la razón por la cual RG se convierte en la capital económica de la Isla, es el establecimiento del puerto y de la aduana (Orfali Fabre y Vallega, 2001). El trazado de la ruta nacional N°3 en el año 1924, el paso definitivo entre USH y RG inaugurado en el año 1949, y el transporte terrestre y aéreo de pasajeros inaugurado en el año 1935, fueron algunos de los factores que permitieron relativamente eliminar el aislamiento geográfico, principal obstáculo en el poblamiento efectivo de TDF (Orfali Fabre y Vallega, 2001).

Hasta la década de 1970 los flujos migratorios hacia TDF provenían principalmente desde Chile. Para el año 1970 la población fueguina rondaba los 13.527 habitantes de los cuales casi el 39% eran migrantes chilenos (Horlent, 2018). Ese mismo año, se sanciona un régimen de promoción económica, impositiva y arancelaria para TDF (ley 19.640), que impulsó la radicación de industrias manufactureras (fábricas de equipos electrónicos, plantas textiles y de la industria plástica y química, entre otras), principalmente en la ciudad de RG, y generó una demanda de mano de obra excedente a la oferta existente (Mastrocello, 2008). A raíz de las oportunidades laborales y de los beneficios económicos en TDF, a partir de la década de 1980 inicia una etapa de “explosión demográfica” con la llegada de miles de migrantes desde otras provincias argentinas. Entre los años 1970 y 1991 la población fueguina paso de 13.527 a 69.369 habitantes, de los cuales el 55,8% eran migrantes internos, el 15,3% extranjeros y el 28,9% tenían un origen local (Hermida *et al.*, 2013). En el año 2001 la población de la Isla Grande de TDF ascendió a 100.916 habitantes y en el año 2010 población fue censada en 126.998 habitantes, concentrados mayormente en la ciudad de RG (70.042 habitantes) (Censo 2010; INDEC). Treinta años después de la implementación del régimen de promoción industrial, la proporción de migrantes internos en el año 2010 representó el 61,8% de la población total de TDF, provenientes principalmente desde la región Patagónica (38,8%) y de la región

Pampeana o Centro (24,4%). La proporción de extranjeros en el año 2010 representó solo el 8,6% de la población, cuyo origen geográfico principal sigue siendo Chile (5,8%) y en menor medida Bolivia (1,2%) (Censo 2010; INDEC). Cabe destacar que, con la implementación de la categoría de adscripción como descendiente o perteneciente a un pueblo originario o indígena en el Censo Nacional del año 2010, el 2,8% de la población total de la provincia de TDF se reconoció perteneciente a una comunidad originaria (INDEC, 2015). De estos, el 8,2% se autorreconoció como perteneciente al pueblo Selk'nam, el cual figura bajo el etnónimo "Ona" en el cuestionario censal, mientras que la mayoría de los individuos se autorreconoció como perteneciente a pueblos originarios extra-fueguinos como Mapuche, Diaguita-Calchaquí y Kolla, entre otros (INDEC, 2015).

Para el año 2001 la industria manufacturera dejó de ser la principal fuente de trabajo en TDF, dando paso a la actividad comercial y actividades orientadas principalmente a la atención del turismo observándose una distribución geográfica diferencial de la fuerza de trabajo (Mastrocello, 2008). Hacia ese año, el 75% de la mano de obra fabril de TDF se encontraba radicada en RG, mientras que en USH, residía la gran mayoría de los empleados públicos y del personal de hotelería, de la rama de transporte y comunicaciones (Mastrocello, 2008).

Una combinación de gran extensión territorial, diversidad de poblaciones originarias y asentamiento diferencial de migrantes limítrofes y ultramarinos hacen de Argentina un mosaico de regiones con historias de poblamiento inicial, mestizaje y crecimiento demográfico muy dispares (Avena *et al.*, 2012; Parolin *et al.*, 2019).

Los estudios genéticos de linajes de transmisión exclusivamente materna (ADN mitocondrial) y/o paterna (cromosoma Y), con su capacidad de evidenciar el origen ancestral continental e inclusive regional, nos permiten comprender la diversidad genética y los procesos migratorios que llevaron al poblamiento y composición biológica actual de Argentina. Los trabajos realizados hasta el momento, han revelado una heterogeneidad en aportes locales y alóctonos según sexo para diferentes poblaciones del país. La mortalidad diferencial para hombres originarios durante la conquista y la colonia, combinada con el mestizaje sexo-asimétrico, principalmente entre varones europeos y/o mestizos con las mujeres originarias, llevó al reemplazo significativo de linajes paternos autóctonos por alóctonos, situación que se ha observado sistemáticamente en todos los países latinoamericanos (Alonso Morales *et al.*, 2018; Simão *et al.*, 2021; Toscanini *et al.*, 2016; entre otros). En Argentina, además, este reemplazo se vio reforzado por las migraciones masivas europeas que comenzaron en el último tercio del siglo XIX, intensificándose en el siglo XX, arribando principalmente hombres que se distribuyeron de forma desigual por el territorio (Devoto, 2004). La evidencia disponible indica que, en las poblaciones cosmopolitas argentinas, con la notable excepción de las salteñas y jujeñas, los linajes paternos de origen americano tienen una frecuencia rara vez mayor al 10% (Bailliet *et al.*, 2011; Corach *et al.*, 2010; García *et al.*, 2018; Sala *et al.*, 2022; entre otros). En cambio, los estudios de linajes maternos en poblaciones urbanas argentinas han revelado un elevado aporte de linajes maternos americanos en las regiones del Noroeste (NOA) (Cardoso *et al.*, 2013; Di Fabio Rocca *et al.*, 2016; Dipierri *et al.*, 1998; Garita-Onandía *et al.*, 2021; Motti *et al.*, 2013; Pauro *et al.*, 2013), Noreste (NEA) (Badano *et al.*, 2018; Bobillo *et al.*, 2010) y en la Patagonia argentina (Avena *et al.*, 2009, 2010; Parolín *et al.*, 2013, 2016; Tamburrini *et al.*, 2021), mientras que en las poblaciones de la región Centro del país se registra un paisaje heterogéneo, con casos de frecuencias similares para linajes americanos o alóctonos, o bien con prevalencia de uno de ellos sobre el otro (Bobillo *et al.*, 2010; Castagnola *et al.*, 2019; Catelli *et al.*, 2011; Cerliani *et al.*, 2021; García *et al.*, 2018; Martínez-Marignac *et al.*, 1999; Salas *et al.*, 2008).

En un trabajo reciente, nuestro equipo de trabajo ha realizado la tipificación de 23 marcadores Y-STR y 52 Y-SNPs en 196 muestras masculinas de TDF. El estudio de los marcadores de herencia paterna evidenció una elevada contribución de Haplogrupos (Hg) de origen euroasiático (94,4%) y un significativo menor aporte de linajes paternos de origen americano (5,1%) y africano (0,5%). Los resultados observados se correlacionan con los análisis migracionales de TDF ya que el 76% de los individuos analizados presentan al menos un ancestro paterno nacido en países fuera de América (Rodrigues *et al.*, 2022).

Continuando con el estudio genético poblacional que busca conocer la composición y origen ancestral más probable de los linajes uniparentales en TDF, en este trabajo se presentan los primeros avances en la identificación de los Hg maternos en las localidades de RG y USH, determinados por las técnicas de PCR-APLP y secuenciación directa de la región HV1 del ADN mitocondrial (ADNmt).

MATERIALES Y MÉTODOS

Muestras biológicas y consideraciones éticas

De la totalidad de muestras biológicas recolectadas en la provincia de TDF (N = 518), en este trabajo, se analizó una sub-muestra aleatoria de 333 participantes voluntarios no emparentados que asistieron a los servicios de hemoterapia del Hospital Regional y de la clínica privada CEMEP de RG (N = 140) y del Hospital Regional y clínica privada San Jorge de USH (N = 193). Los participantes fueron informados acerca del alcance del estudio dejando asentada su conformidad por medio de un consentimiento informado. Adicionalmente, se les realizó una entrevista para obtener información sobre el lugar de nacimiento e información genealógica materna de las tres generaciones precedentes ([Tabla Suplementaria S1](#)).

El trabajo fue aprobado por el Comité de Ética en Investigaciones Biomédicas del Instituto Multidisciplinario de Biología Celular (IMBICE), CCT-Conicet La Plata, (RENISCE000023 Resol/120618), y por los respectivos Comités de Docencia e Investigación del Hospital Regional de Río Grande (CDI Resol/260218) y del Hospital Regional de Ushuaia (CDI Resol/270418). Las muestras biológicas fueron codificadas según la Ley Nacional 25.326 de Protección de Datos Personales.

Extracción de ADN

Se recolectaron 5 ml de sangre entera por donante en tubos vacutainer con anticoagulante EDTA (*Ethylene Diamine Tetra Acetic Acid*) o cuatro hisopados bucales. La extracción del ADN se realizó con el método de fenol-cloroformo (Sambrook *et al.*, 1989) a partir de 200 µl de sangre o a partir de un fragmento de hisopado bucal. Las extracciones de ADN fueron cuantificadas mediante corrida electroforética en geles de agarosa al 1% teñidos con GelRed 0,5x y visualizados con luz ultravioleta.

Tipificación de los haplogrupos del ADN mitocondrial

Los Hg mitocondriales fueron determinados mediante dos técnicas diferentes y complementarias. En primer lugar, se realizó un tamizaje para conocer la estructura poblacional general de TDF sobre 146 muestras tomadas al azar (53 de RG y 93 de USH) siendo tipificadas por el método de PCR-APLP (*Polymerase Chain Reaction- Product Length Poly-*

morphism) diseñada por Umetsu *et al.*, (2005) y posteriormente adaptada por Motti *et al.*, (2009) para el contexto de poblaciones americanas. Las muestras asignadas a los Hg A, B, C y D fueron consideradas como originarias de América, las asignables al Hg N (xA,B) fueron interpretadas como probablemente provenientes de Europa y/o Medio Oriente, y las muestras asignables al para-grupo L (xM,N) como provenientes de África sub-sahariana.

Las restantes 187 muestras fueron sometidas a amplificación y secuenciación directa de la región HVI del ADNmt. La amplificación se realizó utilizando los cebadores F15792 y R698, fragmento que luego fue secuenciado empleando F15878 (Rieder *et al.*, 1998) y complementado con el cebador R186 en los casos en que la heteroplasmia en longitud que usualmente acompaña al cambio T16189C tornó ilegible las posiciones posteriores de 16193 (Motti *et al.*, 2013). La secuenciación se realizó en el servicio molecular del IDEAus en un analizador genético ABI Prism 3130 DNA Genetic Analyzer y en el servicio de secuenciación Macrogen (Corea). Para definir las mutaciones en la región HV1 se empleó el rango de lectura 16024-16365.

El análisis de los perfiles de las secuencias y la alineación de los mismos se realizó utilizando los programas *Sequencher* (Sequencher 4.9 vDemo <http://genecodes.com>) y *Sequence Scanner* v 1.0 (<http://appliedbiosystems.com>). Los haplogrupos fueron asignados inicialmente en base a los *outputs* provistos por *Haplogrep 2* (Weissensteiner *et al.*, 2016) y EMPOP (Parson y Dür, 2007), que se basan en la nomenclatura de Phylotree Build 17 (van Oven y Kayser, 2009). En base al conocimiento de las poblaciones locales y las expectativas filogeográficas, los haplotipos asignados con membrecía en B4 fueron interpretados como parte de B2. Las asignaciones a clados americanos más derivados se realizaron teniendo en cuenta las definiciones recientes propuestas por García *et al.*, (2021) y Figueiro *et al.*, (2022).

Análisis estadísticos

Se utilizó el programa ARLEQUIN v3.1 (Excoffier y Lischer, 2010) para la estimación de la frecuencia de Hg, la diversidad genética en términos de estas frecuencias, el análisis molecular de la varianza (AMOVA) y el cálculo de las diferencias genéticas entre los pares poblacionales (*pairwise Fst*), a partir de la frecuencia de Hg de los datos generados por el método de PCR-APLP y secuenciación de la región HVI. Así también empleando el mismo programa, se realizó el test exacto de diferenciación poblacional para determinar si las muestras de RG y USH podían ser analizadas como poblaciones separadas. Para las muestras secuenciadas también se estimó la frecuencia alélica y haplotípica. La matriz de distancias genéticas *pairwise Fst* fue representada en un Mapa de Escalamiento Multi-dimensional de dos dimensiones (MDS) (Kruskal, 1964) utilizando el paquete estadístico Rv3.1.1 FactoMineR (Lê Josse y Husson, 2008). El índice de estrés (IE) se calculó basado en Sturrock y Rocha (2000).

Para aquellas muestras cuya secuencia de la región HVI fue asignada a alguno de los Hg característicos del continente americano (A2, B2, C1, D1 y D4h3a), se construyeron redes de haplotipos mediante el programa Network 5.0.0.1 (www.fluxus-engineering.com/sharenet_rn.htm) (Bandelt *et al.*, 1999) utilizando como opciones de pre-procesamiento la unión media (*median joining*) y la máxima parsimonia (*maximum parsimony*). Asimismo, se excluyeron los sitios más homoplásicos de los Hg (en el Hg B2; 16182C, 16183C, 16311C en el Hg C1; 16183C, 16311C y 16093C y 16311C en el Hg D1) para obtener redes con un menor número de reticulaciones. Se emplearon un total de 780 individuos: 646 individuos procedentes de poblaciones patagónicas actuales y antiguas disponibles en

la bibliografía (Tabla Suplementaria S2) y 134 individuos de TDF pertenecientes a este estudio (Tabla Suplementaria S3). Las muestras pertenecientes al sub-Hg D4h3a fueron excluidas del análisis de redes de haplotipos por su baja representación en la muestra (Tabla Suplementaria S4) y la red del Hg A2 se puede consultar en la Información Suplementaria, Sección S1 y Figura S1. El análisis de diferenciación entre pares de poblaciones (*pairwise*) a partir de la frecuencia de Hg (matriz Fst) se realizó a un nivel más amplio, mediante la comparación con otras 19 poblaciones de Argentina, 8 de Chile, una de Bolivia y dos de Europa (Tabla Suplementaria S5). La selección de estas poblaciones se basó en las principales fuentes migratorias en Argentina y hacia la región Patagónica más tardíamente. Es importante mencionar que, para los análisis de redes de haplotipos y análisis comparativos entre poblaciones a lo largo del desarrollo del texto, nos remitimos a seguir la categorización etnográfica utilizada en los trabajos bibliográficos sobre poblaciones originarias recopilados. La nomenclatura empleada se basa en el lugar de recolección de la muestra entendiendo que muchos de los etnónimos asignados surgen de imposiciones que actualmente se encuentran en discusión (Tamburrini *et al.*, 2021, ver Material suplementario).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Estimación del origen continental de los haplogrupos maternos en TDF

Los resultados del estudio de los Hg maternos totales obtenidos por ambas metodologías complementarias (PCR-APLP y secuenciación directa de la región HV1) evidenciaron una elevada frecuencia de Hg mitocondriales americanos en la provincia de TDF en general (64,9%; N = 333) y en las localidades de RG (75,1%; N = 140) y USH (57,5%; N = 193) en particular (Tabla 1), observándose diferencias significativas en el aporte continental de Hg maternos entre estas poblaciones ($p = 0,007$). En ambas localidades los Hg americanos más frecuentes son el Hg C, D y B (Tabla 1).

Asimismo, entre en las muestras cuyo Hg materno fue determinado mediante secuenciación directa de la región HV1 (N = 187), se evidenció la presencia de los sub-Hg B2i2a1, C1b13, D1g, y D4h3a (Tabla Suplementaria S4), linajes característicos de la región patagónica hallados frecuentemente en poblaciones originarias actuales de la Patagonia argentina y chilena (Bodner *et al.*, 2012; de Saint Pierre *et al.*, 2012). Es interesante mencionar que de los cuatro individuos asignados al sub-Hg D4h3a, uno de ellos pertenece

TABLA 1. Frecuencias (%) de los haplogrupos (Hg) mitocondriales obtenidos mediante PCR-APLP y secuenciación directa de la región HV1 del ADN mitocondrial, a nivel provincial: Tierra del Fuego (TDF) y por localidad: Río Grande (RG) y Ushuaia (USH). Los subhaplogrupos obtenidos a escala continental se detallan en la Tabla Suplementaria S4

Hg ADNmt	TDF		RG		USH	
	N	Frecuencias (%)	N	Frecuencias (%)	N	Frecuencias (%)
americanos						
A	31	9,4	11	7,9	20	10,4
B	57	17,2	29	20,7	28	14,5
C	66	19,8	33	23,6	33	17,1
D	62	18,6	32	22,9	30	15,5
Total	216	64,9	105	75,1	111	57,5
euroasiáticos	111	33,3	33	23,5	78	40,4
subsaharianos	6	1,8	2	1,4	4	2,1
Total	333	100	140	100	193	100

al linaje propio del sur patagónico D4h3a5 (Tabla Suplementaria S4). De los Hg de origen euroasiático, determinados por secuenciación de HV1, el Hg H resulto el más frecuente en TDF (Tabla Suplementaria S4) y el más común en Europa (Achilli *et al.*, 2004; Loogväli *et al.*, 2004; Roostalu *et al.*, 2006). Así también, en el set de muestras analizadas por secuenciación directa de la región HVI, se observó la presencia de Hg sub-saharianos en seis individuos de TDF, las cuales fueron asignadas a los Hg L2, L2d, y L3 (Tabla Suplementaria S4). Los Hg L2 y L2d son linajes frecuentes en el oeste y centro occidental de África, mientras que el Hg L3 es un linaje frecuente del este de África (Harich *et al.*, 2010; Rosa *et al.*, 2011). Para conocer el origen geográfico más probable de estos linajes, la información genética fue contrastada con la información genealógica materna (ver Información Suplementaria, Sección S2). El valor de diversidad haplotípica observada tras el análisis de la región HVI de las muestras de TDF fue de $1,0000 \pm 0,006$, valor elevado y similar al reportado en poblaciones antiguas originarias de Norpatagonia, costa de Santa Cruz, Lago Salitroso, Yagán y Kawesqar (Arencibia *et al.*, 2019), mientras que el valor de la diversidad nucleotídica de TDF ($0,0206 \pm 0,010$) se encuentra por encima de lo reportado para estas mismas poblaciones (Arencibia *et al.*, 2019).

Haplogrupos maternos en TDF y Patagonia central

El aporte de total de Hg maternos obtenidos por ambas técnicas (PCR-APLP y secuenciación de la región HV1), demuestran una elevada frecuencia de linajes mitocondriales americanos tanto a nivel provincial (TDF: 64,9%) como local (RG: 75,1%, USH: 57,5%). La prevalencia de Hg mitocondriales americanos también ha sido reportada en otras poblaciones cosmopolitas de la región patagónica (Avena *et al.*, 2009, 2010; Parolin *et al.*, 2013, 2016; Tamburrini *et al.*, 2021). Se han informado marcadas frecuencias americanas en las localidades cordilleranas de San Carlos de Bariloche (SCB) y Esquel (ESQ), así como en la localidad costera de Comodoro Rivadavia (CR), y disminuyen con valores intermedios en las localidades costeras de Puerto Madryn (PM) y Trelew (TW) (Fig.2). En estas poblaciones los Hg americanos más frecuentes son el Hg C, el Hg D y el Hg B en proporciones diferentes según localidad (Tabla Suplementaria S6). Estas frecuencias se relacionan con

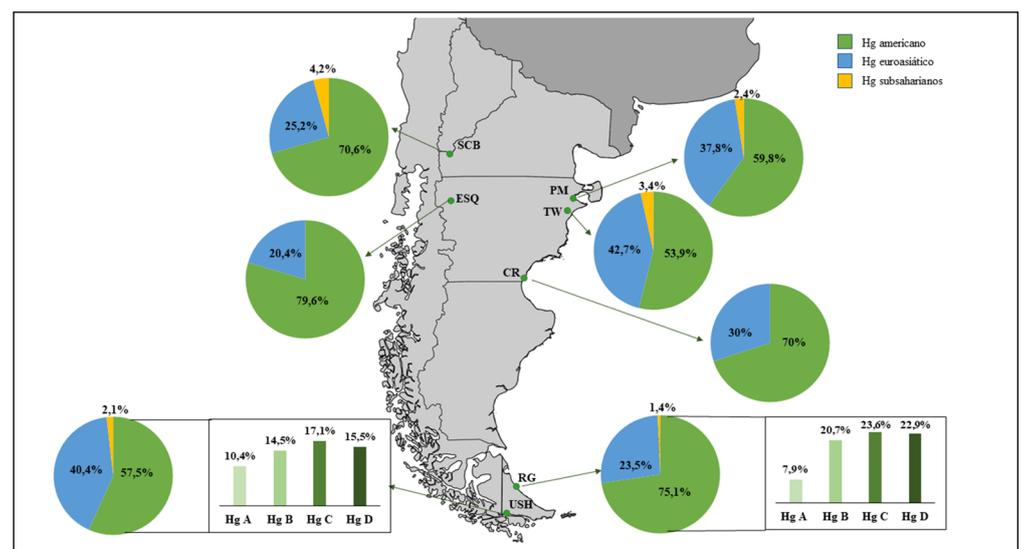


FIGURA 2. Distribución de haplogrupos (Hg) maternos en poblaciones de la Patagonia argentina. Hg: frecuencia absoluta de haplogrupos maternos. SCB: San Carlos de Bariloche (Parolin *et al.*, 2016), ESQ: Esquel (Avena *et al.*, 2010); PM: Puerto Madryn (Parolin *et al.*, 2013); TW: Trelew (Tamburrini *et al.*, 2021); CR: Comodoro Rivadavia (Avena *et al.*, 2009); RG: Río Grande (N = 140, este trabajo); USH: Ushuaia (N = 193, este trabajo).

el origen geográfico de los ancestros maternos de los participantes (Avena *et al.*, 2009, 2010; Parolin *et al.*, 2013, 2016; Tamburrini *et al.*, 2021), al igual que lo observado en RG y USH como se amplía en la sección de genealogía y en la [Información Suplementaria, Sección S2](#).

Así también, estudios realizados en poblaciones originarias actuales y antiguas de la Patagonia argentina y chilena han reportado una mayor contribución de los Hg C y D (Arencibia *et al.*, 2019, 2022; Balentine *et al.*, 2022; Crespo *et al.*, 2020; de la Fuente *et al.*, 2015; de Saint Pierre *et al.*, 2012; Lalueza *et al.*, 1997; Moraga *et al.*, 2023; Moreno-Mayar *et al.*, 2018; Motti *et al.*, 2020; Nakatsuka *et al.*, 2020; Raghavan *et al.*, 2015). En Pehuenches y Mapuches se ha reportado una elevada frecuencia del sub-Hg C1b13 (28,6% y 26,3% respectivamente) y del Hg C1b en las poblaciones fueguinas Yagán (38,1%) y Kawesqar (23%). Ambos linajes se encuentran presentes, pero en menor medida, en las poblaciones Huilliche, Tehuelche y Mapuche (de Saint Pierre *et al.*, 2012). En lo que refiere al linaje D, el sub-Hg D1g es uno de los más frecuentemente reportado en las poblaciones originarias de Patagonia. En el estudio de Saint Pierre *et al.* (2012), este Hg alcanza del 38,1% en la muestra Pehuenche y porcentajes que van desde los 37,9% hasta 23,5% en muestras poblacionales modernas de Huilliches, Yagán, Tehuelche y Mapuche.

Respecto a la presencia de estos Hg en poblaciones antiguas, los clados C1b, D1g y D4h3a son hallados frecuentemente en individuos antiguos de Santa Cruz y TDF (Arencibia *et al.*, 2019, 2022; Balentine *et al.*, 2022; Crespo *et al.*, 2020; de la Fuente *et al.*, 2015; Moreno-Mayar *et al.*, 2018; Motti *et al.*, 2020; Nakatsuka *et al.*, 2020; Raghavan *et al.*, 2015). El sub-Hg C1b13 al momento solo ha sido reportado en dos individuos de la costa norte de Santa Cruz (Arencibia *et al.*, 2022), en un individuo Selk`nam de la Misión Salesiana de RG (Motti *et al.*, 2020) y en un individuo antiguo del Archipiélago de los Chonos, Chile (Moraga *et al.*, 2023). Es necesario ampliar los estudios de ADN antiguo y aumentar el poder de resolución de análisis a nivel genómico tanto para poblaciones del pasado como del presente.

Red de haplotipos C1

La red de haplotipos obtenida para el Hg C1 fue construida a partir de 291 individuos ([Tablas Suplementarias S2 y S3](#)) y presenta una distribución en forma de estrella lo que sugeriría una expansión poblacional reciente (de Saint Pierre *et al.*, 2012; [Fig. 3](#)). El nodo central del Hg C1 se define por las mutaciones nodales 16223T-16298C-16325C-16327T (Tamm *et al.*, 2007) agrupando 129 individuos (Nodo 1; [Fig. 3](#)). Desde el nodo C1 se separa por ganancia de 16171G el individuo 158, cuyo ancestro materno es nacido en RG, junto a un individuo antiguo de Santa Cruz y seis individuos de Punta Arenas, Temuco y Trelew (Grupo 1; [Fig. 3](#)). Así también, se separan de la secuencia nodal para C1, el individuo 36, por ganancia de 16189C junto a un individuo de Temuco y un individuo Mapuche (Grupo 2; [Fig. 3](#)), y los individuos 43 y 542 por ganancia de la variante 16093C+16192T junto a dos individuos de Trelew (Grupo 3; [Fig. 3](#)). Los ancestros maternos de estos individuos de TDF son nacidos en la región Centro y NOA ([Tabla Suplementaria S1](#)).

El individuo 83 se separa de la secuencia nodal para C1 junto a un individuo antiguo Yagán, por ganancia de 16291T +16319A (Grupo 4; [Fig. 3](#)), el individuo 308 se agrupa junto a dos individuos Mapuches por ganancia de 16297C (Grupo 5; [Fig. 3](#)) y el individuo 112 comparte la mutación 16172C con un individuo Mapuche y un individuo de Río Negro (Grupo 6; [Fig. 3](#)). El haplotipo 396 se separa del nodo central por la mutación 16294T. Comparte su perfil con un individuo de Trelew y dos individuos de Temuco (Grupo 7;

Fig. 3). El origen geográfico de los ancestros maternos de los mencionados individuos de TDF es Chile (Tabla Suplementaria S1).

Cabe destacar que los individuos 19, 35, 37, 110, 108, 126 y 248 se separan del nodo C1 por ganancia de 16343G, junto a un individuo Yámana y 13 individuos de Punta Arenas

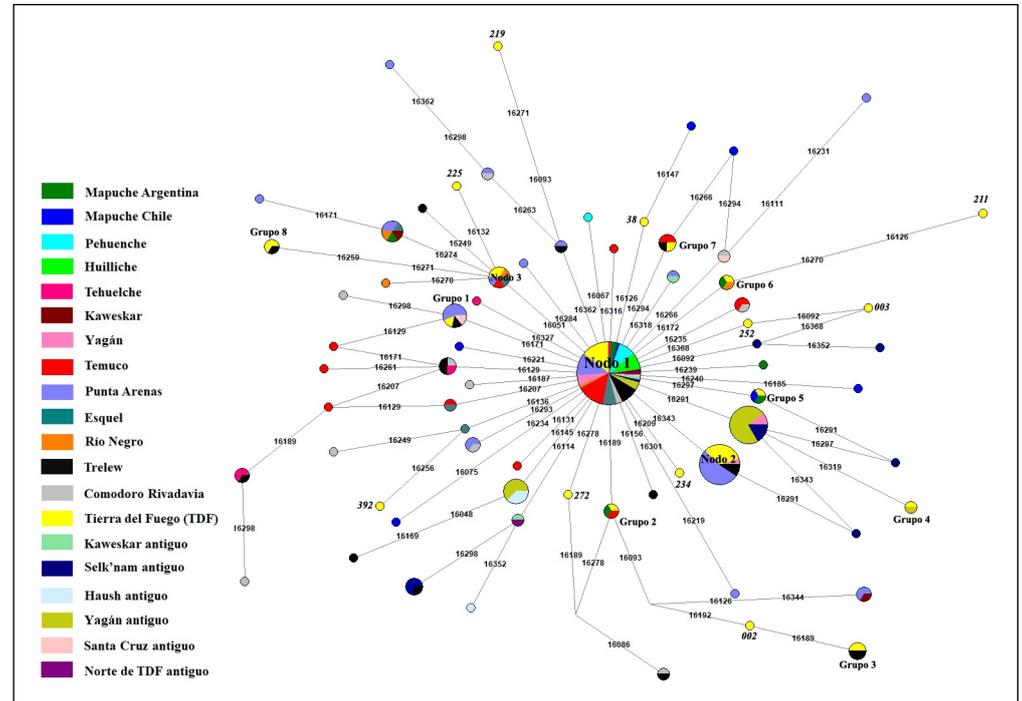


FIGURA 3. Red de haplotipos C1. Nodo 1: Hg C1 (N = 129). Nodo 2: sub-Hg C1b13 (N = 21). Nodo 3: Hg C1 +16051G (N = 6). Grupo 1: N = 8; Grupo 2: N = 3; Grupo 3: N = 4; Grupo 4: N = 2; Grupo 5: N = 3; Grupo 6: N = 3; Grupo 7: N = 4; Grupo 8: N = 3. La categorización etnológica adoptada para las poblaciones usadas en este análisis, fue la misma que se empleó en los respectivos trabajos de donde fueron tomadas las muestras (Tabla Suplementaria S2).

y Trelew (Nodo 2; Fig. 3). La secuencia HV1 de estos individuos es también idéntica a la del individuo chileno JX413056, cuyo mitogenoma es asignable a C1b13. Por esta razón, estos individuos fueron asignados como C1b13, a pesar de que la mutación característica de este linaje, 258T en la región HV2 (de Saint Pierre *et al.*, 2012), no ha podido ser detectada en el rango de secuenciación analizado. Los siete individuos mencionados de TDF declararon un origen chileno para el ancestro materno (Tabla Suplementaria S1).

Los individuos 244 y 508 se separan del nodo C1 por ganancia de 16051G, junto a cuatro individuos de Río Negro, Punta Arenas, Temuco y Esquel (Nodo 3; Fig. 3). Aunque la presencia de la variante 16051G, usualmente acompañada de 194T (Perego *et al.*, 2010), define membresía en el sub-Hg C1d, vale la pena tener en cuenta la precaución señalada por Bravi *et al.*, (2022), quienes advierten que 16051G es recurrente dentro de C1 y ha sido descrita tanto en mitogenomas C1b como C1c. Esto es particularmente relevante cuando, como en este trabajo, se analizan secuencias de origen patagónico limitadas a las posiciones 16024-16365: el sub-Hg C1b13d, de origen patagónico, se halla precisamente definido por la presencia de 16051G. Por lo tanto, la mera presencia de 16051G en secuencias HV1 no puede ser empleada para inferir su pertenencia a C1d. Distinto es el caso de los individuos 081 y 464, fácilmente reconocibles como parte del sub-Hg C1d1b2, el cual se define por las variantes 16259G y 16271C de amplia distribución en la región Centro, NOA y NEA, quienes se agrupan junto a un individuo de Trelew (Grupo 8; Fig. 3).

De los 47 haplotipos de TDF pertenecientes al Hg C1, diez son haplotipos únicos; de estos, un haplotipo pertenece a un individuo cuya abuela es nacida en Chile (Tabla Su-

plementaria S1). Los ancestros maternos de los demás individuos de TDF son nacidos en la región Centro, Cuyo y NEA (Tabla Suplementaria S1).

Red de haplotipos D1

La red de haplotipos del Hg D1 fue obtenida a partir de 255 individuos (Tablas Suplementarias S2 y S3) y presenta una distribución más compleja que lo obtenido para el Hg C1, lo que ha sido observado en otros trabajos de poblaciones cosmopolitas y originarias actuales (de Saint Pierre *et al.*, 2012; Tamburrini *et al.*, 2021). El nodo del Hg D1 se define por las mutaciones 16223T-16325C-16362C (Bandelt *et al.*, 2003) y agrupa a 21 individuos (Nodo 1; Fig. 4). Los haplotipos 005, 024, 031, 072, 090, 217 y 373 se ramifican desde el nodo D1 junto individuos de Comodoro Rivadavia y Mapuche, por la ganancia de 16242T (Grupo 1; Fig. 4), lo que sugiere membresía en D1j, el haplogrupo originario más frecuente en la región Centro. El origen geográfico de los ancestros maternos de estos individuos de TDF son localidades de la región Centro, Cuyo y NOA (Tabla Suplementaria S1).

Los individuos 011, 018, 49, 155, 171, 342, 354 y 401 se separan de la secuencia nodal por la presencia de 16187T, diagnóstica de D1g (Bodner *et al.*, 2012), junto a 67 individuos

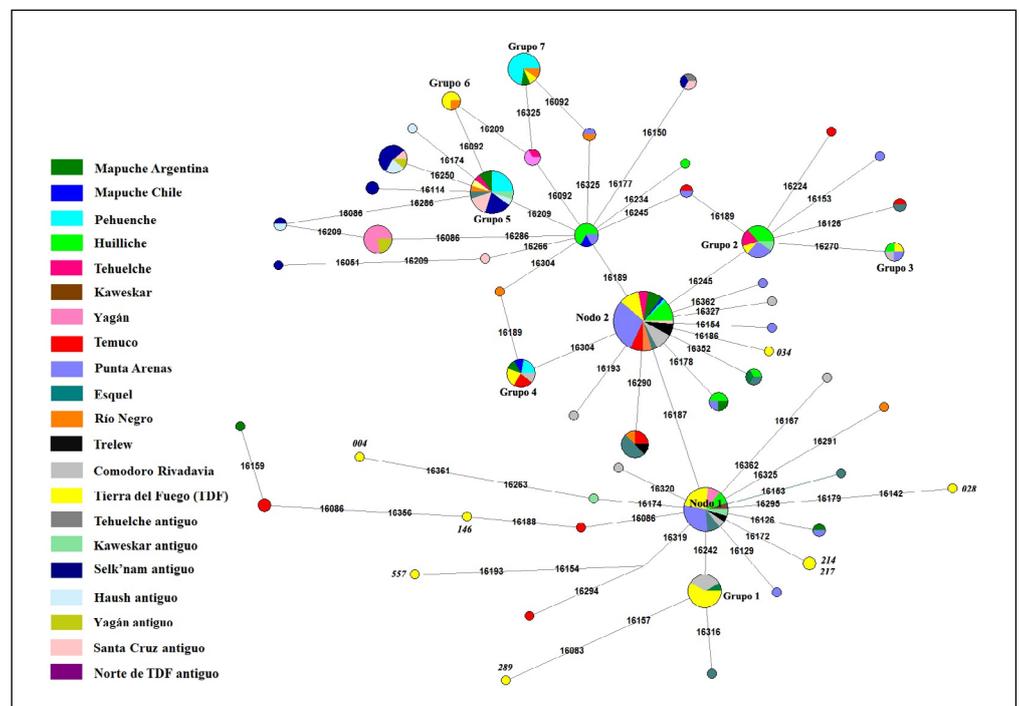


FIGURA 4. Red de haplotipos D1. Nodo 1: Hg D1 (N = 21). Nodo 2: sub- Hg D1g (N = 75). Grupo 1: N = 12; Grupo 2: N = 11; Grupo 3: N = 4; Grupo 4: N = 9; Grupo 5: N = 20; Grupo 6: N = 4; Grupo 7: N = 11. La categorización etnológica adoptada para las poblaciones usadas en este análisis, fue la misma que se empleó en los respectivos trabajos de donde fueron tomadas las muestras (Tabla Suplementaria S2).

cosmopolitas y originarios de Argentina y Chile (Nodo 2; Fig. 4). Los ancestros maternos de estos individuos de TDF son nacidos en la región Centro, Cuyo, TDF y Chile (Tabla Suplementaria S1). Desde el nodo D1g el individuo 500, por ganancia de 16245T, se separa junto a individuos de Punta Arenas, Huilliches, Tehuelche y un individuo antiguo Kaweskar (Grupo 2; Fig. 4), mientras que el individuo 039 se agrupa por ganancia de 16245T + 16270T junto a tres individuos de Comodoro Rivadavia, Punta Arenas y Huilliche (Grupo 3; Fig. 4). Ambos participantes de TDF declararon un origen chileno para sus ancestros maternos (Tabla Suplementaria S1). Los individuos 141 y 494, cuyo origen geográfico mater-

no es Chubut, se separan de la secuencia nodal para D1g por la variante de 16304C junto a tres individuos cosmopolitas y cuatro haplotipos de origen Mapuche y Pehuenche (Grupo 4; Fig. 4). El individuo 079 se agrupa por ganancia de 16189C+16209C junto a diez haplotipos cosmopolitas y originarios de Argentina y Chile y nueve individuos antiguos (Grupo 5; Fig. 4), mientras que 369, 416 y 499 (TDF) se agrupan junto a un individuo de Río Negro por ganancia de 16189C+16092C+16209C (Grupo 6; Fig. 4). Los cuatro individuos mencionados de TDF fueron asignados al sub-Hg D1g5 (García *et al.*, 2021) y el lugar de nacimiento de sus ancestros maternos son localidades del Centro y Patagonia (Tabla Suplementaria S1). Así también el individuo 054, cuyo ancestro materno es nacido en Chile, se agrupa junto a diez individuos de Río Negro, Pehuenche y Mapuche, por ganancia de 16189C+ 16092C (Grupo 7; Fig. 4).

Red de Haplotipos B2

La red de haplotipos para el Hg B2 fue construida a partir de 182 individuos (Tablas Suplementarias S2 y S3) y presenta una distribución en forma de estrella (Fig. 5). El nodo central del Hg B2 agrupa a 55 individuos quienes comparten las mutaciones nodales 16183C, 16189C y 16217C (de Saint Pierre *et al.*, 2012) (Nodo 1; Fig. 5). Los individuos 047 y 122 se separan de la secuencia nodal para B2 por ganancia de 16178C, junto a un individuo de Comodoro Rivadavia y un individuo de Trelew (Grupo 1; Fig. 5). Así también desde el nodo 1 se separan el haplotipo 013, por la variante de 16142T junto a dos individuos Mapuche (Grupo 2; Fig. 5), los individuos 318 y 353, junto a un individuo de Punta Arenas, por ganancia de 16350G (Grupo 3; Fig. 5) y el participante 513, por ganancia de 16316G quien también comparte haplotipo con un individuo de Punta Arenas (Grupo 4; Fig. 5). Los individuos 047, 013, 318 y 353 declararon un origen materno chileno, mientras que los ancestros maternos de los individuos 122 y 513 son nacidos en la región Centro y Paraguay, respectivamente (Tabla Suplementaria S1).

El individuo 006, cuyo ancestro materno es nacido en Chubut, junto a un individuo de Esquel, dos individuos Pehuenches y un haplotipo Mapuche se separan de la secuencia

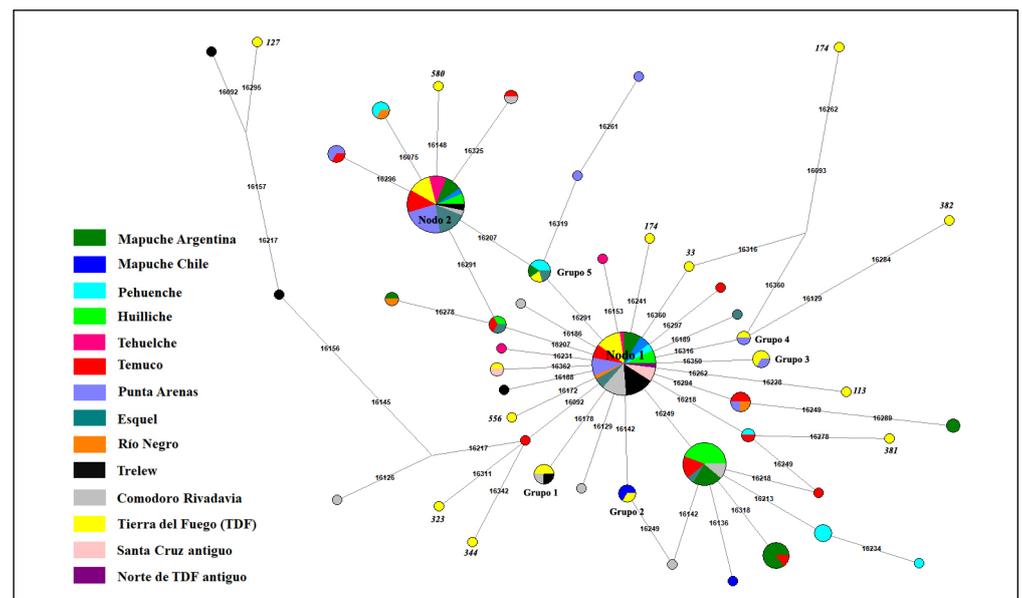


FIGURA 5. Red de haplotipos B2. Nodo 1: Hg B2 (N = 55); Nodo 2; sub-Hg B2i2a1 (N = 31). Grupo 1: N = 4; Grupo 2: N = 3; Grupo 3: N = 3; Grupo 4: N = 2; Grupo 5: N = 5. La categorización étnológica adoptada para las poblaciones usadas en este análisis, fue la misma que se empleó en los respectivos trabajos de donde fueron tomadas las muestras (Tabla Suplementaria S2).

nodal para B2, por ganancia de 16291T (Grupo 5; Fig. 5). Cabe destacar que 28 individuos cosmopolitas y originarios y los individuos 102, 143 y 153 (TDF), todos de origen materno chileno, se separan de la secuencia nodal para B2 por ganancia de 16207G+16291T, variantes diagnosticas del sub-Hg B2i2a1, característico de las poblaciones originarias de Patagonia (Nodo 2; Fig. 5).

De los 30 haplotipos asignados al Hg B2, 11 no son compartidos con otras poblaciones. Si bien al momento el Hg B2 se encuentra ausente en las poblaciones originarias actuales del extremo sur de la Patagonia (Kawesqar y Yagán), el mismo ha sido encontrado en baja frecuencia en muestras antiguas patagónicas (Arencibia *et al.*, 2019, Balentine *et al.*, 2022; Moreno-Mayar *et al.*, 2018). Al analizar los orígenes maternos de estos individuos se observa que la mayoría proviene de la región Centro y del NOA (Tabla Suplementaria S1) y solo el individuo 580, asignado al sub-Hg B2i2a1, tiene un ancestro materno patagónico (Tabla Suplementaria S1). Esto muestra que la diversidad de este linaje en TDF proviene principalmente de los eventos migratorios.

Genealogía materna

A partir de la información obtenida de las encuestas realizadas a los participantes, se pudo constatar que en TDF el origen geográfico más frecuente de los donantes, madres y abuelas es la región Centro de Argentina (Información Suplementaria, Sección S2). A nivel local, USH es la población con mayor proporción de donantes y ancestros maternos nacidos en el centro del país (Información Suplementaria, Sección S2). Como se detalla en la introducción, desde la implementación del régimen de promoción industrial en la década de 1970, comienzan a llegar a TDF miles de migrantes internos provenientes desde todas las regiones de Argentina, pero, según el Censo nacional del año 2010, el segundo lugar de nacimiento más frecuente entre los pobladores de TDF fue la región Pampeana (Hermida *et al.*, 2013) que a los efectos censales comprende las provincias de Buenos Aires, Santa Fe, Córdoba, Entre Ríos y La Pampa (INDEC, 2010).

Desde el comienzo del proceso de colonización de TDF y hasta la actualidad, Chile es el principal aportante de inmigrantes extranjeros, dada la cercanía geográfica (van Aert, 2013). Hasta mediados de la década de 1970, el crecimiento poblacional fueguino fue impulsado por la llegada de migrantes chilenos que provenían principalmente desde la región de los Lagos y la región Magallánica (Horlent, 2018). Esto se correlaciona con la elevada frecuencia de ancestros maternos nacidos en Chile en la muestra poblacional estudiada, lo cual también fue observado en los análisis de redes de haplotipos donde varios individuos de TDF se agrupan con individuos de poblaciones actuales y antiguas de Chile (ver análisis de redes de haplotipos). En RG la proporción de madres y abuelas chilenas es mayor respecto de USH (Información Suplementaria, Sección S2), y en concordancia con los datos históricos, el lugar de nacimiento de la mayoría de estos ancestros maternos son localidades de las regiones de los Lagos y de la región de Magallanes (Tabla Suplementaria S1).

Respecto al componente local, la proporción de participantes fueguinos resultó ser mayor en RG (27,9%) respecto de USH (19,2%), sin embargo, el aporte de nacimientos en la isla disminuye en las generaciones precedentes en ambas localidades (Información Suplementaria, Sección S2).

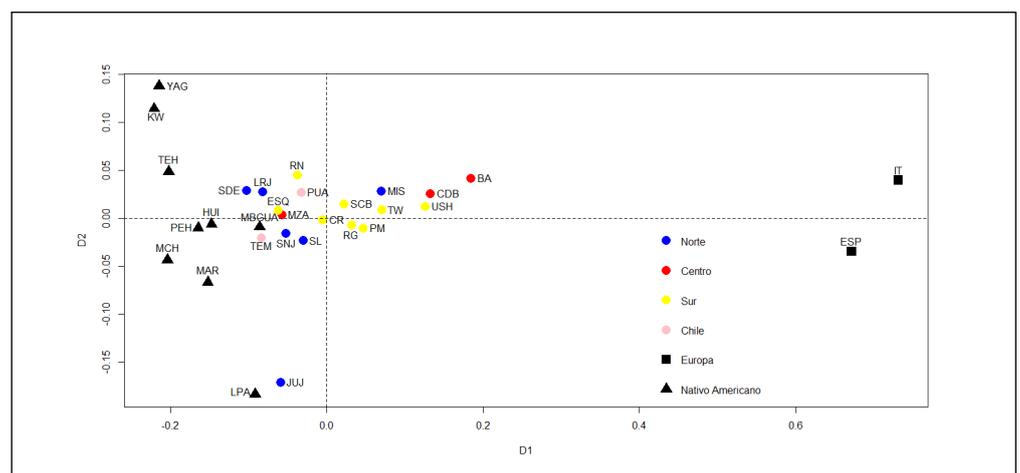
Análisis intra e interpoblacionales

Las distancias genéticas (*Fst pairwise*) fueron estimadas a partir de las frecuencias de los Hg mitocondriales, entre las poblaciones de RG y USH y otras 28 poblaciones nacionales y mundiales seleccionadas de la bibliografía disponible (Tabla Suplementaria S6). Se

obtuvo diferencia significativa entre la población de RG y la mayoría de las poblaciones analizadas ($p < 0,05$; *Tabla Suplementaria S7*) a excepción de las poblaciones patagónicas de Río Negro (RN), SCB, ESQ, CR y PM (*Tabla Suplementaria S7*). La población de USH no mostró diferencia significativa con la población de Misiones (MIS) y Gran Buenos Aires (BA) ni con las poblaciones patagónicas de PM, CR y RN (*Tabla Suplementaria S7*).

Para analizar una posible subestructura poblacional se realizó el análisis de AMOVA empleando la frecuencia de Hg de RG, USH y de 14 poblaciones cosmopolitas de las regiones norte, centro y sur de Argentina siguiendo la división de Tamburrini *et al.*, (2021). El AMOVA demostró que la variación genética poblacional se explicaría en un 93,4% por variación intrapoblacional ($F_{st} = 0,065$; $p < 0,05$), un 5,2% por variaciones dentro de los grupos ($F_{sc} = 0,053$; $p < 0,05$) y en un 1,37% debido a diferencia genéticas entre los grupos poblacionales agrupados arbitrariamente por región geográfica ($F_{ct} = 0,014$; $p = 0,073$). Al igual que lo observado en Tamburrini *et al.*, (2021) y Corach *et al.*, (2010), el p-valor asociado en términos de frecuencia de Hg entre las diferentes regiones de Argentina, sugiere que no hay subestructuración poblacional estadísticamente significativa entre los grupos conformados. No se descarta que, aumentando la resolución de los resultados observados mediante la secuenciación de la Región control del ADNmt, se pueda definir una estructuración poblacional.

Para evaluar diferencias en términos de frecuencias de Hg entre las poblaciones seleccionadas a los fines comparativos, se calculó una matriz de distancia genética entre pares de poblaciones (F_{st} pairwise; *Tabla Suplementaria S7*). Para una mejor visualización de la matriz de distancias genéticas, se realizó un mapa de escalamiento multidimensional (MDS) (*Fig. 6*). La población de RG, cuya frecuencia de Hg americanos resultó la más elevada de TDF (75,1%), se ubica cercana a las poblaciones cosmopolitas patagónicas de CR, PM y SCB. Como se mencionó previamente, en estas localidades la frecuencia de Hg autóctonos es elevada (Avena *et al.*, 2009, 2010; Parolin *et al.*, 2016) (*Tabla Suplementaria S6*). La población de USH se ubica cercana a las poblaciones de CDB, BA, MIS y TW, en la cuales el componente europeo es mayor, y todas ellas tienden a acercarse a las poblaciones europeas (*Fig. 6*). Como se indicó, USH es la población fueguina con mayor



AGRADECIMIENTOS

A todo el personal técnico de los servicios de Hemoterapia del Hospital Regional de Río Grande y Ushuaia y de las clínicas privadas CEMEP de Río Grande y San Jorge de Ushuaia, por su hospitalidad y ayuda durante la campaña de toma de muestras.

FIGURA 6. Mapa de escalamiento multidimensional (MDS) de las distancias genéticas (F_{st} pairwise) obtenidas a partir de la frecuencia de haplogrupos (Hg) mitocondriales. Norte: JUJ = Jujuy, LRJ = La Rioja, SDE = Santiago del Estero, MIS = Misiones, SNJ = San Juan; Centro: CDB = Córdoba, BA = Buenos Aires y MZA = Mendoza; SL = San Luis; Sur: RN = Río Negro, SCB = San Carlos de Bariloche, ESQ = Esquel, PM = Puerto Madryn, TW = Trelew, CR = Comodoro Rivadavia, RG = Río Grande y USH = Ushuaia; Chile: PUA = Puntas Arenas y TEM = Temuco; América: MB-GUA = Mbyá-Guaraní, TEH = Tehuelche, PEH = Pehuenche, HUI = Huilliche, MAR = población Mapuche de Argentina, MCH = población Mapuche de Chile, YAG = Yagán, KW = Kaweskar y LPA = La Paz, Bolivia. Europa: IT = Italia y ESP = España. Valor de estrés: 0,092. Las respectivas referencias de las poblaciones empleadas en el análisis se enlistan en la *Tabla Suplementaria S6*.

proporción de Hg euroasiáticos (40,4%), lo cual se corresponde con una mayor frecuencia de ancestros maternos nacidos en la región central de Argentina y Europa ([Información Suplementaria, Sección S2](#) y [Tabla Suplementaria S8](#)), (Bobillo *et al.*, 2010; Castagnola *et al.*, 2019).

CONCLUSIONES

En este trabajo se presentaron los primeros resultados sobre el origen continental de los haplogrupos mitocondriales en una muestra poblacional de la provincia de TDF, observándose una diferencia estadísticamente significativa en la distribución de los mismos entre las localidades de RG y USH. Tanto a nivel provincial como local se observó una prevalencia de Hg maternos de origen americano. En este sentido, RG resultó ser la localidad fueguina de mayor proporción de Hg autóctonos respecto de USH, lo cual se correlaciona con el origen geográfico de los ancestros maternos de los participantes ([Tabla Suplementaria S8](#)). En RG se observó una mayor proporción de participantes cuyas abuelas y bisabuelas maternas son nacidas en el NOA, Chile y Patagonia, regiones donde se ha reportado una prevalencia de linajes mitocondriales americanos (ver [Información Suplementaria, Sección S2](#)). En cambio, en USH se registró un mayor aporte de ancestros maternos nacidos en localidades de la región Centro de Argentina y en Europa, regiones donde prevalecen los Hg de origen euroasiático (ver [Información Suplementaria, Sección S2](#)). Las diferencias observadas en el origen geográfico de los ancestros maternos en RG y USH, podría relacionarse con las diferentes fuentes de atracción laboral según las actividades económicas desarrolladas en estas localidades. En RG la principal actividad económica es la industria manufacturera, mientras que en USH, capital de la provincia, las principales fuentes de trabajo son la administración pública, el turismo y actividades relacionadas con ese rubro (Mastrocello, 2008), lo cual podría atraer mano de obra desde distintos puntos del país en cada localidad.

Es importante mencionar que pese a las diferentes proporciones de Hg maternos americanos observadas en RG y USH, en ambas localidades prevalece el aporte originario, detectándose la presencia de linajes propios de la región Patagónica tales como los sub-Hg C1b13, D1g5, D4h3a5 y B2i2, cuyos haplotipos son compartidos con individuos de poblaciones actuales y antiguas originarias de la Patagonia argentina y chilena (ver análisis de redes de haplotipos).

Las diferencias observadas entre las localidades de RG y USH, nos advierten sobre la importancia de conocer la información genealógica de los participantes, así como la historia demográfica y económica de cada localidad en estudio para una correcta contextualización y correlación de la información genética, principalmente en localidades donde las migraciones generan un fuerte impacto, ya que se observan diferencias marcadas entre dos localidades de una misma provincia que distan sólo a 200 km. Asimismo, completar el análisis de las 518 muestras para la región control completa del ADNmt y posterior análisis a nivel de mitogenomas, permitirá detectar variantes patagónicas específicas y ampliar y reforzar los resultados y conclusiones obtenidas en este trabajo.

CONFLICTO DE INTERESES

Los autores declaran no tener ningún conflicto de intereses.

LITERATURA CITADA

- Achilli, A., Rengo, C., Magri, C., Battaglia, V., Olivieri, V., Scozzari, R., Cruciani, F., Zeviani, M., Briem, E., Carelli, V., Moral, P., Dugoujon, J.M., Roostalu, U., Loogväli, E.L., Kivisild, T., Bandelt, H.J., Richards, M., Villems, R., Santachiara-Benerecetti, A.S., ..., y Torroni, A. (2004). The molecular dissection of mtDNA haplogroup H confirms that the Franco-Cantabrian glacial refuge was a major source for the European gene pool. *American Journal of Human Genetics* 75(5), 910-918. <https://doi.org/10.1086/425590>
- Alonso Morales, L.A., Casas-Vargas, A., Rojas Castro, M., Resque, R., Ribeiro-Dos-Santos, Á.K., Santos, S., Gusmão, L., y Usaquén, W. (2018). Paternal portrait of populations of the middle Magdalena River region (Tolima and Huila, Colombia): New insights on the peopling of Central America and northernmost South America. *PLOS One*, 13, e0207130. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0207130>
- Arencibia, V., Crespo, C., García Guraieb, S., Russo, M.G., Dejean, C.B., y Goñi, R. (2019). Análisis genético poblacional de grupos cazadores recolectores del Holoceno tardío del Lago Salitroso (Santa Cruz, Argentina). *Revista Argentina de Antropología Biológica*, 21(2), 1-16. <https://doi.org/10.24215/18536387e004>
- Arencibia, V., Crespo, C.M., García Guraieb, S., Russo, M.G., Dejean, C.B., y Goñi, R. (2022, del 8 al 11 de noviembre). Dinámica poblacional de grupos patagónicos durante el Holoceno tardío: aportes a través de genomas mitocondriales antiguos de la costa norte de Santa Cruz (Argentina). *16th Meeting of the Latin American Association of Biological Anthropology*, São Paulo, Brazil.
- Avena, S.A., Parolín, M.L., Dejean, C.B., Ríos Part, M.C., Fabrikant, G., Goicoechea, A.S., Dugoujon, J.M., y Carnese, F.R. (2009). Mezcla génica y linajes uniparentales en Comodoro Rivadavia (Prov. de Chubut, Argentina). *Revista Argentina de Antropología Biológica*, 11(1), 25-41. <https://revistas.unlp.edu.ar/raab/article/view/261>.
- Avena, S.A., Parolín, M.L., Boquet, M., Dejean, C.B., Postillone, M.B., Alvarez Trentini, Y., Di Fabio Rocca, F., Mansilla, F., Jones, L., Dugoujon, J.M., y Carnese, F.R. (2010). Mezcla génica y linajes uniparentales en Esquel (Pcia. de Chubut): Su comparación con otras muestras poblacionales argentinas. *Journal of Basic and Applied Genetics*, 21(1), 01-14. http://www.scielo.org.ar/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1852-62332010000100001&lng=es&lng=es
- Avena, S., Via, M., Ziv, E., Pérez-Stable, E.J., Gignoux, C., Dejean, C., Huntsman, S., Torres-Mejía, G., Dutil, J., Matta, J.L., Beckman, K., Gonzalez Burchard, E., Parolín, M.L., Goicoechea, A., Acreche, N., Boquet, M., Ríos Part, M.D.C., Fernández, V., Rey, J., ..., y Fejerman, L. (2012). Heterogeneity in Genetic Admixture across Different Regions of Argentina. *PLOS One* 7(4), e34695. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0034695>
- Badano, I., Sanabria, D.J., Totaro, M.E., Rubinstein, S., Gili, J.A., Liotta, D.J., Picconi, M.A., Campos, R.H., y Schurr, T.G. (2018). Mitochondrial DNA ancestry, HPV infection and the risk of cervical cancer in a multiethnic population of northeastern Argentina. *PLOS One*, 13(1), e0190966. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0190966>
- Bailliet, G., Ramallo, V., Muzzio, M., Santos, M.R., Motti, J.M.B., Bianchi, N.O., y Bravi, C.M. (2011). Antecedentes y nuevos aportes en el estudio del Cromosoma Y en poblaciones humanas sudamericanas. *Journal of Basic and Applied Genetics*, 22, 1-9. <http://sedici.unlp.edu.ar/handle/10915/75995>
- Balentine, C.M., Alfonso-Durruty, M., Reynolds, A.W., Vilar, M., Morello, F., Román, M.S., Springs, L.C., Smith, R.W.A., Archer, S.M., Mata-Míguez, J., Wing, N., y Bolnick, D.A. (2022). Evaluating population histories in Patagonia and Tierra del Fuego, Chile, using ancient mitochondrial and Y-chromosomal DNA. *American Journal of Biological Anthropology*, 180(1), 144-161. <https://doi.org/10.1002/ajpa.24638>
- Bandelt, H.J., Forster, P., y Röhl, A. (1999). Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Molecular Biology and Evolution*, 16(1), 37-48. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a026036>

- Bandelt, H.J., Herrnstadt, C., Yao, Y.G., Kong, Q.P., Kivisild, T., Rengo, C., Scozzari, R., Richards, M., Villems, R., Macaulay, V., Howell, N., Torroni, A., y Zhang, Y.P. (2003). Identification of native american founder mtDNAs through the analysis of complete mtDNA sequences: Some Caveats. *Annals of Human Genetics*, 67(6), 512-524. <https://doi.org/10.1046/j.1469-1809.2003.00049.x>
- Bandieri, S. (2005). *Cruzando la Cordillera. La frontera argentino-chilena como espacio social*. (2ª ed.) Editorial Universitaria Universidad Nacional de Comahue.
- Bird, J.B. (1988). *Travels and Archaeology in South Chile*. University of Iowa Press.
- Bobillo M.C., Zimmermann B., Sala A., Huber G., Röck A., Bandelt H.J., Corach D., y Parson W. (2010). Amerindian mitochondrial DNA haplogroups predominate in the population of Argentina: towards a first nationwide forensic mitochondrial DNA sequence database. *International Journal of Legal Medicine*, 124(4), 263-268. <https://doi.org/10.1007/s00414-009-0366-3>
- Bodner, M., Perego, U.A., Huber, G., Fendt, L., Röck, A.W., Zimmermann, B., Olivieri, A., Gómez-Carballa, A., Lancioni, H., Angerhofer, N., Bobillo, M.C., Corach, D., Woodward, S.R., Salas, A., Achilli, A., Torroni, A., Bandelt, H.J., y Parson, W. (2012). Rapid coastal spread of First Americans: Novel insights from South America's Southern Cone mitochondrial genomes. *Genome Research*, 22(5), 811-820. <https://doi.org/10.1101/gr.131722.111>
- Bravi, C.M., Motti, J.M.B., Beltramo, J., Schwab, M., Rodríguez Golpe, D., y Aquilano, E. (2022), The devil is in the details. *American Journal of Biological Anthropology*, 182, 337-339. <https://doi.org/10.1002/ajpa.24627>
- Bridges, E.L. (2000). *El último confín de la tierra* (1ª ed.). Editorial Sudamericana.
- Cardoso, S., Palencia-Madrid, L., Valverde, L., Alfonso-Sánchez, M.A., Gómez-Pérez, L., Alfaro, E., Bravi, C.M., Dipierri, J.E., Peña, J.A., y de Pancorbo, M.M. (2013). Mitochondrial DNA control region data reveal high prevalence of Native American lineages in Jujuy province, NW Argentina. *Forensic Science International: Genetics*, 7(3), e52-e55. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2013.01.007>
- Castagnola, J., Cano, H., Hulaniuk, M.L., Trinks, J., Corach, D., y Caputo, M. (2019). Inferring the genetic structure of Northwestern Argentina by uniparental SNP typing. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series*, 7(1), 306-309. <https://doi.org/10.1016/j.fsigs.2019.09.113>
- Catelli, M.L., Alvarez-Iglesias, V., Gómez-Carballa, A., Mosquera-Miguel, A., Romanini, C., Borosky, A., Amigo, J., Carracedo, A., Vullo, C., y Salas A. (2011). The impact of modern migrations on present-day multi-ethnic Argentina as recorded on the mitochondrial DNA genome. *BMC Medical Genetics*, 12(1), 77. <https://doi.org/10.1186/1471-2156-12-77>
- Cerliani, M.B., Mayordomo, A.C., Sanchez Dova, A., Soarez, J.N., Fuhr Etcheverry, J., Piñero, T.A., Cajal, A.R., Jauk, F., García-Rivello, H., Vaccaro, C.A., Richard, S.M., Bravi, C.M., y Pavicic, W.H. (2021). Maternal ancestry and hematological cancer risk: case-control study in an Argentinean population. *Personalized Medicine*, 18(3), 269-281. <https://doi.org/10.2217/pme-2020-0062>
- Corach, D., Lao, O., Bobillo, C., Van Der Gaag, K., Zuniga, S., Vermeulen, M., Van Duijn, K., Goedbloed, M., Vallone, P.M., Parson, W., De Knijff, P., y Kayser, M. (2010). Inferring Continental Ancestry of Argentinians from Autosomal, Y-Chromosomal and Mitochondrial DNA. *Annals of Human Genetics*, 74, 65-76. <https://doi.org/10.1111/j.1469-1809.2009.00556.x>
- Crespo, C.M., Cardozo, D.G., Tessone, A., Vázquez, M., Kisielinski, C., Arencibia, V., Tackney, J., Zangrando, A.F., y Dejean, C.B. (2020). Distribution of maternal lineages in hunter-gatherer societies of the southern coast of Tierra del Fuego, Argentina. *American Journal of Physical Anthropology*, 173(4), 709-720. <https://doi.org/10.1002/ajpa.24107>
- de la Fuente, C., Galimany, J., Kemp, B.M., Judd, K., Reyes, O., y 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. <https://doi.org/10.1002/ajpa.22815>
- de Saint Pierre M., Bravi C.M., Motti J.M.B., Fuku N., Tanaka M., Llop E., Bonatto S.L., y Moraga M. (2012). An alternative model for the early peopling of southern South America revealed by analyses of

- three mitochondrial DNA haplogroups *PLOS One*, 7(9), e43486. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0043486>
- Devoto, F. (2004). *Historia de la inmigración en la Argentina* (2ª ed.). Editorial Sudamericana.
- Di Fabio Rocca, F., Albeza, M.V., Postillone, M.B., Acreche, N., Lafage, L., Parolín, M.L., Dejean, C.B., Carnese, F.R., y Avena, S. (2016). Historia poblacional y análisis antropogenético de la ciudad de Salta. *Andes*, 27, 1–22. <https://ri.conicet.gov.ar/handle/11336/36930>
- Dipierri, J.E., Alfaro, E., Martínez-Marignac, V.L., Bailliet, G., Bravi, C.M., Cejas, S., Bianchi, N.O. (1998). Paternal directional mating in two Amerindian subpopulations located at different altitudes in northwestern Argentina. *Human Biology*, 70(6), 1001-1010. <https://www.jstor.org/stable/41465698>
- Excoffier, L., y Lischer, H.E. (2010). Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources*, 10, 564-567. <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2010.02847.x>
- Figueiro, G., Mut, P., Ale, L., Flores-Gutiérrez, S., Greif, G., Hidalgo, P.C., Luna, L., Ackermann, E., Negro, R.G., Spangenberg, L., Naya, H., y Sans, M. (2022). Filogeografía de mitogenomas indígenas de Uruguay. *Revista Argentina de Antropología Biológica*, 24(1), 042. <https://doi.org/10.24215/18536387e042>
- García, A., Pauro, M., Bailliet, G., Bravi, C.M., y Demarchi, D.A. (2018). Genetic variation in populations from central Argentina based on mitochondrial and Y chromosome DNA evidence. *Journal of Human Genetics*, 63(4), 493-507. <https://doi.org/10.1038/s10038-017-0406-7>
- García, A., Nores, R., Motti, J.M.B., Pauro, M., Luisi, P., Bravi, C.M., Fabra, M., Gosling, A.L., Kardailsky, O., Boocock, J., Solé-Morata, N., Matisoo-Smith, E.A., Comas, D., y Demarchi, D.A. (2021). Ancient and modern mitogenomes from Central Argentina: new insights into population continuity, temporal depth and migration in South America. *Human Molecular Genetics*, 30(13), 1200-1217. <https://doi.org/10.1093/hmg/ddab105>
- Garita-Onandía, Y., Pauro, M., Altuna, M.E., Demarchi, D., y García, A. (2021). Patrones de migración y niveles de diversidad genética de linajes maternos en la población de La Esperanza, Jujuy. *Revista Argentina de Antropología Biológica*, 23(2), 1-24. <https://doi.org/10.24215/18536387e033>
- Gusinde, M. (1990). *Los indios de Tierra del Fuego* (1ª ed.). Centro Argentino de Etnología Americana (CAEA).
- Harich, N., Costa, M.D., Fernandes, V., Kandil, M., Pereira, J.B., Silva, N.M., y Pereira, L. (2010). The trans-Saharan slave trade-clues from interpolation analyses and high-resolution characterization of mitochondrial DNA lineages. *BMC Evolutionary Biology*, 10(1), 138. <https://doi.org/10.1186/1471-2148-10-138>
- Hermida, M., Malizia, M. y van Aert, P. (2013, del 1 al 6 de julio). *Ser fueguino. Un estudio sobre migración y construcción de pertenencia*. X Jornadas de Sociología. Facultad de Ciencias Sociales, Universidad de Buenos Aires, Buenos Aires, Argentina https://www.academia.edu/7426967/Ser_Fueguino_Un_estudio_sobre_migraci%C3%B3n_y_construcci%C3%B3n_de_pertenencia
- Horlent, L. (2018). Flujos, redes migratorias e inserción laboral. La migración chilena en Ushuaia, 1947-1970. *Magallania*, 46(2), 63-83. <https://dx.doi.org/10.4067/S0718-22442018000200063>
- Instituto Nacional de Asuntos Indígenas (INAI). (2022). Listado de comunidades indígenas. <http://datos.jus.gob.ar/dataset/listado-de-comunidades-indigenas>
- Instituto Nacional de Estadística y Censos (INDEC). (2010). Censo Nacional de Población, Hogares y Viviendas. <https://www.indec.gob.ar/indec/web/Nivel4-Tema-2-41-135>
- Instituto Nacional de Estadística y Censos (INDEC). (2015). Censo Nacional de Población, Hogares y Viviendas 2010: Censo del Bicentenario. Pueblos originarios: región Patagonia. 1ª ed. INDEC. <https://www.argentina.gob.ar/trabajo/pueblosindigenas/estudios>
- Kruskal, J.B. (1964). Multidimensional scaling by optimizing goodness of fit to a nonmetric hypothesis. *Psychometrika*, 29, 1-27. <https://doi.org/10.1007/BF02289565>

- Lalueza, C., Pérez-Pérez, A., Prats, A., Cornudella, L., y Turbón, D. (1997). Lack of Founding Amerindian Mitochondrial DNA Lineages in Extinct Aborigines from Tierra del Fuego-Patagonia. *Human Molecular Genetics*, 6(1), 41–46. <https://doi.org/10.1093/hmg/6.1.41>
- Lê, S., Josse, J., y Husson, F. (2008). FactoMineR: an R package for multivariate analysis. *Journal of Statistical Software*, 25(1), 1–18. <https://doi.org/10.18637/jss.v025.i01>
- Lehmann-Nitsche, R. (1913). El grupo lingüístico Tshon de los territorios magallánicos. *Revista del Museo de La Plata*, 22, 217-276. <https://publicaciones.fcnyu.unlp.edu.ar/rmlp/article/view/1309>
- Loogväli, E.L., Roostalu, U., Malyarchuk, B.A., Derenko, M.V., Kivisild, T., Metspalu, E., Tambets, K., Reidla, M., Tolk, H-V., Parik, J., Pennarun, E., Laos, S., Lunkina, A., Golubenko, M., Barac, L., Peričić, M., Balanovsky, O.P., Gusar, V., Khusnutdinova, E.K., ..., y Parik, J. (2004). Disuniting uniformity: A pied cladistic canvas of mtDNA haplogroup H in Eurasia. *Molecular Biology and Evolution*, 21(11), 2012–2021. <https://doi.org/10.1093/molbev/msh209>
- Martín, F.M., Todisco, D., Rodet, J., Román, M.R., Morello, F., Prevosti, F.J., Stern, C., y Borrero, L.A. (2015). Nuevas excavaciones en Cueva del Medio: Procesos de formación de la cueva y avances en los estudios de interacción entre cazadores-recolectores y fauna extinta (Pleistoceno Final, Patagonia Meridional). *Magallania*, 43, 165-189. https://www.scielo.cl/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0718-22442015000100010
- Martinez-Marignac, V., Bravi, C., Lahitte, H., Bianchi, N.O. (1999). Estudio del ADN Mitocondrial de una muestra de la ciudad de La Plata. *Revista Argentina de Antropología Biológica*, 2(1), 281–300. <https://revistas.unlp.edu.ar/raab/article/view/305/152>
- Massone, M. (2002). El fuego de los cazadores Fell 1 a fines del Pleistoceno. *Anales del Instituto de la Patagonia, Serie Ciencias humanas*, 30, 117-131. <http://www.bibliotecadigital.umag.cl/handle/20.500.11893/1547?locale-attribute=en>
- Mastrocello, M. (2008). *La Economía del fin del mundo. Configuración, evolución y perspectivas económicas de Tierra del Fuego* (1ª ed.). Editorial De los Cuatro Vientos. <https://www.eumed.net/libros-gratis/2009a/474/>
- Mc Ewan, M.L., Borrero M.L., y Prieto, A. (1998). *Patagonia. Natural History, Prehistory and Ethnography in the Uttermost End of the Earth*. British Museum Press.
- Moraga, M., de la Fuente, C., Galimany, J., Orellana-Soto, M., y Reyes, O. (2023). The ancient inhabitants of the Chonos Archipelago (~43°–47°S): Characterization of maritime hunter-gatherers from Western Patagonia using mitochondrial DNA. *American Journal of Biological Anthropology*, 180(2), 286-297. <https://doi.org/10.1002/ajpa.24661>
- Moreno-Mayar, J.V., Vinner, L., de Barros Damgaard, P., de la Fuente, C., Chan, J., Spence, J.P., Allentoft, M.E., Vimala, T., Racimo, F., Pinotti, T., Rasmussen, S., Margaryan, A., Orbegozo, M.I., Mylopotamitaki, D., Wooller, M., Bataille, C., Lorena Becerra-Valdivia, L., Chivall, D., Daniel Comeskey, D., y Willerslev, E. (2018). Early human dispersals within the Americas. *Science*, 362(6419), eaav2621. <https://doi.org/10.1126/science.aav2621>
- Motti, J.M.B., Rodenak, B., Bailliet, G., y Bravi, C.M. (2009, del 20 al 23 de octubre). *Tipificación de haplogrupos mitocondriales mediante multiplex PCR-AFLP*. Novenas jornadas Nacionales de Antropología Biológica, Puerto Madryn, Argentina.
- Motti, J.M.B., Muzzio, M., Ramallo, V., Rodenak Kladniew, B., Alfaro, E.L., Dipierri, J.E., Bailliet, G., y Bravi, C.M. (2013). Origen y distribución espacial de linajes maternos nativos en el noroeste y centro oeste argentinos/ Origin and spatial distribution of native maternal lineages in Northwest and Center West of Argentina. *Revista Argentina de Antropología Biológica*, 15(1), 03-14. http://www.scielo.org.ar/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S151479912013000100001&lng=es&tlng=es
- Motti, J.M.B., Winingear, S., Valenzuela, L.O., Nieves-Colón, M.A., Harkins, K. M., García Laborde, P., Bravi, C.M., Guichón, R.A., y Stone, A.C. (2020). Identification of the geographic origins of people buried in the cemetery of the Salesian Mission of Tierra del Fuego through the analyses of mtDNA and stable isotopes. *Journal of Archaeological Science: Reports*, 33, 102559. <https://doi.org/10.1016/j.jasrep.2020.102559>

- Nacach, G. (2013). La producción de imaginarios indígenas en el censo nacional de 1895: Chaco y Tierra del Fuego en perspectiva comparada. *Memoria Americana*, (21-2), 26-47. http://www.scielo.org.ar/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1851-37512013000200002&lng=es&tlng=es.
- Nakatsuka, N., Luisi, P., Motti, J.M., Salemm, M., Santiago, F., D'Angelo del Campo, M.D., Vecchi, R.J., Espinosa-Parilla, Y., Prieto, A., Adamski, N., Lawson, A.M., Harper, T.K, Culleton, B.J., Kennett, D.J., Lalueza-Fox, C., Swapan, M., Rohland, N., Guichón, R.A., Cabana, G.S., Nores, R., y Reich, D. (2020). Ancient genomes in South Patagonia reveal population movements associated with technological shifts and geography. *Nature Communications*, 11(3868), 1–12. <https://doi.org/10.1038/s41467-020-17656-w>
- Orfali Fabre, M.M. y Vallega H.A. (2001). *Historia de la Patagonia. Desde el siglo XVI hasta 1955*. Universidad Católica Argentina. http://canaparo.org/Materials/Seminar_02/01_Patagonia_historia%20copy.pdf
- Parolín, M.L., Avena, S.A., Fleischer, S., Pretell, M., Rocca, F.D.F., Rodríguez, D.A., Dejean, C.B., Postillone, M.B., Vaccaro, M.S., Dahinten, S.L., Manera, G., y Carnese, R. (2013). Análisis de la diversidad biológica y mestizaje en la ciudad de Puerto Madryn (Prov. De Chubut, Argentina). *Revista Argentina de Antropología Biológica*, 15(1), 61–75. <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=382239057006>
- Parolín, M.L., Bailliet, G., Bravi, C.M., Sala, C., Schwab, M., Paz, P., Llull, C., Toscanini, U., Lanata, J.L, Real, L., Tamburrini, C., Molina, I., Arce, L.F, Furque, M., da Encarnaçao, M., Carnese, F.R., Pereira, R., Gusmão, L., y Basso, N.G. (2016, del 18 al 21 de octubre). *Variabilidad genética y autopercepción del mestizaje en la población Cordillerana de San Carlos De Bariloche (Río Negro, Arg.)*. XIV Congreso de La Asociación Latinoamericana de Antropología Biológica, Tacuarembó, Uruguay.
- Parolín, M.L., Toscanini, U.F., Velázquez, I.F., Llull, C., Berardi, G.L., Holley, A., Tamburrini, C., Avena, S., Carnese, F.R., Lanata, J.L., Sánchez Carnero, N., Arce, L.F., Basso, N.G., Pereira, R., y Gusmão, L. (2019). Genetic admixture patterns in Argentinian Patagonia. *PLOS One*, 14(6), e0214830. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0214830>
- Parson, W., y Dür, A. (2007). EMPOP--a forensic mtDNA database. *Forensic Science International: Genetics*, 1(2), 88-92. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2007.01.018>
- Pauro M., García A., Nores R., y Demarchi D.A. (2013). Analysis of uniparental lineages in two villages of Santiago Del Estero, Argentina, seat of Pueblos de Indios in colonial times. *Human Biology*, 85(5), 699-720. <https://doi.org/10.3378/027.085.0504>
- Perego, U.A., Angerhofer, N., Pala, M., Olivieri, A., Lancioni, H., Hooshiar Kashani, B., Carossa, V., Ekins, J.E., Gómez-Carballa, A., Huber, G., Zimmermann, B., Corach, D., Babduri, N., Panara, F., Myres, N.M, Parson, W., Semino, O., Salas, A., Woodward, S.R., Achilli, A., y Torroni, A. (2010). The initial peopling of the Americas: a growing number of founding mitochondrial genomes from Beringia. *Genome Research*, 20(9), 1174–1179. <https://doi.org/10.1101/gr.109231.110>
- Piana, E. (2009). ¿Yámanas o Yaganes? La mirada de Gusinde sobre los nómades del mar. *Memorias de Papel. Una arqueología visual de las fotografías de pueblos originarios fueguinos*. Editorial Dunker.
- Raghavan, M., Steinrücken, M., Harris, K., Schiffels, S., Rasmussen, S., DeGiorgio, M., Albrechtsen, A., Valdiosera, C., Ávila-Arcos, M.C., Malaspina, A.S., Eriksson, A., Moltke, I., Metspalu, M., Homburger, J.R., Wall, J., Cornejo, O.E., Moreno-Mayar, J.V., Korneliusson, T.S., Pierre, T., ..., Willerslev, E. (2015). Genomic evidence for the Pleistocene and recent population history of native Americans. *Science*, 349(6250), aab3884. <https://doi.org/10.1126/science.aab3884>
- Rieder, M.J., Taylor, S.L., Tobe, V.O., y Nickerson, D.A. (1998). Automating the identification of DNA variations using quality-based fluorescence re-sequencing: analysis of the human mitochondrial genome. *Nucleic Acids Research*, 26(4), 967–973. <https://doi.org/10.1093/nar/26.4.967>
- Rodrigues, P., Velázquez, I.F., Ribeiro, J., Simão, F., Amorim, A., Carvalho, E.F., Bravi, C.M., Basso, N.G., Real, L.E., Galli, C., González, A.D.C., Gamulin, A., Saldutti, R., Parolín, M.L., Gomes, V., y Gusmão, L. (2022). Tierra Del Fuego: What Is Left from the Precolonial Male Lineages? *Genes*, 13, 1712. <https://doi.org/10.3390/genes13101712>

- Rodríguez, M.E. y Horlent, L. (2016). *Tehuelches y Selk'nam (Santa Cruz y Tierra del Fuego): no desaparecidos*. Ministerio de Educación y Deportes. <https://bnm.educacion.gob.ar/catalogo/Record/186191>
- Roostalu, U., Kutuev, I., Loogväli, E.L., Metspalu, E., Tambets, K., Reidla, M., Khusnutdinova, E.K., Usanga, E., Kivisild, T., y Villems, R. (2006). Origin and expansion of haplogroup H, the dominant human mitochondrial DNA lineage in West Eurasia: The near eastern and Caucasian perspective. *Molecular Biology and Evolution*, 24(2), 436–448. <https://doi.org/10.1093/molbev/msl173>
- Rosa, A., y Brehem, A. (2011). African human mtDNA phylogeography at-a-glance. *Journal of anthropological sciences = Rivista di Antropologia*, 89, 25–58. <https://doi.org/10.4436/jass.89006>
- Sala, C., Paz Sepulveda, P.B., Cuello, M., Schwab, M., Jurado Medina, L.S., Motti, J.M.B., Santos, M.R., Dipierri, D.A., Demarchi, D.A., Muzzio, M., Bravi, C.M., y Bailliet, G. (2022). Análisis de los linajes paternos en la ciudad de Trujillo, Perú. *Runa*, 43, 173–190. <https://doi.org/10.34096/runa.v43i2.10667>
- Salas, A., Jaime, J.C, Álvarez-Iglesias, V., y Carracedo, A. (2008). Gender bias in the multiethnic genetic composition of central Argentina. *Journal of Human Genetics*, 53, 662–674. <https://doi.org/10.1007/s10038-008-0297-8>
- Saletta, M.J. (2014). *Excavando Fuentes. La tecnología, subsistencia, movilidad y los sistemas simbólicos de Shelk'nam. Yámana/Yaghan y Aonikenk entre los siglos XVI y XX analizadas a partir de los registros escritos y arqueológicos*. [Tesis doctoral, Facultad de Filosofía y Letras, Universidad de Buenos Aires] FILO: digital. <http://repositorio.filo.uba.ar/handle/filodigital/2950>
- Sambrook, J, Fritsch, E.F. y Maniatis T. (1989). *Molecular Cloning: a laboratory Manual*. (2nd Edition). Cold Spring Harbor Laboratory Press.
- Simão, F., Ribeiro, J., Vullo, C., Catelli, L., Gomes, V., Xavier, C., Huber, G., Bodner, M., Quiroz, A., Ferreira, A.P., Carvalho, E.F., Parson, W., y Gusmão, L. (2021). The Ancestry of Eastern Paraguay: A Typical South American Profile with a Unique Pattern of Admixture. *Genes*, 12, 1788. <https://doi.org/10.3390/genes12111788>.
- Sturrock, K. y Rocha, J. (2000). A multidimensional scaling stress evaluation table. *Field Methods*, 12, 49-60. <https://doi.org/10.1177/1525822X0001200104>
- Tamburrini, C., de Saint Pierre, M., Bravi, C.M., Bailliet, G., Jurado Medina, L., Velázquez, I.F., Real, L.E., Holley, A., Tedeschi, C.M., Basso, N.G., y Parolin, M.L. (2021). Uniparental origins of the admixed Argentine Patagonia. *American Journal of Human Biology: The Official Journal of The Human Biology Council*, 34(4), e23682. <https://doi.org/10.1002/ajhb.23682>
- Tamm, E., Kivisild, T., Reidla, M., Metspalu, M., Smith, D.G., Mulligan, C.J., Bravi, C.M., Rickards, O., Martínez-Labarga, C., Khusnutdinova, E.K., Fedorova, S.A., Golubenko, M.V., Stepanov, V.A., Gubina, M.A., Zhadanov, S.I., Ossipova, L.P., Damba, L., Voevoda, M.I., Dipierri, J.E., y Malhi, R.S. (2007). Beringian Standstill and Spread of Native American Founders. *PLOS One*, 2(9), e829. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0000829>
- Toscanini, U., Brisighelli, F., Moreno, F., Pantoja-Astudillo, J.A., Morales, E.A., Bustos, P., Pardo Seco, J., y Salas, A. (2016). Analysis of Y-chromosome STRs in Chile confirms an extensive introgression of European male lineages in urban populations. *Forensic Science International: Genetics*, 21, 76–80. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2015.12.005>
- Umetsu, K., Tanaka, M., Yuasa, I., Adachi, N., Miyoshi, A., Kashimura, S., Park, K.S., Wei, Y-H., Watanabe, G., y Osawa, M. (2005). Multiplex amplified product-length polymorphism analysis of 36 mitochondrial single-nucleotide polymorphisms for haplogrouping of East Asian populations. *Electrophoresis*, 26(1), 91–98. <https://doi.org/10.1002/elps.200406129>
- van Aert, P. (2013). *Tierra del Fuego*. En Baldacchino, G. (Ed.), *The Political Economy of Divided Islands*, (1ª ed.) Palgrave Macmillan.
- van Oven, M. y Kayser, M. (2009). Updated comprehensive phylogenetic tree of global human mitochondrial DNA variation. *Human Mutation*, 30(2), E386-E394. <https://doi.org/10.1002/humu.20921>
- Vázquez, M. y Borrero, L. (2021). Sinopsis de la arqueología de Tierra del Fuego. *Revista Española de Antropología Americana*, 51, 173-185. <https://doi.org/10.5209/reaa.72827>

Weissensteiner, H., Pacher, D., Kloss-Brandstätter, A., Forer, L., Specht, G., Bandelt, H.J., Kronenberg, F., Salas, A., y Schönherr, S. (2016). HaploGrep 2: Mitochondrial haplogroup classification in the era of high-throughput sequencing. *Nucleic Acids Research*, 44(W1), W58–W63. <https://doi.org/10.1093/nar/gkw233>