

Sección S1. Red de haplotipos A2

La red de haplotipos fue construida a partir de 52 individuos (Tablas Suplementarias S2 y S3) observándose una distribución del tipo estrella. El nodo central del haplogrupo (Hg) A2 agrupa tan solo ocho individuos, entre ellos cinco de TDF (Nodo 1; Fig. S1). El individuo 236, cuyo ancestro materno es nacido en la región Centro de Argentina, se separa de la secuencia nodal para A2 por ganancia de 16189C, junto a un individuo de Trelew (Grupo 1; Fig. S1) y el individuo 120, cuyo ancestro materno es nacido en Mendoza, se agrupa por ganancia de 16129A junto a tres individuos Pehuenche y Mapuche (Grupo 2; Fig. S1).

El segundo nodo de mayor tamaño de la red de haplotipos de A2 es aquél que reúne los individuos portadores de la combinación 16156A-16263C, que, si bien está ampliamente representado en poblaciones originarias y cosmopolitas del sur de Chile y Argentina, carece de miembros originarios de TDF. La mayoría de los demás linajes A2 hallados en TDF tienen un origen extra-isleño, teniendo en consideración tanto los orígenes genealógicos informados (Tabla Suplementaria S1), como las afinidades filogeográficas inferidas. Mientras que los individuos 089 y 372 y 251, asignados al Hg A2bf, tiene un origen compatible en las tierras bajas jujeñas, Santiago del Estero y el Centro de Argentina respectivamente, los individuos 164 y 299 -ambos de remoto origen entrerriano (Tabla Suplementaria S1)- son concordante con la asignación a A2aa. El individuo 233, asignado

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

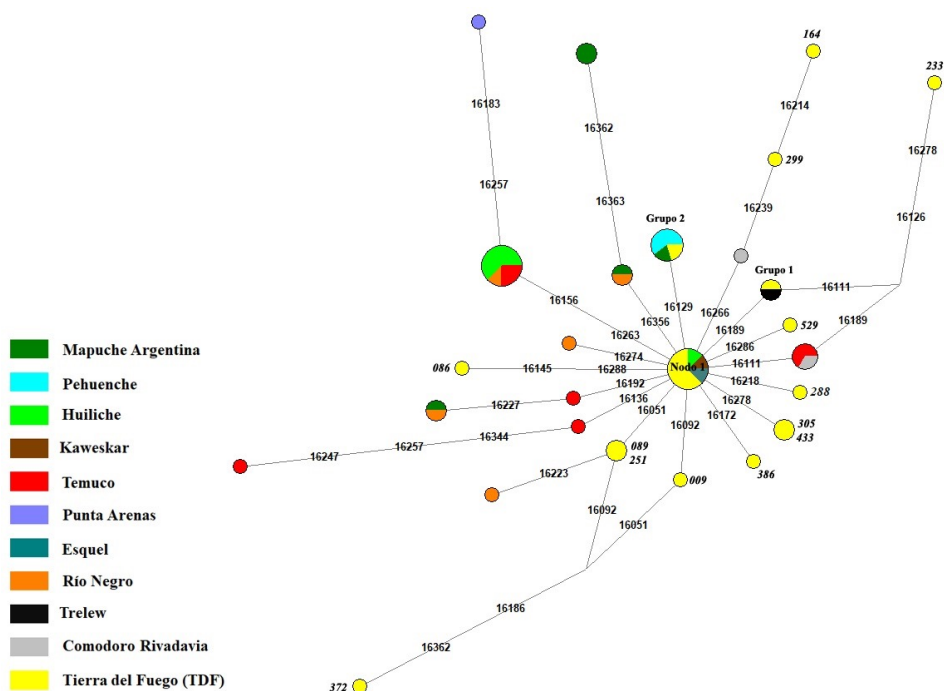


FIGURA SUPLEMENTARIA S1. Red de haplotipos A2. Nodo y grupo: haplotipos agrupados. Nodo 1: Hg A2 (N = 8). Grupo 1: N = 2; Grupo 2: N = 5. La categorización etnológica adoptada para las poblaciones usadas en este análisis, fue la misma que se empleó en los respectivos trabajos de donde fueron tomadas las muestras (Tabla Suplementaria S2).

al Hg A2be y el individuo 386, asignado al Hg A2bb1, que tienen un origen compatible en la región Centro y Cuyo, respectivamente ([Tabla Suplementaria S1](#)). Los ancestros maternos de los restantes individuos de TDF con haplotipos únicos, son nacidos en el NOA, NEA y Cuyo ([Tabla Suplementaria S1](#)) y solo el individuo 433 informó un origen materno fueguino ([Tabla Suplementaria S1](#)). Estos resultados confirman la importancia e impacto de las migraciones desde diferentes lugares de Argentina en el poblamiento de TDF.

Sección S2. ADN mitocondrial y origen geográfico del ancestro materno

Los datos genealógicos obtenidos de las encuestas a los participantes, permiten interpretar, correlacionar y contextualizar los haplogrupos mitocondriales obtenidos a nivel poblacional.

Respecto al componente local, solo dos participantes de Ushuaia (USH) declararon tener un ancestro materno nacido en Tierra del Fuego (TDF; [Tabla Suplementaria S1](#)). Estos individuos portan los Hg americanos A2 y C1 ([Tabla Suplementaria S1](#)). En RG, ninguno de los participantes declaró tener un ancestro materno de origen fueguino. El 75% de los participantes de Río Grande (RG) que reportó Patagonia, sin incluir TDF, como región de nacimiento del ancestro materno más remoto, es portador de algún Hg americano, mayormente los Hg C y D ([Tabla Suplementaria S1](#)), linajes altamente frecuentes en las poblaciones actuales y antiguas de Patagonia (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 Ushuaia (USH), la totalidad de participantes que declararon un origen materno patagónico fueron asignados a Hg americanos ([Tabla Suplementaria S8](#)).

Asimismo, el 96,3% de RG y el 95% de los participantes de USH que declararon como lugar de nacimiento para el ancestro materno el país vecino de Chile, principalmente localidades del sur ([Tabla Suplementaria S1](#)), son portadores de los Hg americanos C y D, linajes característicos de esta región (Flores-Alvarado *et al.*, 2022; Gómez-Carballa *et al.*, 2016; Vieira-Machado *et al.*, 2016). También se observó una elevada frecuencia de Hg americanos en aquellos participantes cuyos ancestros maternos son nacidos en el NOA, NEA o Cuyo ([Tabla Suplementaria S8](#)). En el NOA, la frecuencia de Hg autóctonos supera en algunas regiones el 90% con un mayor aporte del Hg B en las provincias de Salta, Jujuy y Catamarca, y de los Hg C y D en el resto de las provincias del NOA (Cardoso *et al.*, 2013; Di Fabio Rocca *et al.*, 2016; Dipierri *et al.*, 1998; García *et al.*, 2018; Garita-Onandía *et al.*, 2021; Motti *et al.*, 2013; Pauro *et al.*, 2013). En el NEA, se ha reportado una frecuencia de Hg autóctonos en un rango del 47% al 68,6% en la provincia de Misiones (Badano *et al.*, 2018; Bobillo *et al.*, 2010), del 85% en Formosa y del 89,4% en Corrientes (Rodríguez Golpe *et al.*, 2022). En Cuyo, la frecuencia de Hg de este origen también es elevada, alcanzado una frecuencia del 75% en Mendoza y del 83,2% en San Juan (Motti *et al.*, 2013).

La prevalencia de Hg americanos disminuye en los participantes, de ambas localidades, cuyos ancestros maternos son nacidos en las provincias del Centro de Argentina y Europa/Asia ([Tabla Suplementaria S8](#)). En la región Centro se ha reportado una mayor contribución de Hg maternos de origen euroasiático (Bobillo *et al.*, 2010; Castagnola *et al.*, 2019) debido a que los contingentes de migrantes europeos que arribaron a Argentina desde mediados del siglo XIX y más allá de mediados del siglo XX, tuvieron una distribución geográfica fuertemente sesgada hacia las provincias del centro en detrimento del resto del país (Devoto, 2004). Respecto a los participantes que informaron un origen

materno euroasiático, más de la mitad de ellos, en ambas localidades, son portadores de Hg de este mismo origen (Tabla Suplementaria S8).

Los individuos asignados a Hg de origen sub-sahariano reportaron diferentes orígenes geográficos para el ancestro materno. El participante portador de la variante L2d + 16129A declaró el NEA como origen geográfico materno, mientras que los tres individuos asignados al Hg L3 declararon como lugar de nacimiento del ancestro materno provincias de las regiones de Cuyo y Centro (Tabla Suplementaria S1). Los tres individuos asignados al Hg L2 informaron como origen materno Salvador de Bahía, localidad ubicada en uno de los estados de Brasil que recibió la mayor afluencia de esclavos provenientes desde África occidental (Iúdica, 2017), Sudáfrica y Mercedes (Buenos Aires) (Tabla Suplementaria S1).

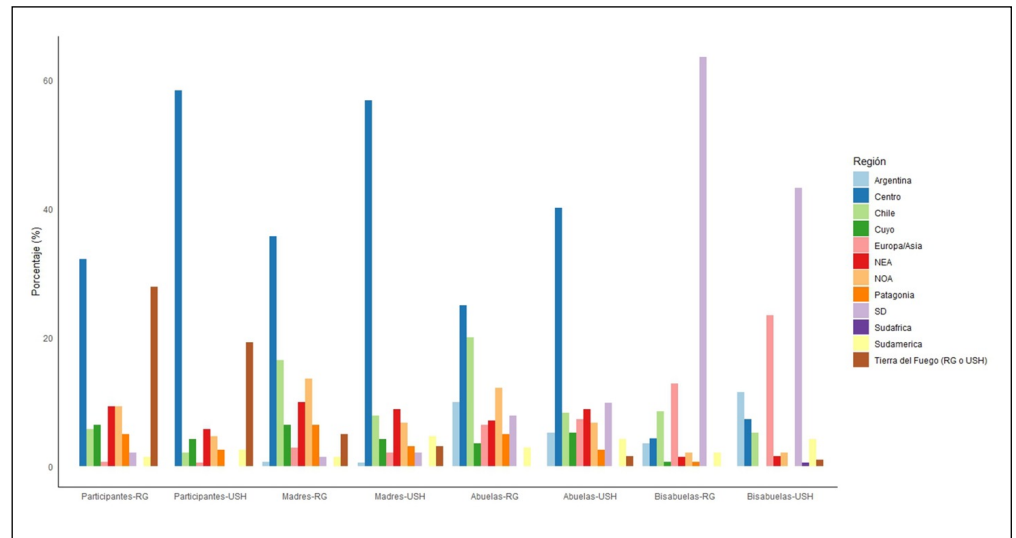


FIGURA SUPLEMENTARIA S2. Genealogía materna y lugar de nacimiento de los participantes de RG (Rio Grande) y USH (Ushuaia). Valores expresados en porcentaje (%). Para mayores detalles de las provincias consideradas para las regiones de Argentina ver Figura 1. NOA (noroeste argentino), NEA (noreste argentino). Chile: localidades de la región de Araucanía, de la Isla de Chiloé, de la región de los lagos, región de Magallanes, 6ta región y Chile sin especificar. Sudamérica: Perú, Colombia, Brasil, Bolivia y Paraguay. Europa/Asia: España, Italia, Rusia, Turquía, Alemania, Croacia, Líbano, otros países árabes. Sudáfrica: Cabo Verde. SD: sin dato.

LITERATURA CITADA

- 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 Anthropoloy*, São Paulo, Brazil.
- 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>
- 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>
- 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>
- 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.fsigss.2019.09.113>
- 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>
- Flores-Alvarado, S., Orellana-Soto, M., y Moraga, M. (2022). Ancestry and admixture of a southernmost Chilean population: The reflection of a migratory history. *American Journal of Human Biology*, 34(1), e23598. <https://doi.org/10.1002/ajhb.23598>
- 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>
- Garita-Onandía, Y., Pauro, M., Altuna, M.E, Demarchi, D., 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>
- Gómez-Carballa, A., Moreno, F., Álvarez-Iglesias, V., Martín-Torres, F., García-Magariños, M., Pantoja-Astudillo, J.A., Aguirre-Morales, E., Bustos, P., y Salas, A. (2016). Revealing latitudinal patterns of mitochondrial DNA diversity in Chileans. *Forensic Science International: Genetics*, 20, 81–88. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2015.10.002>
- lúdica, C.E. (2017). *Análisis antropogenético de la población afrodescendiente en la región de Nor Yungas, Bolivia*. [Tesis doctoral, Facultad de Filosofía y Letras, Universidad de Buenos Aires] FILO: digital. <http://repositorio.filo.uba.ar/handle/filodigital/6002>

- 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>
- 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., Orbeago, 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. (2012). *Caracterización de linajes maternos en la población actual del noroeste y centro-oeste argentinos*. [Tesis doctoral, Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Universidad Nacional de La Plata]. SEDICI Repositorio Institucional de la UNLP. <http://sedici.unlp.edu.ar/handle/10915/25788>
- 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&lng=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>
- Nakatsuka, N., Luisi, P., Motti, J.M., Salemme, 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>
- 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>
- Rodríguez Golpe, D., Aquilano, E., Schwab, M., Paz Sepúlveda, P., Silvero, N., Cuello, M., Dipierri, J., Alfaro Gómez, E., Bailliet, G., Motti, J., y Bravi, C.M. (2022). Una aproximación a la reconstrucción de la historia poblacional del Nordeste argentino desde el estudio de los linajes uniparentales. *Revista Del Museo De Antropología*, 15(2), 97–110. <http://doi.org/10.31048/1852.4826.v15.n2.37109>
- 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>
- Vieira-Machado, C.D., Tostes, M., Alves, G., Nazer, J., Martinez, L., Wettig, E., Pizarro Rivadeneira, O., Caamaño, M.D., Larenas Ascuí, J., Pavez, P., da Graça Dutra, M., Castilla, E.E., y Orioli, I.M. (2016). Uniparental ancestry markers in Chilean populations. *Genetics and Molecular Biology*, 39(4), 573–579. <https://doi.org/10.1590/1678-4685-GMB-2015-0273>